

厌氧消化 1 号模型(ADM1)简介

左剑恶, 凌雪峰, 顾夏声

(清华大学 环境科学与工程系, 北京 100084)

摘要: 介绍了 2002 年 2 月国际水质学会(IWA)推出的厌氧消化 1 号模型(ADM1)。该模型主要描述了厌氧消化中的生化和物化过程,共涉及厌氧体系中的七大类微生物、19 个生化动力学过程、3 个气液传质动力学过程,共有 26 个组分和 8 个隐式代数变量,能够对厌氧生物处理工艺进行较好的预测和模拟。ADM1 还提供了开放的建模平台以及与活性污泥模型(ASM)的接口,可广泛应用于对各种厌氧-好氧组合工艺的过程模拟。

关键词: 厌氧消化; 数学模型; ADM1; 动力学模型

中图分类号: X703.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-6929(2003)01-0057-05

Brief Introduction to Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)

ZUO Jian-e, LING Xue-feng, GU Xia-sheng

(Department of Environmental Science and Engineering, Tsinghua University, Beijing 100084, China)

Abstract: The Anaerobic Digestion Model No. 1(ADM1) proposed in Feb. 2002 by the International Water Association(IWA) is introduced. As a tool to simulate and optimize the anaerobic digestion, ADM1 mainly describes the biological and physiochemical processes occurred in anaerobic digestion, in which 7 kinds of microorganisms, 19 dynamic biological subprocesses, 3 gas-liquid transfer kinetic processes, totally 26 dynamic components and 8 implicit algebraic variables are included. Meanwhile, it provides an opening modeling platform and interfaces with activated sludge model (ASM) and thus can be widely used in the simulation of combined anaerobic-aerobic processes.

Key words: anaerobic digestion; mathematical model; ADM1; dynamic model

1987 年,国际水质学会推出了活性污泥 1 号模型(ASM1)^[1],该模型在以好氧生物技术为主体的城市污水处理领域得到了广泛应用;随后又相继推出了 ASM2^[2]、ASM2d^[3]、ASM3^[4]号模型,这些模型在实际工程和科学研究中均得到了较好应用。多年来,国际厌氧消化领域的专家一直期望建立一个类似的厌氧消化模型,但是由于在厌氧消化过程中所涉及的中间产物和微生物种类繁多、有机物降解转化的途径复杂以及厌氧工艺所处理的对象(如各种工业废水或有机废物)的基本条件相差很大,因此建立适用的厌氧消化模型具有很大难度,进展缓慢。

1997 年,在第 8 届厌氧消化大会上首次公开提出了建立通用厌氧消化模型的目标;1998 年,厌氧消化 1 号模型(ADM1)工作组正式组建;2001 年,在第 9 届厌氧消化大会上,工作组宣布 ADM1 的建模基本完成;2002 年 3 月,ADM1 号模型正式推出^[5]。该模型能较好地模拟和预测不同厌氧

工艺在不同运行工况下的运行效果,如气体产量、气体组成、出水 COD、VFA 以及反应器内的 pH 值,因此可以为厌氧工艺的设计、运行和优化控制提供理论指导和技术支持;同时 ADM1 还具有良好的可扩展性,可提供开放的通用建模平台,在实际应用中,可以经过简化、扩充或修正对不同实例进行模拟。

1 ADM1 对厌氧消化过程中生化反应的建模

1.1 ADM1 所描述的厌氧消化过程中的生化反应

如图 1 所示,ADM1 将厌氧消化过程中的生化反应分为胞内和胞外两大类。

ADM1 认为胞外生化过程可分为初步分解和水解 2 步。初步分解是指废水或废弃物中性质复杂的颗粒化合物被转化为惰性物质、颗粒状碳水化合物、蛋白质和脂类的过程;而水解则是指在胞外水解酶的作用下,碳水化合物、蛋白质和脂类等物质被转化为单糖、氨基酸和长链脂肪酸(LCFA)等的过程。这两个过程中所有生化反应均可用一级动力学方程式来表达。同时,ADM1 还认为厌氧消化系统内部微生物的死亡也可用一级动力学方程式来表达,死亡后的微生物仍以颗粒状化合物的形式保留在系统内,并再次进入循环。

胞内的生化过程则包括发酵产酸、产氢产乙酸和产甲烷

收稿日期: 2002-08-12

基金资助: 国家自然科学基金资助项目(50008009); 高校博士点科研基金资助项目(97000322)

