

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2021.15.004

CaO₂ 联合热预处理对污泥产酸的影响及菌群分析

范子奇¹, 王应军¹, 任垠安²

(1. 四川农业大学 环境学院, 四川 成都 611130; 2. 中铁十一局集团第五工程有限公司, 重庆 400037)

摘要: 以过氧化钙(CaO₂)联合热预处理剩余污泥后进行产酸发酵,分析溶解性 COD (SCOD)、pH 值、挥发性脂肪酸(VFAs)产量及微生物群落的变化,并以获得最高产量的 VFAs 为目的,得到最佳预处理工艺参数。结果表明,预处理能使污泥发酵初始 SCOD 含量上升;碱量固定时,所有实验组的 SCOD 含量均呈先上升后下降的趋势。预处理中温度的增加会使初始 pH 值呈下降趋势;相同温度下,随着碱量的增加,初始 pH 值升高。CaO₂ 联合热预处理对 VFAs 生成有促进作用。0.2 g/gVSS 的 CaO₂ + 90 ℃ 实验组、0.3 g/gVSS 的 CaO₂ + 70 ℃ 实验组的 VFAs 最大产量分别为 3 101.7、3 097.4 mg/L,而前者达到峰值的发酵时间较早,故 0.2 g/gVSS 的 CaO₂ + 90 ℃ 实验组为最佳方案。微生物测序结果表明,预处理均会增加后续发酵系统中产酸相关细菌的丰度,降低污泥中菌群总体丰度,其中联合预处理造成的菌群结构变化更显著。

关键词: 污泥厌氧消化; 过氧化钙; 热预处理; 挥发性脂肪酸; 微生物多样性

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2021)15-0021-07

Effect of Calcium Peroxide Combined with Thermal Pretreatment on Acid Production of Sludge and Analysis of Bacterial Community

FAN Zi-qi¹, WANG Ying-jun¹, REN Yin-an²

(1. College of Environmental Sciences, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China;
2. The 5th Engineering Co. Ltd. of China Railway 11th Bureau Group, Chongqing 400037, China)

Abstract: In order to obtain the highest yield of volatile fatty acids (VFAs) and get the optimal parameters of pretreatment process, excess sludge was pretreated by calcium peroxide (CaO₂) and heat for acidogenic fermentation, variations in dissolved chemical oxygen demand (SCOD), pH, VFAs yields and microbial community in the system were analyzed. Pretreatment could increase the initial SCOD of sludge fermentation. When alkalinity was constant, SCOD of all the experimental groups increased first and then decreased. Initial pH decreased with the increase of pretreatment temperature. At the same temperature, the initial pH value increased with the increase of the alkalinity. CaO₂ combined with thermal pretreatment promoted the VFAs production. The maximum VFAs yields of 0.2 g/gVSS CaO₂ + 90 ℃ group and 0.3 g/gVSS CaO₂ + 70 ℃ group were 3 101.7 mg/L and 3 097.4 mg/L, respectively, and the former reached the peak earlier. Therefore, the 0.2 g/gVSS CaO₂ + 90 ℃ group was considered to be the best experimental scheme. Microbial sequencing showed that pretreatment would increase the

abundance of acid producing bacteria in the subsequent fermentation system and reduce the abundance of total bacterial community in the sludge, and the change of microbial community composition caused by the combined pretreatment was more significant.

Key words: sludge anaerobic digestion; calcium peroxide; thermal pretreatment; VFAs; microbial diversity

厌氧消化作为常用的污泥处理工艺,能实现污泥的减量化、稳定化、无害化和资源化。该过程能够将污泥中的有机物质转化为挥发性脂肪酸(VFAs)、甲烷和氢气等附加值较高的物质。但传统厌氧发酵技术存在产甲烷有机碳源转化效率低、对环境有负面影响等缺点。VFAs是厌氧消化过程的中间产物,它不仅可以继续发酵生成甲烷、提供有机碳源,也可作为底物生成聚羟基脂肪酸酯(PHA)。相较于甲烷,VFAs附加值更高、负面影响更小、发酵耗时更短,所以VFAs的产生、积累和应用逐渐成为了新的研究方向^[1]。

