文章编号：1000-8608(2026)01-0018-07

海水养殖废水中磺胺甲噁唑降解及同步反硝化研究

王　朔[1]，张宇晴[2]，王　竞*[1]

（1.大连理工大学 环境学院，辽宁 大连　116024；
2.辽宁省河库管理服务中心(辽宁省水文局)，辽宁 沈阳　110003）

摘要：传统海水养殖废水处理工艺对抗生素和硝氮处理效率低且运行成本较高.以典型抗生素磺胺甲噁唑(sulfamethoxazole,SMX)为研究对象,海藻提取物为外加碳源,构建移动床生物膜反应器,实现SMX降解及同步反硝化.结果表明,在进水碳氮比为2∶1、水力停留时间为24 h时,SMX平均去除率为76%,硝氮平均去除率为87%,海藻提取物可以替代葡萄糖作为碳源维持反应器的高效运行.机理研究表明,SMX通过侧链氨基化生成3-氨基-5-甲基异噁唑和对氨基苯磺酰胺,后者通过4S途径脱硫生成苯胺并进一步降解为CO_2和H_2O;海杆菌属、维诺格拉斯基氏菌属和玫瑰色菌属可能是潜在的SMX降解菌.该研究为海水养殖废水中抗生素和硝氮同步去除提供了一种新策略.

关键词：磺胺甲噁唑；反硝化；海藻提取物；海水养殖废水
中图分类号：X55　　**文献标志码：**A　　**doi：**10.7511/dllgxb202601003

0　引　言

海水养殖在我国水产养殖业中起着至关重要的作用.国家统计局的数据显示,2022年我国人工养殖海水产品产量达到2.275 7×10^7 t,占海水产品总产量的65.8%[1].在海水养殖过程中,通常会大量使用抗生素治疗或预防细菌感染[2].然而,只有20%～30%的抗生素被鱼类等吸收,剩余70%～80%的抗生素仍残留在水体中,随出水排入海洋,导致沿海海域普遍检测到多种抗生素的存在[3].抗生素暴露在环境中,引发细菌产生广泛的抗生素耐药性,且可随食物链累积,最终进入人体,对消化、神经系统造成损伤[4],而目前对海水养殖废水中抗生素去除的研究鲜有报道.另外,硝酸盐也是海水养殖废水中普遍存在的污染物,长期暴露于高水平的硝酸盐对海洋生物有害[5].因此,研究海水养殖废水中的抗生素和硝酸盐的同步去除具有迫切的必要性.

溶解氧是影响废水中抗生素和硝氮去除最重要的环境因素之一,Zhao等[6]研究发现抗生素主要(71.1%～85.3%)在好氧条件下被去除,部分(7.1%～22.5%)在缺氧条件下被去除.而反硝化脱氮过程一般在缺氧条件下进行,制约了抗生素的高效去除.研究表明,生物膜法是解决此问题的有效手段之一,废水中的污染物通过扩散作用进入生物膜,在生物膜表层形成好氧区,内部形成缺氧区,进而能够同步高效去除抗生素和硝氮[7].此外,海水养殖废水有机质含量低,通常需要外加碳源来提高反硝化脱氮的效率,这使得废水处理成本大幅增加[8].藻华和海藻加工产生的大量海藻废弃物[9],因其富含海藻多糖和蛋白质等有机质,可用作反硝化脱氮的外加碳源,既实现了废弃物的资源化利用,又降低了废水处理的成本.

因此,本研究构建移动床生物膜反应器,进行SMX降解及同步反硝化的效果及机理研究,并探究海藻提取物作为替代碳源的可行性.

1　材料与方法

1.1　实验材料

1.1.1　降解菌群的筛选　降解菌群分离自大连市黑石礁近海沉积物,筛选方法如下:取活化后的沉积物于厌氧瓶中,加入共代谢培养基,曝氮气调节溶解氧至微氧状态(0.5～1 mg/L),于25 ℃恒温培养箱避光连续培养,每隔7 d按体积比1∶10

收稿日期：2024-03-09；　**修回日期：**2025-07-31.
基金项目：国家自然科学基金资助项目(42177375).
作者简介：王　朔(1999—),男,硕士生,E-mail:541662312@qq.com;王　竞*(1967—),男,博士,教授,博士生导师,E-mail:jwang@dlut.edu.cn.