作者简介: 左剑恶(1968-),男,湖南常德人,副教授,博士。

等 3 步。ADM1 认为厌氧系统中存在两类独立的产酸菌能分别将单糖和氨基酸降解为混合有机酸、氢和 CO_2 ；有机酸随后被产氢产乙酸菌利用并被转化为乙酸、氢和 CO_2 ；在产甲烷过程中，氢被氢营养型产甲烷细菌利用，并与 CO_2 一起被转化为 CH_4 和 H_2O ，而乙酸则被乙酸营养型产甲烷细菌利用并被转化为 CH_4 和 CO_2 。

以上过程在 ADM1 中被具体细化为如下的 19 个子过程：

复杂颗粒化合物被初步分解为颗粒状碳水化合物、蛋白质、脂类；碳水化合物被水解为单糖；蛋白质被水解为氨基酸；脂类被水解为长链脂肪酸和单糖；单糖被降解为戊酸、丁酸、丙酸、乙酸和氢；氨基酸被降解为戊酸、丁酸、丙酸、乙酸和氢；长链脂肪酸 (LCFA) 被转化为乙酸和氢；戊酸被降解为丙酸、乙酸和氢；丁酸被降解为乙酸和氢；丙酸被降解为乙酸和氢；⑪ 乙酸被乙酸营养型的产甲烷菌消耗；⑫ 氢被氢营养型产甲烷菌消耗；⑬ 单糖降解微生物 (X_{su}) 的衰亡；⑭ 氨基酸降解微生物 (X_{aa}) 的衰亡；⑮ 长链脂肪酸降解微生物 (X_{fa}) 的衰亡；⑯ 戊酸和丁酸降解微生物 (X_{c4}) 的衰亡；⑰ 丙酸盐降解微生物 (X_{pro}) 的衰亡；⑱ 乙酸营养型产甲烷菌 (X_{ac}) 的衰亡；⑲ 氢营养型产甲烷菌 (X_{h_2}) 的衰亡。由此可见，ADM1 共涉及厌氧体系中的七大类微生物，它们在厌氧消化过程中的地位以及相互之间的关系如图 1 所示。

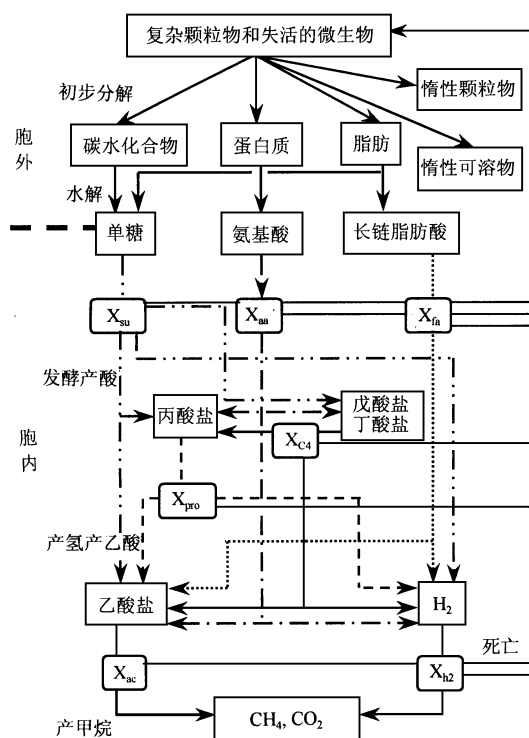


图 1 ADM1 涉及的厌氧消化中的生化过程及微生物

Fig. 1 The biochemical processes and microorganisms of anaerobic digestion described in ADM1

1.2 厌氧消化过程中的生化反应速率方程

在 ADM1 中，上述各种生化过程的反应速率方程是用形如 Monod 方程的基质降解动力学方程来描述，而不是用 ASM 系列模型中类似的微生物增殖动力学方程来描述，这是 ADM 和 ASM 模型最主要的差别之一。

模型共有 26 个组分，其中包括 14 个可溶性组分和 12 个不溶性组分。可溶性组分有：单糖 (S_{su})、氨基酸 (S_{aa})、长链脂肪酸 (S_{fa})、总戊酸 (S_{va})、总丁酸 (S_{bu})、总丙酸 (S_{pro})、总乙酸 (S_{ac})、氢 (S_{h_2})、甲烷 (S_{ch_4})、无机碳 (S_{ic})、无机氮 (S_{in})、可溶性惰性物质 (S_i)、金属阳离子 (S_{cat^+}) 和阴离子 (S_{an^-})；不溶性组分有：颗粒化合物 (X_c)、颗粒状碳水化合物 (X_{ch})、颗粒状蛋白质 (X_{pr})、颗粒状脂类 (X_{li}) 以及前已述及的 7 类微生物。