由于污泥中胞外聚合物(EPS)、细胞壁以及甲烷菌等的存在会限制污泥的水解速率,故众多学者通过热解法、化学法、机械破碎或者生物法等预处理方法来加快水解速率,改善污泥消化性能^[2]。其中,热预处理作为一种成熟的污泥破解技术有广泛的应用基础,例如,元信石^[3]以60、70、80℃水热温度对污泥热预处理12 h后发现,污泥上清液中的溶解性COD(SCOD)分别提高了17.1、23.3、25.0倍。另外,碱预处理是一种无需特殊设备并且简单有效的方法,如Wu等^[4]把不同pH值的污泥搅拌30 min后厌氧发酵处理48 h,发现VFAs总产量:碱预处理组>酸预处理组>未预处理组。 CaO_2 作为一种碱,能提供氧化性和碱性条件加速污泥的破解,还可抑制产甲烷菌活性,有利于VFAs的积累,已被证明有利于污泥的产酸发酵^[5-6]。但单一的预处理方法具有较多弊端,而复合的预处理方法能够弥补二者的缺点。鉴于此,笔者选取 CaO_2 为碱性投加材料,比较热碱联合预处理和单独预处理的污泥产酸发酵效果,探讨将 CaO_2 与热预处理联合能否在降低投加量的同时促进VFAs的积累,同时探究微生物群落结构的变化,以期对 CaO_2 联合热预处理的污泥产酸发酵技术应用提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料与仪器

实验用剩余污泥取自成都温江城镇污水处理厂

二沉池,污泥取回后先在4℃下自由沉降24 h,去上清液后浓缩,再过40目筛网,最后将得到的浓缩污泥置于2~4℃冰箱中保存备用。取回的剩余污泥性质如下:pH值为6.94,TSS为 (23.4 ± 0.1) g/L,VSS为 (14.7 ± 0.1) g/L,TCOD为 (18.4 ± 0.2) g/L,SCOD为 (0.14 ± 0.03) g/L。

实验所用硫酸、氢氧化钠、硫酸亚铁铵、重铬酸钾、碘化钾、碘化汞、邻菲罗啉、盐酸、重蒸酚均为分析纯,甲酸为色谱级。实验所用仪器包括恒温振荡箱、分析天平、pH计、鼓风干燥箱、气相色谱仪、马福炉、离心机、COD微波消解仪、分光光度计等。

1.2 实验设计

向每个250 mL蓝盖瓶中加入200 mL剩余污泥,以0.05、0.1、0.2、0.3 g/gVSS的剂量向瓶中加入 CaO_2 ,搅拌均匀后盖上瓶盖置于恒温振荡箱对污泥加热1 h,分别控制温度为50、70、90℃,以未经热预处理的污泥进行发酵实验作为对照。热预处理后冷却,再投入30 mL引种污泥,换上带有取样口的盖子,并用氮气吹扫除氧,放入35℃的恒温振荡箱(160 r/min)中,设置发酵时间为12 d,每个实验做3个平行。实验期间每24 h取样一次,离心取上清液,再经0.45 μm滤膜过滤后测定SCOD、VFAs、pH值。发酵结束后,选取VFAs积累量最高的实验组与对照组的适量发酵污泥并冷冻保存于-20℃冰箱中,委托生物公司进行微生物测序分析。

1.3 测定指标及方法

VFAs采用气相色谱法测定,操作条件如下:选用FID检测器,色谱柱采用Agilent的DB-FFAP(30 m×0.32 mm×0.25 μm),载气采用氮气(流速为20 mL/min),进样器和检测器的温度分别设置为250和300℃。SCOD、pH值均采用国家标准方法进行测定。分析微生物的群落结构时,细菌扩增引物采用341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和805R(GACTACHVGGGTATCTAATCC),扩增后的产物经纯化和定量后,进行污泥样品的扩增子测序,根据所扩增目标区域的扩增子区域特点,开发适用于该区

域的数据质控软件并进行建库,利用 HiSeq 测序平台进行测序,运用相关软件分析测序数据。

2 结果与分析

2.1 污泥中SCOD的溶出情况

SCOD 是反映污泥产酸发酵过程中有机成分变化的重要指标,预处理过程溶出的有机物为后续发酵过程提供反应底物,溶出的 SCOD 对污泥产酸发酵过程有很大影响。本实验中,SCOD 的溶出情况如图 1 所示。可知,在相同的 CaO₂ 投加量下,SCOD 溶出量随温度的增加而增加;在相同的温度条件下,SCOD 溶出量随 CaO₂ 投加量的增加而增加。综合温度与 CaO₂ 两者来看,所有实验组中的 SCOD 均呈现出前期上升、后期下降的趋势,且 CaO₂ 投加量为 0.3 g/gVSS 的 3 个实验组中 SCOD 溶出量都保持在高值,且后期下降趋势较小,说明更多的 CaO₂ 投加量可延长对污泥的破解反应,溶出更多的 SCOD。