转接到新配制的培养基，其间定期取样检测 SMX 和 NO_3^--N 浓度，经过 6 个月的驯化筛选，获得了稳定且具有 SMX 和 NO_3^--N 同步高效降解能力的菌群.

共代谢培养基配方：在灭菌后人工海水中加入 0.25 g/L 葡萄糖、0.361 g/L KNO_3、0.028 g/L KH_2PO_4、1 mg/L SMX 和 1 mL/L 微量元素营养液.

1.1.2　*海藻提取物的制备*　海藻提取物的制备原料为大型藻类，主要成分为褐藻和红藻，购自郑州万博化工产品有限公司. 制备方法如下：称取 26.786 g 藻粉溶于 1 L 人工海水，磁力搅拌 30 min 使其充分混合，以提取其中的海藻多糖和蛋白质等有机质，之后经离心机(8 000 r/min)离心 15 min 取上清液，重复 2～3 次，其物性参数见表 1.

表 1　海藻提取物物性参数

Tab.1　Physical property parameters of seaweed extract

总有机碳(TOC)/(mg·L^{-1})	总氮(TN)/(mg·L^{-1})	总无机氮(TIN)/(mg·L^{-1})	总磷(TP)/(mg·L^{-1})
1 958.5±2.1	90.2±2.5	0	19.56±0.19

1.2　反应器及运行

移动床生物膜反应器(MBBR)包括进水瓶、蠕动泵、反应器和出水瓶，如图 1 所示. 有效容积为 300 mL，生物载体为聚氨酯泡沫(孔径 35 目，尺寸 5 mm×5 mm×5 mm)，使用降解菌群挂膜，载体填充率为 50%，溶解氧控制在微氧状态(0.5～1 mg/L).

进水为模拟海水养殖废水：在人工海水中加入 KNO_3 提供 50 mg/L NO_3^--N，加入 KH_2PO_4 提供 2 mg/L TP，SMX 设置为 1 mg/L. 实验组 R1 碳源为海藻提取物，对照组 R2 碳源为葡萄糖，其余条件均相同. 反应器共运行 142 d，Ⅰ～Ⅴ阶段探究不同碳氮比 m(TOC)∶m(NO_3^--N)的影响，Ⅴ～Ⅷ阶段探究不同水力停留时间的影响，不同运行阶段通过调节进水溶解氧使反应器内溶解氧始终保持在 0.5～1 mg/L，具体参数见表 2.

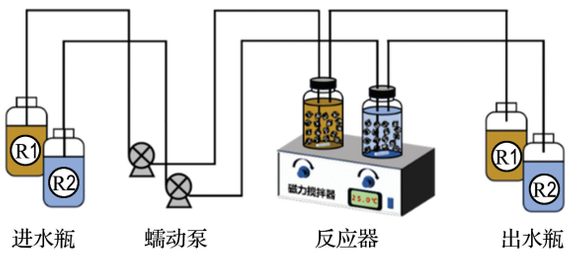


图 1　MBBR 示意图

Fig.1　Schematic diagram of MBBR

表 2　反应器不同运行阶段参数

Tab.2　Parameters of different operation stages of reactor

阶段	运行时间/d	碳氮比	水力停留时间/h
Ⅰ	0～20	3∶1	8
Ⅱ	21～40	2∶1	8
Ⅲ	41～54	4∶1	8
Ⅳ	55～67	1∶1	8
Ⅴ	68～82	2∶1	8
Ⅵ	83～98	2∶1	12
Ⅶ	99～120	2∶1	24
Ⅷ	121～142	2∶1	12

1.3　分析方法

1.3.1　*常规指标测定*　实验采用的常规指标测定方法及仪器详情见表 3.

1.3.2　*SMX 浓度及降解产物分析方法*　SMX 浓度使用依利特 UV230Ⅱ高效液相色谱检测，色谱柱为 Acchrom Unitary C18 色谱柱(ϕ4.6 mm×250 mm，粒径 5 μm)，流动相为甲醇和超纯水(含

表 3　常规指标测定方法及仪器

Tab.3　Conventional index measurement methods and instruments

指标	测定方法	仪器
总有机碳(TOC)和总氮(TN)	燃烧-红外吸收光谱法	总有机碳/总氮分析仪 Multi N/C 2100S
氨氮(NH_4^+-N)	纳氏试剂分光光度法	上海光谱紫外可见分光光度计 SP-756P
硝氮(NO_3^--N)	紫外分光光度法	上海光谱紫外可见分光光度计 SP-756P
亚硝氮(NO_2^--N)	N-(1-萘基)-乙二胺分光光度法	上海光谱紫外可见分光光度计 SP-756P
总磷(TN)	钼酸铵分光光度法	上海光谱紫外可见分光光度计 SP-756P
溶解氧	溶解氧测定仪检测	溶解氧测定仪 OHAUS ST400D

体积分数1%磷酸)混合液,体积比为25∶75,流速为0.8 mL/min,检测波长为270 nm,进样量为10 μL.