对于每一个组分，根据物料衡算，可以得到如下的微分方程：

$$V \cdot \frac{dS_i}{dt} = q_{in} S_{in,i} - q_{out} S_i + V \sum_j v_{i,j} \rho_j$$

式中， V 为液相或气相的体积； S_i 为组分 i 的浓度； t 为时间； q_{in} 为组分 i 流入体系的流量； q_{out} 为组分 i 流出体系的流量； $v_{i,j}$ 为组分 i 对应于过程 j 的速率系数，详细的速率系数矩阵见表 1； ρ_j 为过程 j 的反应速率，详见表 2。

1.3 ADM1 对厌氧消化中抑制作用的考虑

ADM1 认为在厌氧消化过程中主要存在 3 种抑制作用：pH 抑制、氢抑制和游离氨的抑制；另外 ADM1 还考虑了下面 2 种情况：氮源缺乏引起微生物生长速率的下降；戊酸和丁酸降解微生物 (X_{c4}) 对丁酸、戊酸的竞争性利用，相应的方程式如表 3 所示。对于厌氧体系中可能存在的弱酸弱碱抑制、长链脂肪酸抑制，则由于其作用机理还不十分清楚，因此在 ADM1 中没有考虑。

2 ADM1 对厌氧消化系统中物化过程的建模

物化过程是厌氧消化体系中重要的组成部分，ADM1 将厌氧消化系统中的物化过程分为液相中的酸碱离解平衡以及气液相间的传质过程，分别叙述如下：

2.1 液相中的酸碱离解平衡

液相中的物化过程主要涉及其中氢离子、氢氧根离子、有机酸根、氨根和碳酸氢根等的离解平衡。由于这些化学过程的反应速率非常快，可以直接用稳态的平衡方程式来表达，具体内容见表 4。ADM1 中也给出了考虑上述离解过程反应速率的化学动力学方程式，限于篇幅在此不再赘述。

2.2 气液相间的传质过程

ADM1 认为厌氧消化过程所产生的沼气主要有 CH_4 、 H_2 、 CO_2 等 3 种气体组分。由于氨极易溶于水，反应过程中产生的氨全部存在于液相中，在气相中不存在氨气组分；同时，由于 ADM1 没有涉及硫酸盐还原的过程，因此，气体组分中也不包括 H_2S 。对于 H_2 、 CO_2 、 CH_4 等气体来说，传质阻力主要在液相，因此 ADM1 在双膜理论的基础上，采用 Stumm 和 Morgan 推导的公式，对气液相间的传质过程进行描述，见表 5。

表 1 生化反应速率方程系数矩阵

Table 1 Coefficient matrix of dynamic rate equation for biological processes

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
	S_{in}	S_{in}	S_{in}	N_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}	S_{in}
1																								
2																								
3																								
4	$1 - f_{\text{in},h}$		$f_{\text{in},h}$																					
5																								
6																								
7																								
8																								
9																								
10																								
11																								
12																								
13																								
14																								
15																								
16																								
17																								
18																								
19																								