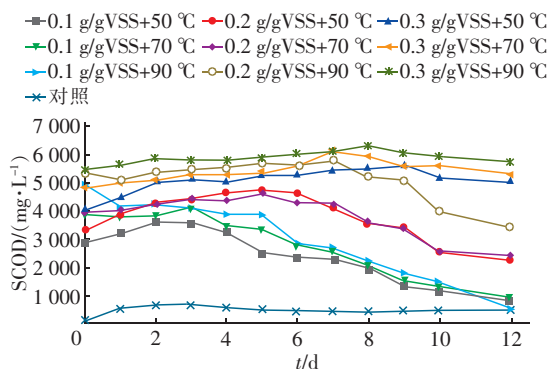


图1 不同预处理条件对污泥中 SCOD 溶出的影响

Fig.1 Effect of different pretreatment conditions on dissolution of SCOD

EPS 是剩余污泥絮体中的重要组分,主要由多糖、蛋白质和腐殖质组成^[7],外加少量的糖醛酸和 DNA。EPS 根据结合程度可以分为紧密结合 EPS (TB-EPS) 和疏松结合 EPS (LB-EPS)。TB-EPS 与细胞表面结合紧密, LB-EPS 则结构疏松、呈扩散状,其中 TB-EPS 含量远高于 LB-EPS,但都对 pH 值、温度相当敏感^[8-9]。而不同温度下,细胞被破坏的部位不同,如 45~65 °C 下细胞膜破裂、rRNA 被破坏,50~70 °C 下 DNA 被破坏,65~90 °C 下细胞壁被破坏,70~95 °C 下蛋白质变性^[10]。温度越高, EPS 中各组分尤其是 TB-EPS 的破坏程度越高,溶出的 SCOD 也就越多。CaO₂ 碱处理也可通过破坏细胞壁和溶解 EPS 提高 SCOD 的产量^[11]。

综合对比最终的 SCOD 含量可发现,该实验条

件下, CaO₂ 投加量对 SCOD 析出的影响较温度更大。究其原因,可能是随着污泥发酵的进行, CaO₂ 被消耗, pH 值降低, 对产甲烷菌的抑制作用降低。越到发酵后期, 不同 CaO₂ 投加量实验组之间的 SCOD 含量相差越大。SCOD 含量最高的组为 0.3 g/gVSS+90 °C 实验组, 原因可能是高温条件下对污泥的破解效果较好, 再加上后续发酵过程中 CaO₂ 对污泥的持续破解作用, 使得发酵液中有有机物含量较高。

2.2 污泥pH值的变化

图 2 是不同预处理条件下剩余污泥的 pH 值变化情况。污泥预处理后溶出的物质会与碱性物质发生中和反应, 而溶出的有机物质越多, 发酵初始 pH 值越低。

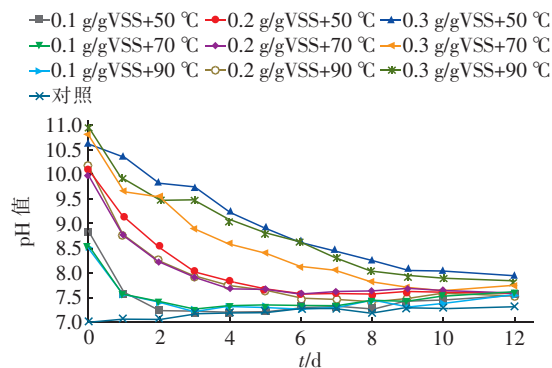


图2 不同预处理条件对污泥 pH 值的影响

Fig.2 Effect of different pretreatment conditions on pH

由图 2 可知, 温度相同的情况下, 初始 pH 值会随着 CaO₂ 投加量的增加而升高; 同样, 在 CaO₂ 投加量相同的条件下, 初始 pH 值会随温度的增加而略有增加, 但增长幅度小于 CaO₂ 投加量对初始 pH 值的影响。综合来看, 所有实验组在发酵产酸后 pH 值都显著下降, 且 pH 值的变化幅度随 CaO₂ 投加量的增加而增加。pH 值是影响产甲烷菌的重要条件, 产甲烷菌适宜的 pH 值范围较窄, 其最佳生存的 pH 值范围为 6.8~7.8, 过高的 pH 值会抑制产甲烷菌的活性^[12]; 而水解菌和产酸菌的最佳生存 pH 值范围更宽泛, 为 5.0~8.5。所以, CaO₂ 投加量为 0.3 g/gVSS 的实验组始终对产甲烷菌起抑制作用, 而其余组均先后降到了产甲烷菌最适宜的 pH 值范围, 使得产甲烷菌处于活跃状态能够大量产出甲烷并消耗 VFAs, 而 VFAs 的产生促使了 pH 值的降低, 而降低到一定范围的 pH 值却又加速了发酵液中 VFAs 的消耗。