SMX降解产物通过高效液相色谱串联四极杆质谱联用系统(Thermo Scientific Q Exactive)在正离子模式下进行分析.色谱柱采用Thermo Scientific Hypersil Gold色谱柱(φ2.1 mm×50 mm,粒径1.9 μm),流动相为含0.1%甲酸的超纯水(A)和乙腈(B),流速为0.2 mL/min,进样量为10 μL.质谱分析的条件如下:离子源,电喷雾电离(ESI);扫描范围为70～500 m/z;毛细管温度为320 ℃;氮气作为鞘气,压力为30 arb.

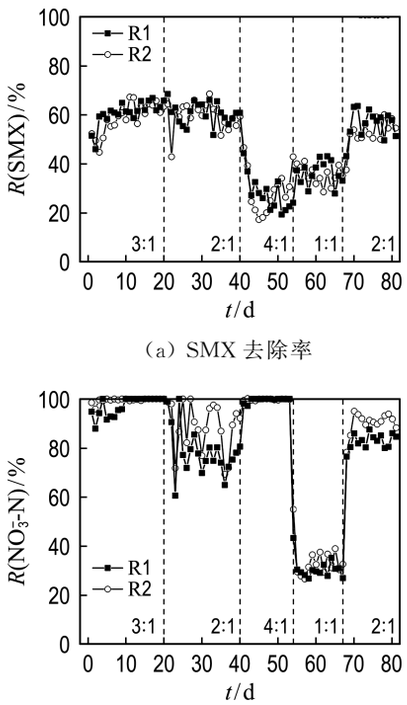
1.3.3 *微生物群落分析* 反应器运行结束后,提取载体上的生物膜进行16S rRNA高通量测序.采用CTAB法对样本的基因组DNA进行提取,采用515F和806R引物对V4区进行PCR扩增.汇集和纯化后的PCR产物使用NEB Next © Ultra DNA Library Prep Kit建库试剂盒进行文库构建,并通过Illumina测序平台进行上机测序.

2 结果与讨论

2.1 碳氮比对SMX和NO_3^--N去除的影响

通过检测进出水SMX和NO_3^--N浓度,探究碳氮比对SMX降解以及NO_3^--N去除的影响,实验结果如图2所示.图2(a)中,在反应器启动阶段,即碳氮比为3∶1,水力停留时间为8 h,R1的SMX降解启动速度优于R2,在第3 d时SMX的去除率达到60%,并逐渐稳定在65%左右.相较R1,R2于第5 d达到60%的SMX去除效果.有研究表明,废水中的SMX以痕量浓度存在,通常不能被微生物直接代谢降解,一般通过共代谢降解去除[10].相比于葡萄糖,海藻提取物能加快SMX降解的启动,其原因可能是海藻提取物组分更复杂,其主要成分海藻多糖和蛋白质等在被微生物利用时能产生更多种类的酶,促进了SMX的共代谢降解.对于反硝化的启动(图2(b)),R2在第3 d时NO_3^--N的去除率达到100%,R1则需要10 d,这可能是因为相较于海藻提取物中的海藻多糖和蛋白质等大分子有机物,反硝化细菌更容易利用葡萄糖等小分子有机物,因此R2的反硝化启动速度优于R1.

保持水力停留时间为8 h,分别调节碳氮比为2∶1、4∶1和1∶1.实验结果显示(图2(a)),在不同碳氮比条件下,R1和R2对SMX的降解效果基本相同.在碳氮比为3∶1与2∶1时,SMX的平均去除率均保持在60%左右;而碳氮比在4∶1和1∶1时,SMX的平均去除率分别为25%和35%.因此,碳氮比过高或过低均不利于SMX的降解.同时,碳氮比对NO_3^--N去除的影响较大(图2(b)),在碳氮比为1∶1时,两组反应器对硝氮的去除率均低于40%;而碳氮比在4∶1和3∶1时,两组反应器对NO_3^--N的去除率均达到100%;在碳氮比为2∶1稳定运行时,R1的NO_3^--N去除率约为85%,R2约为90%,这与以往研究中反硝化过程几乎完全去除硝酸盐所需的最低碳氮比一致[11].综合考虑SMX和NO_3^--N的去除效果,确定反应器最佳碳氮比为2∶1.



