DOI: 10. 19853/j. zgjsps. 1000-4602. 2023. 21. 003

蚯蚓对城镇污泥堆肥过程稳定化路径的影响

雷旭阳¹, 张志华¹, 崔广宇², 刘艳娟³, 侯素霞¹, 李 博¹ (1. 河北科技工程职业技术大学 资源与环境工程系,河北 邢台 054000; 2. 北京大学深 圳研究生院 环境与能源学院,广东 深圳 518055; 3. 唐山学院 新材料与化学工程学院,河北 唐山 063000)

摘 要: 在20°C条件下,利用蚯蚓(Eisenia foetida)堆肥处理5 mm 粒径城镇污泥,通过考察宏观理化指标的变化,研究了蚯蚓对城镇污泥堆肥过程稳定化路径的影响,并采用PCR-DGGE技术探究了微生物种群结构的变化。理化指标结果显示,随着堆肥时间的延长,蚯蚓处理组和对照组的有机质(OM)、DOC、NH4*-N变化趋势基本一致。其中,OM均显著降低、DOC先升高后降低、NH4*-N均显著升高,对照组的NO3~-N含量始终维持在较低水平,蚯蚓处理组的NO3~-N含量在50 d后出现激增。堆肥结束时,蚯蚓处理组的OM、DOC显著低于对照组(p<0.05),NH4*-N和NO3~-N含量显著高于对照组(p<0.05)。主成分分析(PCA)结果表明:蚯蚓处理组和对照组稳定化过程均需依次经历有机质降解、溶解性有机碳积累、氨化和硝化为特征的反应历程。蚯蚓仅提高了城镇污泥的稳定化速率,但并未改变其稳定化路径。PCR-DGGE结果显示:堆肥结束时,蚯蚓处理组和对照组均以分解木质素、纤维素、几丁质等难降解有机质的微生物种群为主,并且蚯蚓增强了系统中被孢霉目(Mortierellales)微生物的相对丰度,能够削减堆肥产物中的植物致病菌。蚯蚓通过改变系统环境,进而促进系统微生物种群的更替,但并未颠覆系统的微生物种群结构。

关键词: 蚯蚓; 城镇污泥; 堆肥; 稳定化路径; PCR-DGGE 中图分类号: TU992 文献标识码: A 文章编号: 1000-4602(2023)21-0013-08

Effect of Earthworms on Stabilization Path of the Composting Process for Municipal Sludge

LEI Xu-yang¹, ZHANG Zhi-hua¹, CUI Guang-yu², LIU Yan-juan³, HOU Su-xia¹, LI Bo¹

(1. Department of Resource and Environmental Engineering, Hebei Vocational University of Technology and Engineering, Xingtai 054000, China; 2. School of Environment and Energy, Peking University Shenzhen Graduate School, Shenzhen 518055, China; 3. School of New Materials and Chemical Engineering, Tangshan University, Tangshan 063000, China)

Abstract: At 20 °C, *Eisenia foetida* was used to treat municipal sludge with a particle size of 5 mm. The influence of earthworms on the stabilization path of municipal sludge composting process was studied by examining the changes in physicochemical indicators, and the changes in microbial population

基金项目:河北省重点研发计划项目(22327312D);邢台市重点研发计划项目(2020ZC126);邢台市社会科学发展研究项目(XTSKFZ2023077)

通信作者: 雷旭阳 E-mail: daleishixiong@foxmail.com

structure were explored using PCR-DGGE technology. The results indicated that the change trend of both the earthworm treatment group and control group were essentially identical. As composting time increased, organic matter (OM) decreased significantly, dissolved organic carbon (DOC) initially increased and then decreased, NH₄*-N increased significantly, NO₃*-N in the control group remained low while it sharply rose after 50 days in the earthworm treatment group. At the end of composting, OM and DOC were considerably lower in the earthworm treatment group than those in the control group (p < 0.05), whereas NH_4^+-N and NO_3^--N were notably higher than those in the control group (p<0.05). Principal component analysis (PCA) revealed that both groups' stabilization process was characterized by degradation of organic matter, accumulation of DOC, ammonification and nitrification in order. Earthworms only accelerated municipal sludge's stabilization rate but did not alter its stabilization path. The results of PCR-DGGE analysis revealed that both the earthworm treatment group and the control group exhibited a dominance of microorganisms involved in lignin, cellulose, chitin, and other refractory organic matter at the end of composting. Additionally, there was an enhanced relative abundance of Mortierellales within the system which contributed to a reduction in plant pathogens present in the compost products. Earthworms facilitate changes in the environmental conditions promoting microbial population turnover without disrupting its overall structure.