2.3 VFAs 的产生情况

不同预处理条件下剩余污泥发酵产酸过程中 VFAs 的积累情况如图 3 所示。在相同温度下,随 CaO_2 投加量的增加,VFAs 达到峰值的时间越靠后。相同 CaO_2 投加量的实验组,发酵结束时其 VFAs 含量大致相同,同时,除 $0.3 \text{ g/gVSS} + 90^\circ\text{C}$ 实验组以外,温度越高,其 VFAs 峰值越高,随着热处理温度的上升,VFAs 浓度有明显的增加。预处理之后不同 CaO_2 投加量实验组的产酸能力: 0.2 g/gVSS 组 $\approx 0.3 \text{ g/gVSS}$ 组 $> 0.1 \text{ g/gVSS}$ 组 \gg 对照组。实验中产酸能力最强的组为 $0.2 \text{ g/gVSS} + 90^\circ\text{C}$ 组和 $0.3 \text{ g/gVSS} + 70^\circ\text{C}$ 组。

碱预处理通过调节 pH 值可影响微生物菌群的结构和数量,改变微生物之间的相互作用,进一步导致菌群功能转变和代谢产物的变化,使得碱预处理对 VFAs 的产生有明显促进作用。而热预处理只是提高了微生物在预处理阶段对 SCOD 溶出的作用,

间接使得发酵时的原料 SCOD 更加充足,从而使得污泥的产酸能力更强。

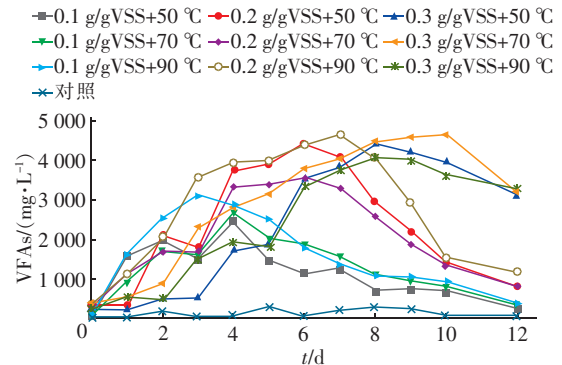


图 3 不同预处理条件对 VFAs 产生量的影响

Fig. 3 Effect of pretreatment conditions on VFAs yields

2.4 微生物群落的分布

2.4.1 微生物群落多样性分析

CaO_2 联合热预处理剩余污泥发酵后,发酵液的微生物群落丰度和多样性如表 1 所示。

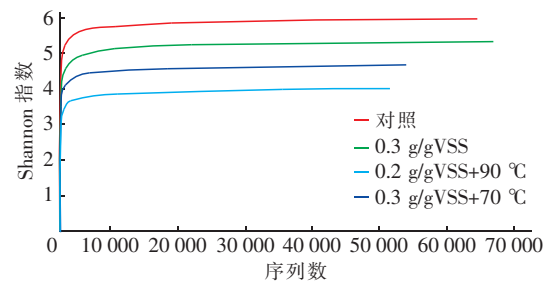
表 1 预处理前后微生物 Alpha 多样性指数

Tab. 1 Alpha diversity index of microorganisms before and after pretreatment

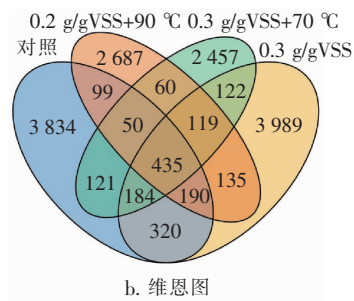
项 目	序列数	OTUs	覆盖率	Shannon 指数	ACE	Chao	Simpson
对照	61 748	5 233	0.94	5.96	43 453.8	25 209	0.01
0.3 g/gVSS	64 321	5 494	0.94	5.32	71 651.1	33 203	0.04
$0.2 \text{ g/gVSS} + 90^\circ\text{C}$	48 563	3 775	0.94	4.01	51 018.4	24 159	0.10
$0.3 \text{ g/gVSS} + 70^\circ\text{C}$	51 046	3 548	0.95	4.65	48 453.5	22 967	0.06