注:组分的单位除 N_{in} 和 S_{in} 是 mol/m^3 外,其余组分单位 kg/m^3 , f 指的是特定基质生成对应 1 某种产物的计量系数。

表 2 生化反应子过程速率表达式

Table 2 Kinetic rate equations for biological subprocesses

<i>j</i>	过程	反应速率 $\rho_j/(\text{kg m}^{-3} \text{ d}^{-1})$ (以 COD 计)	<i>j</i>	过程	反应速率 $\rho_j/(\text{kg m}^{-3} \text{ d}^{-1})$ (以 COD 计)
1	初步分解	$k_{\text{dis}} \cdot X_c$	11	乙酸的降解	$k_{\text{m,ac}} \cdot \frac{S_{\text{ac}}}{K_s + S_{\text{ac}}} \cdot X_{\text{ac}} \cdot I_3$
2	碳水化合物水解	$k_{\text{hyd,ch}} \cdot X_{\text{ch}}$	12	氢气的消耗	$k_{\text{m,h}_2} \cdot \frac{S_{\text{h}_2}}{K_s + S_{\text{h}_2}} \cdot X_{\text{h}_2} \cdot I_1$
3	蛋白质的水解	$k_{\text{hyd,pro}} \cdot X_{\text{pr}}$	13	X_{su} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{su}}} \cdot X_{\text{su}}$
4	脂类的水解	$k_{\text{hyd,li}} \cdot X_{\text{li}}$	14	X_{aa} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{aa}}} \cdot X_{\text{aa}}$
5	单糖的降解	$k_{\text{m,su}} \cdot \frac{S_{\text{su}}}{K_s + S} \cdot X_{\text{su}} \cdot I_1$	15	X_{fa} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{fa}}} \cdot X_{\text{fa}}$
6	氨基酸的降解	$k_{\text{m,aa}} \cdot \frac{S_{\text{aa}}}{K_s + S_{\text{aa}}} \cdot X_{\text{aa}} \cdot I_1$	16	X_{c_4} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{c}_4}} \cdot X_{\text{c}_4}$
7	长链脂肪酸的降解	$k_{\text{m,fa}} \cdot \frac{S_{\text{fa}}}{K_s + S_{\text{fa}}} \cdot X_{\text{fa}} \cdot I_2$	17	X_{pro} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{pro}}} \cdot X_{\text{pro}}$
8	戊酸的降解	$k_{\text{m,c}_4} \cdot \frac{S_{\text{va}}}{K_s + S_{\text{va}}} \cdot X_{\text{c}_4} \cdot I_{\text{bu}} \cdot I_2$	18	X_{ac} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{ac}}} \cdot X_{\text{ac}}$
9	丁酸的降解	$k_{\text{m,c}_4} \cdot \frac{S_{\text{bu}}}{K_s + S_{\text{bu}}} \cdot X_{\text{c}_4} \cdot I_{\text{va}} \cdot I_2$	19	X_{h_2} 的衰亡	$k_{\text{dec},X_{\text{h}_2}} \cdot X_{\text{h}_2}$
10	丙酸的降解	$k_{\text{m,pr}} \cdot \frac{S_{\text{pro}}}{K_s + S_{\text{pro}}} \cdot X_{\text{pro}} \cdot I_2$			

注:抑制系数 $I_1 = I_{\text{pH}} \cdot I_{\text{N,lim}}$; $I_2 = I_{\text{pH}} \cdot I_{\text{N,lim}} \cdot I_{\text{h}_2}$; $I_3 = I_{\text{pH}} \cdot I_{\text{N,lim}} \cdot I_{\text{NH}_3,\text{X}}$ (I_{pH} , $I_{\text{N,lim}}$, $I_{\text{NH}_3,\text{X}}$, I_{h_2} , 见表 3)。

表 3 ADM1 中抑制方程的表达式

Table 3 Inhibition equations in ADM1

抑制类型	抑制方程	描述	适用过程
游离氨抑制	$I_{\text{NH}_3,\text{X}} = \frac{1}{1 + S_{\text{II}}/K_i}$	非竞争性抑制	7 ~ 12
氢抑制	$I_{\text{h}_2} = \frac{1}{1 + S_{\text{II}}/K_i}$	非竞争性抑制	7 ~ 12
pH 抑制	$I_{\text{pH}} = \frac{1 + 2 \times 10^{0.5(\text{pH}_{\text{LL}} - \text{pH}_{\text{UL}})}}{1 + 10^{(\text{pH} - \text{pH}_{\text{UL}})} + 10^{(\text{pH}_{\text{LL}} - \text{pH})}}$	系统发生酸性或碱性抑制	5 ~ 12
	$I_{\text{pH}} = \exp \left\{ -2 \left(\frac{\text{pH} - \text{pH}_{\text{UL}}}{\text{pH}_{\text{UL}} - \text{pH}_{\text{LL}}} \right) \right\} \quad \left \text{pH} < \text{pH}_{\text{LL}} \right.$	系统只发生酸性抑制	5 ~ 12
	$I_{\text{pH}} = 1 \quad \left \text{pH} > \text{pH}_{\text{UL}} \right.$		
X_{c_4} 对丁酸和戊酸的竞争性利用	$I_{\text{bu}} = \frac{1}{1 + S_{\text{bu}}/S_{\text{va}}}$; $I_{\text{va}} = \frac{1}{1 + S_{\text{va}}/S_{\text{bu}}}$	竞争性抑制	8 ~ 9
二级基质的限制	$I_{\text{N,lim}} = \frac{1}{1 + K_i/S_i}$	在 $S_{\text{N}} \sim 0$ 时发生抑制	5 ~ 12