(a) SMX去除率

(b) NO_3^--N去除率

图2 不同碳氮比下SMX和NO_3^--N去除率

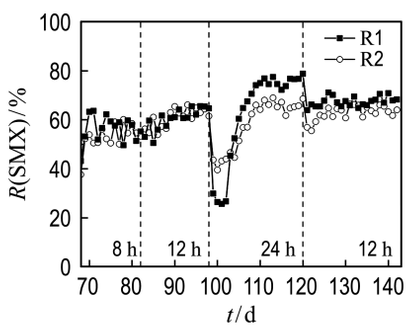
Fig. 2 Removal rates of SMX and NO_3^--N under different carbon to nitrogen ratios

2.2 水力停留时间对SMX和NO_3^--N去除的影响

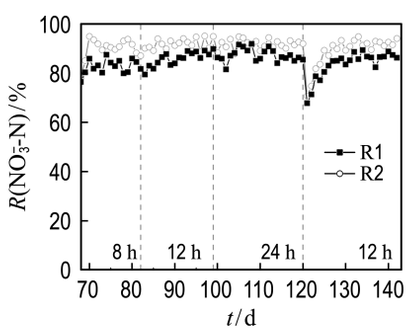
保持碳氮比为2∶1,探究水力停留时间对SMX和NO_3^--N去除的影响,实验结果如图3所示.图3(a)中,保持进水碳氮比不变,延长水力停留时间有利于SMX的降解.当水力停留时间由8 h提高到12 h,R1和R2两组反应器的SMX去除效果基本相同,去除率由55%提高至65%.水力停留时间由12 h提高到24 h,R1的SMX去除率由65%提高到75%,而R2几乎没有提升.推测原因可能是:海藻提取物中的大分子有机物(如海藻多糖和蛋白质等)在被微生物利用时,先被分解成小分子单糖或氨基酸,然后再被利用.在水力停

留时间为 12 h 时，大分子有机物没有被完全降解，在 12～24 h 内继续被降解，在降解过程中产生更多种类的酶，强化了 SMX 的共代谢降解.

水力停留时间从 24 h 回调到 12 h 后，R1 对 SMX 的去除率由 75%下降到 70%，仍高于 R2 的 SMX 去除率(65%). 这一现象可能归因于经过 24 h 的驯化，载体生物膜的微生物群落结构发生改变，能够共代谢降解 SMX 的细菌相对丰度提高[12]，使水力停留时间回调后，仍能保持较高的 SMX 去除率. 将水力停留时间由 8 h 延长到 12 h 和 24 h 对于 NO_3^--N 的去除几乎没有影响(图 3(b)). 在水力停留时间为 8 h 时，R1 和 R2 的 NO_3^--N 去除率达到 90%.



(a) SMX 去除率



(b) NO_3^--N 去除率

图 3　不同水力停留时间下 SMX 和 NO_3^--N 去除率

Fig. 3　Removal rates of SMX and NO_3^--N under different hydraulic residence time

反应器运行稳定后对出水 COD_{Mn} 进行检测，实验结果如图 4 所示. 在水力停留时间为 12 h 时，R1 和 R2 出水 COD_{Mn} 去除率分别为 92.1%和 98.6%；在水力停留时间为 24 h 时，R1 和 R2 出水 COD_{Mn} 去除率分别为 96.0%和 99.0%. 海藻提取物和葡萄糖的利用效率基本相同，两组反应器出水 COD_{Mn} 浓度均低于 8 mg/L，满足辽宁省海水养殖尾水控制标准中一级标准的要求. 因此，综合考虑 SMX 和 NO_3^--N 的去除效果，海藻提取物作为替代碳源具有可行性.