从表 1 可见,剩余污泥的测序深度大于 20 000,所有样品的稀疏曲线都趋于平坦[见图 4(a)],说明测序数据量合理,得出的数据足以反映出样品中绝大多数微生物的物种信息。 0.3 g/gVSS 组的 Shannon 指数较对照组降低了 0.64,说明投加 CaO_2 降低了发酵罐中微生物的丰度;Alpha 指数稀疏曲线较为平滑[见图 4(a)],说明发酵罐内微生物均匀程度较高。结合 VFAs 的产生规律分析发现:添加 CaO_2 能达到较好的破壁效果,可能破坏了少许微生物。因此,添加 CaO_2 使得发酵罐中微生物的丰度有所减少。此外, $0.3 \text{ g/gVSS} + 70^\circ\text{C}$ 组和 $0.2 \text{ g/gVSS} + 90^\circ\text{C}$ 组的 Shannon 指数均低于对照组,推测原因是热处理过程中原剩余污泥里不耐高温的微生物被淘汰。将相似性 $\geq 97\%$ 的微生物归类为一个操作分类单元(OTUs),对 OTUs 进行分类获得维恩图,如图 4(b) 所示,并以 OTUs 所含序列数为横坐标,物种丰度为纵坐标做出 Alpha 指数稀疏曲线[见图 4(a)],直观表现各实验组的微生物群落多

样性差异。



a. Alpha 指数稀疏曲线



b. 维恩图

图 4 微生物多样性差异

Fig. 4 Difference of microbial diversity

Alpha 指数稀疏曲线的纵坐标反映了样品所含物种的丰度。如图 4(a) 所示, 0.3 g/gVSS 组的 Alpha 指数稀疏曲线最长, 说明其样品的物种丰度在送测样品中最高, 0.2 g/gVSS + 90 °C 组的 Alpha 指数稀疏曲线最短, 说明该实验组样品中的物种丰度最低。4 条曲线平滑表明样品中微生物的均匀程度较高。

由维恩图可知, 0.3 g/gVSS 组的 OTUs 数量较对照组多了 5.0%, 而联合预处理的 0.2 g/gVSS + 90 °C 组和 0.3 g/gVSS + 70 °C 组的 OTUs 数量较对照组分别下降了 27.8%、32.2%。在对照组和 0.3 g/gVSS 组中 OTUs 共享数占对照组总数的 21.6%, 表明反应堆中微生物群落随 CaO₂ 的投加发生了变化。0.3 g/gVSS 组和 0.3 g/gVSS + 70 °C 组中 OTUs 共享数占 0.3 g/gVSS 组总数的 15.7%, 占 0.3 g/gVSS + 70 °C 组总数的 24.2%, 表明热预处理使系统中的微生物在种类和数量上均发生了变化。

2.4.2 微生物群落结构差异分析

① 门分类水平

为进一步阐明 CaO₂ 的添加和温度对剩余污泥酸化的影响机理, 对对照组 (CK)、0.3 g/gVSS 组 (I 组)、0.2 g/gVSS + 90 °C 组 (II 组)、0.3 g/gVSS + 70 °C 组 (III 组) 的微生物群落结构进行了分析。门水平上的物种丰度如图 5 所示, 厚壁菌门、变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、放线菌门和浮霉状菌门占主导地位。这与 Morgan-Sagastume 等人^[13] 的研究结果相似, 这些菌门在水解酸化过程中起到了重要作用^[14]。在对照组中, 拟杆菌门、变形菌门、厚壁菌门和酸杆菌门共占总序列的 60.99%; 经联合预处理发酵后, 4 种主要发酵细菌总丰度都有一定的提升, 说明联合预处理能有效提升产酸细菌的丰度, 其中涨幅明显的是拟杆菌门和厚壁菌门。厚壁菌门中大部分细菌具有把复杂碳水化合物降解为 VFAs 的能力^[15], 也具有很强的耐受性^[16], 在高 CaO₂ 投加量环境下具有优势。拟杆菌门具有产生纤维素酶和蛋白酶等水解酶的能力, 而水解酶能将纤维素和蛋白质等大分子有机物降解为葡萄糖、VFAs 等物质^[17], 该菌门的占比排序为: 0.2 g/gVSS + 90 °C 组 (4.07%) > 0.3 g/gVSS + 70 °C 组 (26.18%) > 0.3 g/gVSS 组 (25.1%) > 对照组 (9.7%), CaO₂ 的投加增加了该菌门的相对丰度。放线菌门和变形菌门可以产生水解胞外酶, 如蛋白酶、脂肪酶和多糖酶等,