注: S_i 为抑制物 i 的浓度; S 为过程 j 的基质浓度; K_i 为抑制物 i 的抑制系数。

表 4 液相中酸碱离解平衡的代数方程

Table 4 Algebraic equations of acid-base equilibrium in liquid phase

方程式	未知数
$S_{\text{cat}}^+ + S_{\text{NH}_4}^+ + S_{\text{H}}^+ - S_{\text{HCO}_3^-} - S_{\text{ac}}^- / 64 - S_{\text{pr}}^- / 112 - S_{\text{bu}}^- / 160 - S_{\text{va}}^- / 208 - S_{\text{OH}}^- - S_{\text{An}}^- = 0$	S_{H}^+
$S_{\text{OH}}^- - K_{\text{w}}/S_{\text{H}}^+ = 0$	S_{OH}^-
$S_{\text{VFA}}^- - K_{\text{a,VFA}} S_{\text{VFA},\text{total}} / (K_{\text{a,VFA}} + S_{\text{H}}^+) = 0$	S_{VFA}^-
$S_{\text{HCO}_3^-} - K_{\text{a,CO}_2} S_{\text{IC}} / (K_{\text{a,CO}_2} + S_{\text{H}}^+) = 0$	$S_{\text{HCO}_3^-}$
$S_{\text{NH}_4}^+ - S_{\text{H}}^+ S_{\text{N}} / (K_{\text{a,NH}_4^+} + S_{\text{H}}^+) = 0$	$S_{\text{NH}_4^+}$
$S_{\text{IC}} - S_{\text{CO}_2} - S_{\text{HCO}_3^-} = 0$	S_{CO_2}
$S_{\text{N}} - S_{\text{NH}_3} - S_{\text{NH}_4^+} = 0$	S_{NH_3}

注: S_{VFA}^- 分别为乙酸盐、丙酸盐、丁酸盐、戊酸盐浓度。

表 5 气液相间的传质速率方程

Table 5 Mass transfer rate equations between gas and liquid phase

j	i			速率 ρ_j
	8	9	10	
	S_{H_2}	S_{CH_4}	S_{IC}	
T8	H_2 传质	- 1		$K_{\text{La}} (16 K_{\text{H},\text{H}_2} P_{\text{gas},\text{H}_2} - S_{\text{liq},\text{H}_2})$
T9	CH_4 传质	- 1		$K_{\text{La}} (64 K_{\text{H},\text{CH}_4} P_{\text{gas},\text{CH}_4} - S_{\text{liq},\text{CH}_4})$
T10	CO_2 传质	- 1		$K_{\text{La}} (K_{\text{H},\text{CO}_2} P_{\text{gas},\text{CO}_2} - S_{\text{liq},\text{CO}_2})$

3 模型的实现

与 ASM 系列模型相比,除了结构、过程变量以及物化过程的差异,ADM1 的执行上还有 2 点主要区别: 单位,在

ADM1 中,采用 kg/m^3 而不是 mg/L 来表示组分浓度;采用 mol/L 而不是 mmol/L 表示碳酸氢根浓度;采用 mol/L 而不是 mg/L 表示无机氮浓度。动力学形式,如前所述,ADM 采用基于基质降解动力学方程而不是微生物增殖动力学方程。对同时具有好氧工艺和厌氧工艺的复杂系统,如活性污泥法-污泥消化;带消化液回流的活性污泥法-污泥消化;厌氧-好氧串联工艺;强化生物除磷 (EBPR);厌氧氨氧化 (ANAMOX) 等的建模,可以考虑将 ADM 和 ASM 模型结合起来。在两类模型的连接上,任务组给出了单位换算和动力学方程转换的方法。

模型中涉及复杂的非线性常微分方程组可以采用 GIL 算法或 Gear 算法编程求解,也可以在专用的动力学模拟平台上实现,如 BioWin, AquaSim, EFOR, GPS-X, SIMBA, STOOT, WEST, MATLAB & Simulink^[7]。笔者曾在 Simulink 平台上对 EGSB 反应器的动态过程进行模拟,积分算法采用其内置的 ODE15s,在 10^{-5} 的计算精度下,运算速度很快^[8]。