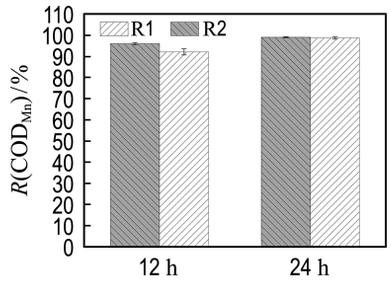


图 4　不同水力停留时间下反应器出水 COD_{Mn} 去除率

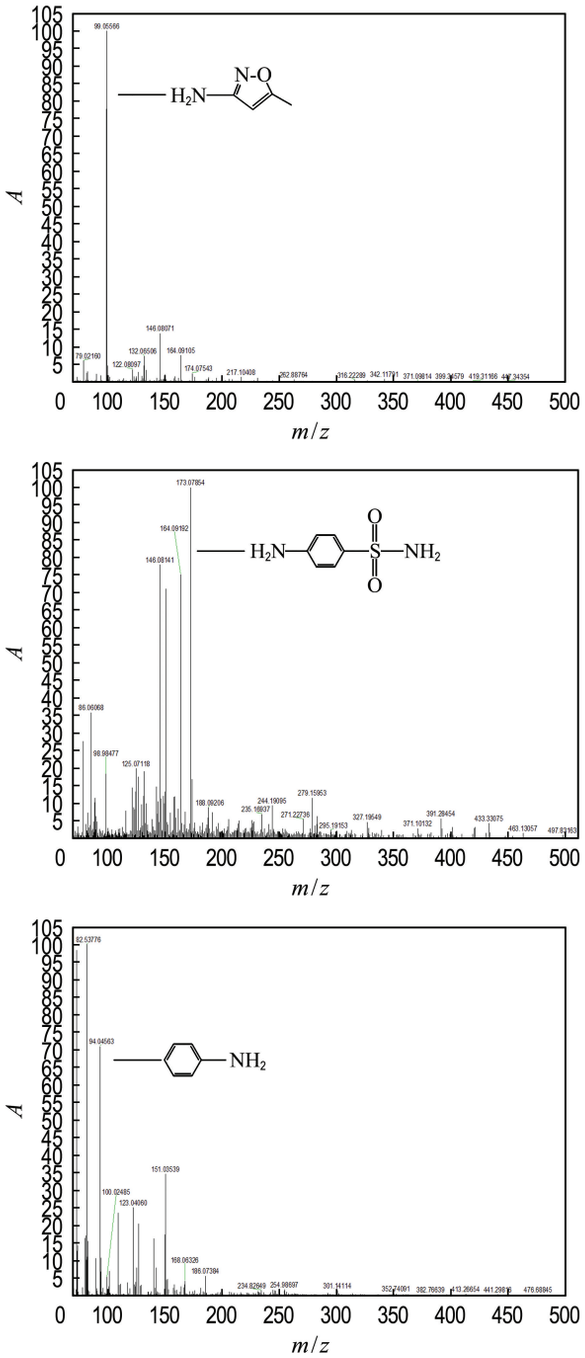
Fig. 4　COD_{Mn} removal rate of reactor effluent under different hydraulic residence time

2.3　SMX 降解产物分析

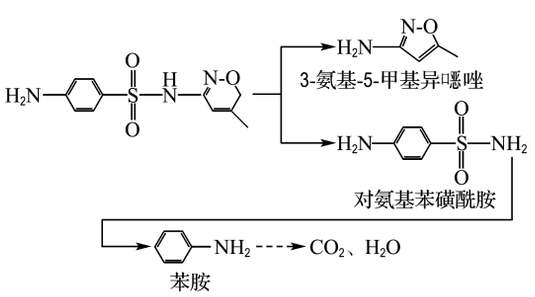
为了深入探究 SMX 的生物转化机制，通过 HPLC/MS 技术对海藻提取物组的 SMX 降解产物进行分析，降解产物质谱图及推测的降解路径如图 5 所示. 本研究共发现了 3 种 SMX 降解产物：3-氨基-5-甲基异噁唑(3A5MI)、对氨基苯磺酰胺(SA)和苯胺(AN). 3A5MI 可能是由侧链氨基化产生的，该氨基化过程使酰胺键发生杂环裂解后产生的一对电子脱位，最终导致 S—N 键断裂[13]. Jiang 等[14] 的研究中证明 3A5MI 是 *Pseudomonas psychrophila* HA-4 降解 SMX 主要的最终产物. SA 可能来自 N—C 键的断裂过程. SA 可以通过 4S 途径进一步脱硫生成 AN[15]，AN 在苯胺双加氧酶作用下转化为邻苯二酚，通过正交切割或间裂解途径进入三羧酸循环，最终生成 CO_2 和 H_2O[16].