这表明原污泥的发酵需要更丰富的水解微生物种群来溶解大分子有机物。Jang 等人^[18] 发现变形菌门是丙酸盐、丁酸盐和乙酸盐的消耗者, 该菌门在对照组中的占比为 41.89%, 在实验组中的占比大幅下降, 这种现象有利于 VFAs 的积累。放线菌门是一种普遍存在厌氧消化的菌门, 在本研究中, 相较于对照组, 该菌门在单独投加 CaO₂ 时, 占比有所上升, 而在联合预处理的发酵实验组中, 其相对丰度仅为 1.05% 和 1.33%, 说明联合预处理减少了放线菌门的数量或降低了其微生物活性。从门水平来看, 单独投加 CaO₂ 和 CaO₂ + 热预处理的发酵方式都能提升产酸类微生物的总相对丰度, 其中 0.2 g/gVSS + 90 °C 组最为明显, 高丰度的产酸菌能更好地促进酸化过程的进行。

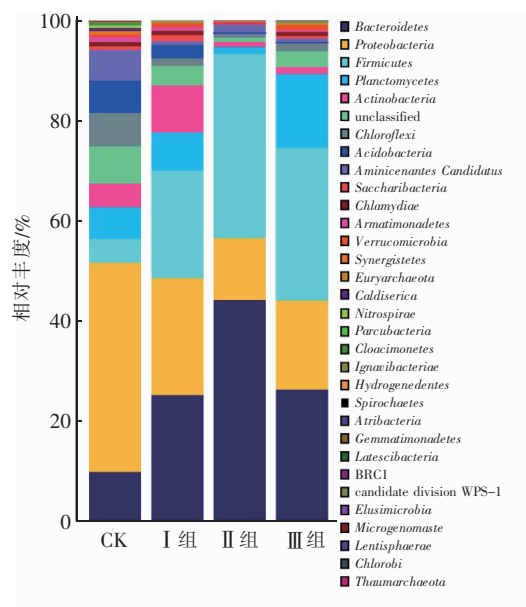


图5 门水平上的物种丰度

Fig. 5 Species abundance map at the phylum level

② 属分类水平

为具体探讨 CaO₂ 联合热预处理对厌氧发酵过程中微生物群落结构的影响, 分析了 4 组发酵液中按属分类水平的物种丰度热图, 如图 6 所示, 该图展示了相对丰度前 50 名的微生物种类, 且物种颜色越红代表相对丰度越高。由图 6 可知, 实验组中某些菌属的相对丰度出现了较大变化, 其中变化最大的为普雷沃氏菌属 (*Petrimonas*) 和牦牛瘤胃菌属 (*Proteiniclasticum*), 这两种菌属在各实验组中均占据相对丰度的前两位。与对照组相比, 普雷沃氏菌属在 0.3 g/gVSS 组、0.2 g/gVSS + 90 °C 组和 0.3

g/gVSS + 70 ℃ 组分别增长了 21.04%、11.82%、19.39%。有研究表明,普雷沃氏菌属是一种能够促进产酸的微生物^[19],能在碱性条件下存活,因此这种菌属的增加有利于有机物质转化为乙酸等 VFAs。牦牛瘤胃菌属也有类似的结果,与对照组相比,该菌属在 0.3 g/gVSS 组、0.2 g/gVSS + 90 ℃ 组、0.3 g/gVSS + 70 ℃ 组中分别增长了 5.01%、9.09%、15.56%。牦牛瘤胃菌属属于厚壁菌门,发酵过程中产生乙酸盐、丙酸盐和异丁酸盐。在 0.2 g/gVSS + 90 ℃ 组中,泰氏菌属(*Tissierella*)的相对丰度增加较明显,它是参与水解和酸化过程,降解复杂有机物并产生乙酸盐、丙酸盐和丁酸盐的微生物属种^[20];该组中嗜蛋白菌属(*Proteiniborus*)占比相较于其他实验组多,该菌属有较高的碱性耐受性,能将发酵液中的蛋白质作为发酵底物转化成乙酸、氢等产物^[21],促进 VFAs 的生成。以上水解产酸类菌属的增加强化了有机物向 VFAs 的转化。