Key words: earthworm; municipal sludge; composting; stabilization path; PCR-DGGE

随着我国城镇化水平的不断提高,城镇污泥产生量逐年增加。城镇污泥富含大量有机质、氮、磷、钾等营养元素,具有极高的资源化利用潜力和价值,因其具有"污染"和"资源"的双重属性,污泥无害化处置和资源化利用成为推动国家水污染防治领域减污降碳协同增效政策落实的重要一环。

蚯蚓堆肥利用蚯蚓和微生物的协同作用,将堆体中有机质进行分解转化,已被证实为一种绿色环保、简单经济的污泥资源化技术^[1]。一方面,蚯蚓利用吞食和肠道作用将有机质直接分解转化;另一方面,蚯蚓也能通过掘穴、排出粪便和分泌液的形式影响系统内微生物活性,进而促进有机质的分解转化^[2]。相关研究表明,蚯蚓堆肥对污泥中的重金属、抗生素抗性基因以及微塑料等多种污染物具有较好的去除效果^[3-6],其堆肥产物中含有农作物生长所需的氮、磷、钾营养元素,是一种极具农用潜力的有机肥。

前期的研究发现,在不同温度条件下,蚯蚓堆肥城镇污泥稳定化过程需依次经历有机质降解、氨化和硝化阶段^[7],但并未结合城镇污泥单独堆肥的稳定化过程展开分析。相关研究发现蚯蚓处理城镇污泥,能改变系统真核微生物种群结构,预示污泥的稳定化路径与蚯蚓堆肥可能存在差异^[8],该结

果与初始污泥性质和所选堆肥观察阶段有着重要关系。因此,通过考察城镇污泥稳定化过程中理化性质的变化探讨蚯蚓对污泥稳定化路径的影响,继而通过PCR-DGCE技术探究堆肥过程中16SrDNA和18SrDNA微生物种群的变化,这对于了解蚯蚓处理城镇污泥堆肥稳定化进程和机理具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 蚯蚓与污泥

实验用蚯蚓为实验室培养成熟带环带赤子爱胜蚓,每条质量为0.6~0.8g。实验用污泥取自邢台市污水处理厂污泥浓缩池,经造粒处理制成5mm污泥颗粒后进行蚯蚓堆肥,其理化指标见表1。

表 1 实验用污泥开始和结束时的理化指标
Tab.1 Physicochemical parameters of the initial substrate and the composting products

理化指标	初始污泥	60 d	
		对照组	蚯蚓处理组
рН	6.91±0.04	6.59±0.59	6.77±0.32
OM/%	72.83±0.06	52.61±1.47	49.68±0.68
$DOC/(g \cdot kg^{-1})$	16.32±0.04	13.85±1.20	12.47±0.65
EC/(μS·cm ⁻¹)	342.34±2.08	547.78±3.87	884.93±2.79
$\mathrm{NH_4}^+$ - $\mathrm{N/(g \cdot kg^{-1})}$	14.22±2.45	179.13±2.63	206.06±3.42
NO ₃ -N/(mg·kg ⁻¹)	19.16±0.99	4.71±1.23	219.91±2.63
$MBC/(g \cdot kg^{-1})$	112.14±11.21	8.51±2.34	10.48±1.13
$DHA/(mg \cdot g^{-1} \cdot h^{-1})$	26.36±0.46	0.69±0.06	0.49±0.03
含水率/%	76.63±0.02	74.58±0.34	78.32±0.21

1.2 实验方法

反应器为6个不锈钢盆,尺寸为36 cm×12 cm (直径×高)。向其中3个不锈钢盆投加4 kg的颗粒污泥和200条赤子爱胜蚓作为蚯蚓处理组,向另外3个不锈钢盆投加4 kg的颗粒污泥作为对照组。实验期间用塑料薄膜保湿、深色覆盖物避光,置于20℃恒温培养箱,每天人工翻动一次。整个堆肥过程为期60 d,每间隔10 d采样一次,一部分用于理化指标测定,一部分在冰箱中保存用于分子生物学实验。

1.3 理化指标的分析方法

氨氮:国家环境保护标准(HJ 634—2012),硝酸盐氮:土壤农化分析方法,有机质(OM):灼烧法,溶解性有机碳(DOC):土壤溶解性有机碳测定方法,微生物量碳(MBC):土壤微生物生物量碳测定法,脱氢酶活性(DHA):氯化三苯基四唑(TTC)还原法。

1.4 PCR-DGGE分析

取-20°C冰箱中保存的冷冻鲜样污泥,在室温条件下自然解冻后,依次进行污泥的 DNA 提取、PCR 扩增、变性梯度凝胶电泳及测序工作,最后将测序结果在 Geneious 4.0.4 软件上拼接,并在 NCBI数据库 BLAST 比对得到相近微生物。

1.5 数据处理

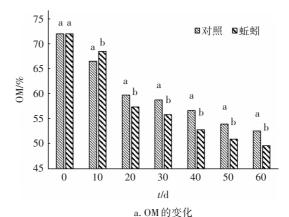
采用 SPSS 12.0 统计软件,对同一指标不同处理组进行差异显著性分析,处理组间差异显著性定义为 p<0.05;采用 Statistics 10.0 对所测指标进行主成分分析(PCA);采用 Quantity one 4.6.2 软件对DGGE 图谱进行处理,根据DGGE 图谱中条带差异性,得到微生物种群结构 Shannon-Wiener指数。