2.4　微生物群落分析

反应器运行结束后，在门和属水平上分析载体生物膜的微生物群落组成变化. 微生物群落在门水平的物种分类如图 6(a)所示，两组反应器的主要优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和绿弯菌门(Chloroflexota). 相比于葡萄糖组，海藻提取物组拟杆菌门和绿弯菌门的相对丰度分别提高了 108.4%和 285.3%，变形菌门的相对丰度降低了 35.8%. 由此推测，拟杆菌门和绿弯菌门可能与 SMX 的共代谢降解有关. 由于海藻提取物组含有海藻多糖和蛋白质等大分子有机物，能够利用多糖和蛋白质的拟杆菌门和绿弯菌门的相对丰度明显提高[17-18]，使得共代谢降解 SMX 的能力提高，因此在反应器运行阶段Ⅷ，水力停留时间由 24 h 回调到 12 h 后，海藻提取物组的 SMX 去除率仍高于葡萄糖组.



(a) 降解产物质谱图



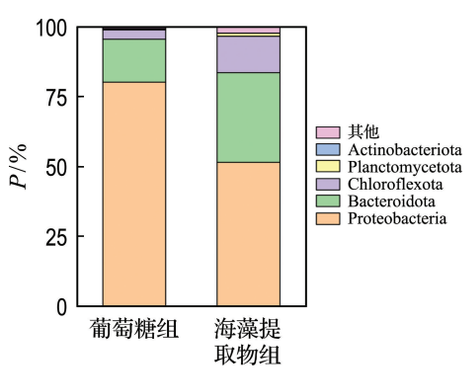
(b) 推测的降解路径

图 5　SMX 降解产物质谱图及推测的降解路径

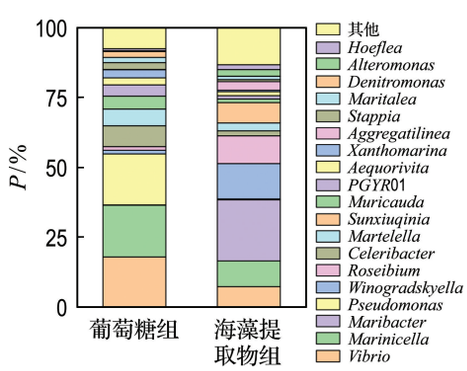
Fig. 5　Spectra of SMX degradation products and presumed degradation pathways

变形菌门与有机物水解和反硝化脱氮相关[19]，其相对丰度降低可能是不同共代谢基质引起的群落演替.

微生物群落在属水平的物种分类如图 6(b)所示，葡萄糖组的优势菌属为海胞菌属(*Marinicella*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和弧菌属(*Vibrio*). 海藻提取物组的优势菌属为海杆菌属(*Maribacter*)、维诺格拉斯基氏菌属(*Winogradskyella*)和玫瑰色菌属(*Roseibium*). 海杆菌属和玫瑰色菌属能利用包括海藻酸盐和海带淀粉在内的多种海藻多糖[20-21]. 维诺格拉斯基氏菌属对苄基青霉素、庆大霉素和四环素等多种抗生素具有耐药性[22]. 海胞菌属和假单胞菌属在高盐度废水处理系统中仍具有反硝化能力[23-24]. 以上结果表明，不同的共代谢基质可以富集不同的微生物，从而形成不同的降解菌群. 由此推测，SMX 共代谢降解是不同功能微生物的共同作用，海杆菌属、维诺格拉斯基氏菌属和玫瑰色菌属可能是潜在的 SMX 降解菌.



(a) 门水平



(b) 属水平

图 6　微生物群落在门水平和属水平的物种分类

Fig. 6　Taxonomic classification of microbial community at level of phylum and genus

3　结　论

(1)本研究证实在微氧状态、碳氮比为 2∶1、

水力停留时间为 24 h 条件下，海藻提取物组具有良好的 SMX 降解及同步反硝化能力，SMX 平均去除率可达 76%，NO_3^--N 平均去除率为 87%. 综合考虑 SMX 和 NO_3^--N 的去除效果，海藻提取物作为替代碳源具有可行性.