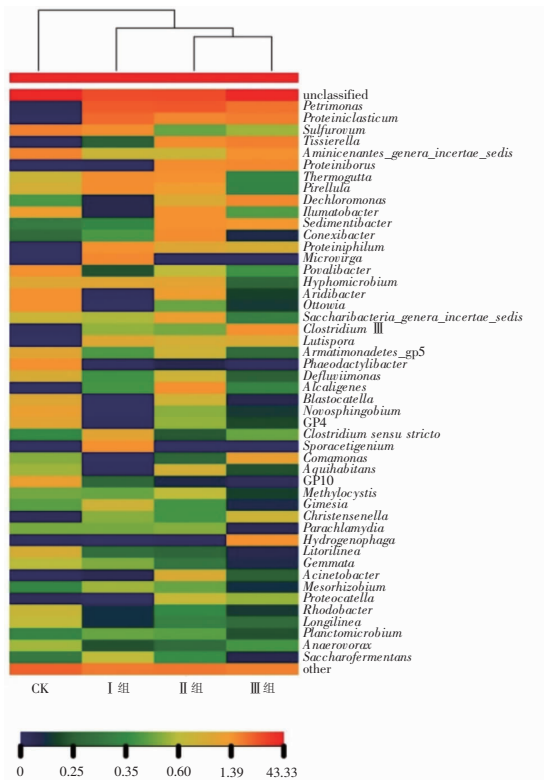


图 6 属水平上的物种丰度热图

Fig. 6 Heat map of species abundance at the genus level

3 结论

① CaO_2 联合热预处理能提高初始 SCOD 含量,SCOD 较对照组最多可提升 5 346.62 mg/L。所有实验组的 SCOD 均呈先上升后下降的趋势。

② 预处理能提升污泥发酵初始 pH 值。在相同 CaO_2 投加量条件下,随着热预处理温度的增加,初始 pH 值呈下降趋势;在相同温度条件下,随着 CaO_2 投加量的增加,初始 pH 值呈上升趋势。

③ CaO_2 联合热预处理污泥产酸发酵实验中,VFAs 产量相较于相同 CaO_2 投加量及未热预处理的实验组有所增加。其中,VFAs 产量最大的是 0.2 g/gVSS + 90 ℃ 组和 0.3 g/gVSS + 70 ℃ 组,其峰值分别达到 3 101.7、3 097.4 mg/L,前者相较于后者达到最高产酸量的时间更早,因此 0.2 g/gVSS + 90 ℃ 组是最佳实验方案。

④ 微生物测序结果表明,预处理(尤其是联合预处理)会使得污泥发酵系统中微生物的总体丰度降低,拟杆菌门、变形菌门等与产酸相关的微生物丰度增加,有利于发酵底物的降解和 VFAs 的产生。

参考文献:

- [1] KHAN M A, NGO H H, GUO W S, et al. Comparing the value of bioproducts from different stages of anaerobic membrane bioreactors [J]. Bioresource Technology, 2016, 214: 816 – 825.
- [2] 宜慧, 韩芸, 李玉友, 等. 碱解 + 低温水热预处理改善剩余污泥中温厌氧消化性能工艺 [J]. 环境工程学报, 2014, 8(9): 3927 – 3932.
YI Hui, HAN Yun, LI Yuyou, et al. Enhancement of mesophilic anaerobic digestion of waste activated sludge using alkaline – low temperature thermal pretreatment [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2014, 8(9): 3927 – 3932 (in Chinese).
- [3] 亓信石. 污泥预处理强化及厌氧消化特性研究 [D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2016.
QI Xinshi. Characteristic Study on Enhancing Anaerobic Digestion by Sludge Retreatment [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2016 (in Chinese).
- [4] WU L, ZHANG C, HU H, et al. Phosphorus and short-chain fatty acids recovery from waste activated sludge by anaerobic fermentation: effect of acid or alkali pretreatment [J]. Bioresource Technology, 2017, 240: 192 – 196.
- [5] 张闻多, 余雷, 刘和, 等. 工程规模下碱类型对污泥预处理效果及发酵产酸的影响 [J]. 环境工程学报, 2018, 12(5): 1517 – 1527.
ZHANG Wenduo, YU Lei, LIU He, et al. Effect of alkali types on sludge pretreatment and its fermentation for acid