4 结语

ADM1 模型集中了国际厌氧消化领域在结构化数学模型和工艺模拟方面最新的研究成果。该模型的应用将有利于人们从动力学的角度更深入了解厌氧生物处理这一动态过程,从而对厌氧工艺的设计、运行和优化控制提供理论指导和支持。但同时,ADM1 提供的仅仅是一个通用的模拟平台,由于缺乏有效的文献资料,或由于工作组认为某些过程在厌氧消化中没有足够的代表性,目前在 ADM1 中忽略了以下过程:葡萄糖降解的其他途径如乳酸型或乙醇型发酵;硫酸盐还原以及由此引起的硫化氢的抑制;硝酸盐对电子转移的竞争;弱酸和弱碱的抑制;长链脂肪酸的抑制;乙

酸氧化途径;同型产乙酸过程;固体沉淀物的生成等。同时,ADM1 需要结合今后具体的科研应用和工程实践在以下方面继续完善:抑制物质对厌氧消化中不同生化过程的具体影响;反应温度在低温、中温、高温之间交替对厌氧体系中微生物种群以及动力学过程所引起的变化;对厌氧消化过程中生化反应动力学的参数获取、参数识别和校正以及误差分析的有效方法。

参考文献:

- [1] Henze M, Grady C P L, Gujer W, et al. Activated sludge model No. 1 - IAWPRC scientific and technical report No. 1 [R]. London: IAWPRC, 1987.
- [2] Henze M, Gujer W, Mino T, et al. Activated sludge model No. 2 - IAWQ scientific and technical report No. 3 [R]. London: IAWQ, 1995.
- [3] Henze M, Gujer W, Mino T, et al. Activated sludge model 2D [J]. Water Sci Tech, 1999, 39(1): 165 - 182.
- [4] Gujer W, Henze M, Mino T, et al. Activated sludge model No. 3 [J]. Water Sci Tech, 1999, 39(1): 183 - 193.
- [5] IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes. Anaerobic digestion model No. 1 (ADM1), IAW scientific and technical report No. 13 [R]. London: IWA, 2002.
- [6] 顾夏声. 废水生物处理数学模式 [M]. 第 2 版. 北京:清华大学出版社, 1993.
- [7] John B Copp. The COST Simulation Benchmark: Description and Simulator Manual [R]. <http://www.ensic.u-nancy.fr/COSTWWTP>, 2001.
- [8] 左剑恶, 凌雪峰, 王妍春. EGSB 反应器的动力学模型研究 (2) ——参数估计与过程模拟 [J]. 中国沼气, 2003, (2) (待发表).

(上接第 45 页)

- [6] Aldo Viarengo, Elisa Bettella, Rita Fabbri. Heavy metal inhibition of EROD activity in liver microsomes from the bass *Dicentrarchus labrax* exposed to heavy metal effects [J]. Marine Environ Res, 1997, 44(1): 1 - 11.
- [7] Prough R A, Burke M D. Direct fluorimetric methods for measuring mixed-function oxidase activity. Meth Enzymol, 1978, 52: 372 - 377.
- [8] Bradford Marion M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding [J]. Analytical Biochemistry, 1976, 72: 248 - 255.
- [9] 王咏, 王春霞, 徐镜波. 多环芳烃化合物对鲤鱼肝微粒体 EROD 的体外诱导 [J]. 环境科学学报, 2000, 20(增): 176 - 180.
- [10] Scholz S, Segner H. Induction of CYP1A cultures of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) liver cell: concentration-response relationships of four model substances [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 1999, 43: 252 - 260.
- [11] Voorman R, Ausst S D. Specific binding of polyhalogenated aromatic hydrocarbon inducers of cytochrome P - 450 to the cytochrome and inhibition of its estradiol 2-hydroxylase activity [J]. Toxicol Appl Pharmacol, 1987, 90: 69 - 78.
- [12] Pacheco M, Santos M A. Induction of liver EROD and erythrocytic nuclear abnormalities by cyclophosphamide and PAHs in *anguilla anguilla* L [J]. Ecotoxicology And Environmental Safety, 1998, 40: 71 - 76.
- [13] David F V Lewis, Costas Ioannides, Dennis V Parde. Cytochromes P450 and species differences in xenobiotic metabolism and activation of carcinogen [J]. Environ Health Perspectives, 1998, 106(10): 633 - 639.