(2)SMX 通过侧链氨基化生成 3-氨基-5-甲基异噁唑和对氨基苯磺酰胺，后者进一步通过 4S 途径脱硫生成苯胺，最终降解为 CO_2 和 H_2O.

(3)16S rRNA 测序分析结果表明，以海藻提取物作为碳源使微生物群落结构发生明显变化，其中海杆菌属、维诺格拉斯基氏菌属和玫瑰色菌属可能是潜在的 SMX 降解菌.

参考文献：

[1] 国家统计局. 国家数据[EB/OL]. [2024-03-09]. https://data.stats.gov.cn/easyquery.htm?cn=C01.
National Bureau of Statistics. National data [EB/OL]. [2024-03-09]. https://data.stats.gov.cn/easyquery.htm?cn=C01. (in Chinese)

[2] ZHANG Ruiling, KANG Yaru, ZHANG Ruijie, *et al*. Occurrence, source, and the fate of antibiotics in mariculture ponds near the Maowei Sea, South China: Storm caused the increase of antibiotics usage [J]. **Science of the Total Environment**, 2021, **752**: 141882.

[3] LU Jian, WU Jun, ZHANG Cui, *et al*. Occurrence, distribution, and ecological-health risks of selected antibiotics in coastal waters along the coastline of China [J]. **Science of the Total Environment**, 2018, **644**: 1469-1476.

[4] LIU Can, TAN Li, ZHANG Liming, *et al*. A review of the distribution of antibiotics in water in different regions of China and current antibiotic degradation pathways [J]. **Frontiers in Environmental Science**, 2021, **9**: 692298.

[5] WANG Yinghan, SUN Zhe, QIANG Zhimin. Start-up of solid-phase denitrification process for treatment of nitrate-rich water in recirculating mariculture system: Carbon source selection and nitrate removal mechanism [J]. **Chemosphere**, 2023, **338**: 139568.

[6] ZHAO Wentao, SUI Qian, MEI Xuebing, *et al*. Efficient elimination of sulfonamides by an anaerobic/anoxic/oxic-membrane bioreactor process: Performance and influence of redox condition [J]. **Science of the Total Environment**, 2018, **633**: 668-676.

[7] LIANG Donghui, HU Yongyou, HUANG Ruzhen, *et al*. Effects of various antibiotics on aerobic nitrogen removal and antibiotic degradation performance: Mechanism, degradation pathways, and microbial community evolution [J]. **Journal of Hazardous Materials**, 2022, **422**: 126818.

[8] GAO Yedong, GUO Liang, SHAO Mengyu, *et al*. Heterotrophic denitrification strategy for marine recirculating aquaculture wastewater treatment using mariculture solid wastes fermentation liquid as carbon source: Optimization of COD/NO_3^--N ratio and hydraulic retention time [J]. **Bioresource Technology**, 2020, **304**: 122982.

[9] TORRES M D, KRAAN S, DOMÍNGUEZ H. Seaweed biorefinery [J]. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, 2019, **18**: 335-388.

[10] WANG Jianlong, WANG Shizong. Microbial degradation of sulfamethoxazole in the environment [J]. **Applied Microbiology and Biotechnology**, 2018, **102**(8): 3573-3582.

[11] YU Guanlong, PENG Haiyuan, FU Yongjiang, *et al*. Enhanced nitrogen removal of low C/N wastewater in constructed wetlands with co-immobilizing solid carbon source and denitrifying bacteria [J]. **Bioresource Technology**, 2019, **280**: 337-344.

[12] LIU Wancen, SONG Xiaoye, DING Xiangrui, *et al*. Antibiotic removal from swine farming wastewater by anaerobic membrane bioreactor: Role of hydraulic retention time [J]. **Journal of Membrane Science**, 2023, **677**: 121629.

[13] WANG Qiaoning, WANG Hongdan, LV Min, *et al*. Sulfamethoxazole degradation by *Aeromonas caviae* and co-metabolism by the mixed bacteria [J]. **Chemosphere**, 2023, **317**: 137882.

[14] JIANG Benchao, LI Ang, CUI Di, *et al*. Biodegradation and metabolic pathway of sulfamethoxazole by *Pseudomonas psychrophila* HA-4, a newly isolated cold-adapted sulfamethoxazole-degrading bacterium [J]. **Applied Microbiology and Biotechnology**, 2014, **98**(10): 4671-4681.