- production in industrial scale [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2018, 12 (5): 1517 - 1527 (in Chinese).
- [6] MA H, CHEN X, LIU H, *et al.* Improved volatile fatty acids anaerobic production from waste activated sludge by pH regulation: alkaline or neutral pH [J]. Waste Management, 2016, 48: 397 - 403.
- [7] YANG S F, LI X Y. Influences of extracellular polymeric substances (EPS) on the characteristics of activated sludge under non-steady-state conditions [J]. Process Biochemistry, 2009, 44 (1): 91 - 96.
- [8] LONG X, TANG R, FANG Z, *et al.* The roles of loosely-bound and tightly-bound extracellular polymer substances in enhanced biological phosphorus removal [J]. Chemosphere, 2017, 189: 679 - 688.
- [9] MORE T T, YADAV J S S, YAN S, *et al.* Extracellular polymeric substances of bacteria and their potential environmental applications [J]. Journal of Environmental Management, 2014, 144: 1 - 25.
- [10] HANER A, MASON C A, HAMER G. Death and lysis during aerobic thermophilic sludge treatment: characterization of recalcitrant products [J]. Water Research, 1994, 28 (4): 863 - 869.
- [11] NEYENS E, BAEYENS J, DEWIL R, *et al.* Advanced sludge treatment affects extracellular polymeric substances to improve activated sludge dewatering [J]. Journal of Hazardous Materials, 2004, 106 (2/3): 83 - 92.
- [12] 李刚, 杨立中, 欧阳峰. 厌氧消化过程控制因素及 pH 和 Eh 的影响分析 [J]. 西南交通大学学报, 2001, 36 (5): 518 - 521.
- LI Gang, YANG Lizhong, OUYANG Feng. Control factors of anaerobic digestion and effect of pH and Eh [J]. Journal of Southwest Jiaotong University, 2001, 36 (5): 518 - 521 (in Chinese).
- [13] MORGAN-SAGASTUME F, PRATT S, KARLSSON A, *et al.* Production of volatile fatty acids by fermentation of waste activated sludge pre-treated in full-scale thermal hydrolysis plants [J]. Bioresource Technology, 2011, 102 (3): 3089 - 3097.
- [14] GUO J H, PENG Y Z, NI B J, *et al.* Dissecting microbial community structure and methane-producing pathways of a full-scale anaerobic reactor digesting activated sludge from wastewater treatment by metagenomic sequencing [J]. Microbial Cell Factories, 2015, 14: 33.
- [15] ZIGANSHIN A M, LIEBETRAU J, PROTER J, *et al.* Microbial community structure and dynamics during anaerobic digestion of various agricultural waste materials [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, 97: 5161 - 5174.
- [16] HUANG X F, MU T S, SHEN C M, *et al.* Effects of bio-surfactants combined with alkaline conditions on volatile fatty acid production and microbial community in the anaerobic fermentation of waste activated sludge [J]. International Biodeterioration and Biodegradation, 2016, 114: 24 - 30.
- [17] TANG Y Q, SHIGEMATSU T, MORIMURA S, *et al.* Microbial community analysis of mesophilic anaerobic protein degradation process using bovine serum albumin (BSA)-fed continuous cultivation [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2005, 99 (2): 150 - 164.
- [18] JANG H M, CHO H U, PARK S K, *et al.* Influence of thermophilic aerobic digestion as a sludge pre-treatment and solids retention time of mesophilic anaerobic digestion on the methane production, sludge digestion and microbial communities in a sequential digestion process [J]. Water Research, 2014, 48: 1 - 14.
- [19] SUN R, ZHOU A, JIA J, *et al.* Characterization of methane production and microbial community shifts during waste activated sludge degradation in microbial electrolysis cells [J]. Bioresource Technology, 2015, 175: 68 - 74.
- [20] 安鸿雪. 三聚氰胺和三聚氰酸对污水生物脱氮除磷和污泥厌氧消化产酸过程的影响及机理研究 [D]. 长沙: 湖南大学, 2018.
- AN Hongxue. The Effects and Mechanisms Study of Malemine and Cyanuric Acid in Biological Nitrogen and Phosphorus Removal and Activated Sludge Anaerobic Digestion Process [D]. Changsha: Hunan University, 2018 (in Chinese).
- [21] MASPOLIM Y, ZHOU Y, GUO C, *et al.* The effect of pH on solubilization of organic matter and microbial community structures in sludge fermentation [J]. Bioresource Technology, 2015, 190: 289 - 298.

作者简介: 范子奇 (1996 -), 男, 四川内江人, 硕士研究生, 研究方向为水环境污染治理技术。

E-mail: 792026201@qq.com

收稿日期: 2020 - 05 - 12

修回日期: 2020 - 06 - 21

(编辑: 刘贵春)