[15] GUPTA N, ROYCHOUDHURY P K, DEB J K. Biotechnology of desulfurization of diesel: Prospects and challenges [J]. **Applied Microbiology and Biotechnology**, 2005, **66**(4): 356-366.

[16] YIN Yixin, ZHANG Qian, PENG Haojin. Retrospect and prospect of aerobic biodegradation of aniline: Overcome existing bottlenecks and follow future trends [J]. **Journal of Environmental Management**, 2023, **330**: 117133.

[17] VENKITESHWARAN K, BOCHER B, MAKI J, *et al*. Relating anaerobic digestion microbial community and process function [J]. **Microbiology Insights**, 2016, **8**(S2): 37-44.

[18] MCKEE L S, LA ROSA S L, WESTERENG B, *et al*. Polysaccharide degradation by the Bacteroidetes: Mechanisms and nomenclature [J]. **Environmental Microbiology Reports**, 2021, **13**(5): 559-581.

[19] YANG Yiwen, WU Ruiting, HU Jiaxin, *et al*. Dominant denitrifying bacteria are important hosts of antibiotic resistance genes in pig farm anoxic-oxic wastewater treatment processes [J]. **Environment International**, 2020, **143**: 105897.

[20] GAO Jiawei, YING Junjie, DONG Han, *et al*. Characterization of *Maribacter polysaccharolyticus* sp. nov., *Maribacter huludaoensis* sp. nov., and *Maribacter zhoushanensis* sp. nov. and illumination of the distinct adaptative strategies of the genus *Maribacter* [J]. **Frontiers in Marine Science**, 2023, **10**: 1248754.

[21] LIU Jiwen, WANG Yanan, YANG Xiaoting, *et al*. *Roseibium sediminis* sp. nov., isolated from sea surface sediment [J]. **International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology**, 2017, **67**(8): 2862-2867.

[22] NEDASHKOVSKAYA O I, KIM S B, HAN S K, *et al*. *Winogradskyella thalassocola* gen. nov., sp. nov., *Winogradskyella epiphytica* sp. nov. and *Winogradskyella eximia* sp. nov., marine bacteria of the family *Flavobacteriaceae* [J]. **International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology**, 2005, **55**(1): 49-55.

[23] WANG Qianzhi, WU Shuyan, CHU Guangyu, *et al*. Metagenomic analysis and microbial activity shifts reveal the effect of the carbon/nitrogen ratio on the nitrogen removal performance of a moving bed biofilm reactor treating mariculture wastewater [J]. **Journal of Water Process Engineering**, 2023, **51**: 103363.

[24] WANG Yinghan, LI Yangang, SUN Zhe, *et al*. Rhamnolipid-assisted solid-phase denitrification process for enhanced nitrate removal of recirculating mariculture system water [J]. **Journal of Water Process Engineering**, 2024, **57**: 104578.

Study of degradation and simultaneous denitrification of sulfamethoxazole in mariculture wastewater

WANG Shuo[1], ZHANG Yuqing[2], WANG Jing[*1]

(1. School of Environmental Science and Technology, Dalian University of Technology, Dalian 116024, China;
2. Liaoning River Reservoir Management Service Center (Hydrology Bureau of Liaoning Province), Shenyang 110003, China)

Abstract: The traditional treatment process of mariculture wastewater has low efficiency and high operating costs for the treatment of antibiotics and nitrate nitrogen. Using the typical antibiotic sulfamethoxazole (SMX) as the research object, and seaweed extract as the additional carbon source, a moving bed biofilm reactor is constructed to achieve SMX degradation and simultaneous denitrification. The results show that when the influent carbon to nitrogen ratio is 2∶1 and the hydraulic residence time is 24 h, the average removal rate of SMX is 76% and the average removal rate of nitrate nitrogen is 87%. Seaweed extract can replace glucose as a carbon source to maintain the efficient operation of the reactor. The mechanism study shows that SMX is converted into 3-amino-5-methyl isoxazole and *p*-amino benzenesulfonamide by side chain amination, the latter is desulfurized into aniline by the 4S pathway and further degrades into CO_2 and H_2O. *Maribacter*, *Winogradskyella* and *Roseibium* may be potential SMX-degrading bacteria. The study provides a new strategy for the simultaneous removal of antibiotics and nitrate nitrogen from mariculture wastewater.

Key words: sulfamethoxazole; denitrification; seaweed extract; mariculture wastewater