2 结果与分析

2.1 城镇污泥稳定化过程的有机质降解分析

有机质含量是反映堆肥系统稳定化进程的重要指标,溶解性有机碳作为微生物易利用有机碳,其含量变化可用于表征系统稳定化程度^[7]。整个堆肥过程中,蚯蚓处理组和对照组的 OM、DOC 随时间的变化如图 1 所示(同一时期的不同字母表示各处理组之间存在显著差异,即 p<0.05)。蚯蚓处理组和对照组的 OM、DOC 变化趋势基本一致,表明微生物对有机质分解转化起主要作用。堆肥结束时蚯蚓处理组的 OM、DOC 显著低于对照组(p<0.05),蚯蚓延长了系统食物链,增益了系统内微生物的代谢活性,加快了系统内有机质分解^[9],且蚯蚓自身的同

化作用也是促进系统有机质降低的重要原因。在整个堆肥过程中,蚯蚓处理组和对照组的 DOC 含量均先升高后降低,且蚯蚓处理组的增幅和降幅均显著高于对照组(p<0.05),堆肥前期系统中营养物质丰富,微生物量和活性均处于较为旺盛的状态,蚯蚓的肠道作用也促进了 DOC 的释放^[8]。堆肥中期,氮素矿化以微生物代谢产氨为主,而 DOC 的积累为后续硝化进程提供了有效碳源,致使蚯蚓处理组和对照组的 DOC 迅速降低。堆肥后期,系统内营养匮乏,微生物内源呼吸裂解死亡,蚯蚓和微生物需利用 DOC 维持自身代谢,致使蚯蚓处理组的 DOC 含量显著低于对照组(p<0.05)。



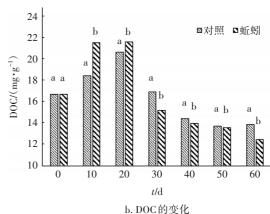


图1 OM、DOC随时间的变化

Fig.1 Changes of OM and DOC during vermicomposting process

2.2 城镇污泥稳定化过程氮素矿化分析

氮素矿化程度是反映系统矿化程度的重要指标。在堆肥前期,蚯蚓处理组和对照组的NH₄⁺-N含量均有小幅上升,堆肥后期两个系统内NH₄⁺-N均有大量积累(见图2),这可能是由于堆肥前期系统内营养丰裕,氨化过程是以微生物转氨基作用为主,

蚯蚓对氨化过程的增益作用并不显著。堆肥后期随着系统内营养物质匮乏,微生物量和活性降低,蚯蚓生物量达到峰值,蚯蚓代谢产氨作用凸显[10],使蚯蚓处理组的 NH_4^+ -N含量显著高于对照组(p<0.05)。

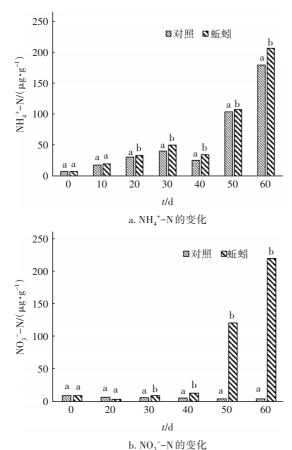


图 2 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 随时间的变化 Fig.2 Changes of NH₄⁺-N and NO₃⁻-N during vermicomposting process

在整个堆肥过程中,对照组的NO₃-N含量始终维持在较低水平,蚯蚓处理组的NO₃-N含量在堆肥前期较为稳定,在50~60 d时显著升高。通过比较50~60 d蚯蚓处理组和对照组的NH₄+-N含量可以发现,对照组硝化作用低迷的原因可能与系统内较差的富氧条件和pH变化有关。NH₄+-N含量高影响系统内pH水平,严重抑制硝化细菌代谢活性。蚯蚓的存在能够增强系统的酸碱缓冲容量,使系统pH维持在较适宜范围内[11],且堆肥后期蚯蚓密度高,蚯蚓掘穴作用增强了系统内的氧传递效率,致使硝化顺利进行。

2.3 城镇污泥稳定化过程的主成分分析

城镇污泥生物稳定技术的本质就是利用生物

的蠕动和吞食作用,协同微生物代谢,将有机物无机化的过程。堆肥系统中有机质含量的变化反映了堆肥系统的稳定化进程^[12],而DOC是系统中微生物新陈代谢的重要碳源,能反映系统的稳定化程度。NH₄+/NO₃-的变化表征了系统中氨化和硝化进程,从侧面也可反映出系统的矿化程度^[7]。微生物量(MBC)及其活性(DHA)主要反映系统中微生物代谢活性以及对有机质降解能力的强弱^[13]。

蚯蚓堆肥处理城镇污泥稳定化过程的主成分分析(PCA)结果见图 3(IS:初始污泥;V:蚯蚓处理组;C:对照组;数字:处理时间即天数)。第一主成分(PC1)与第二主成分(PC2)的累计方差贡献率为77.8%。第一主成分中 OM、MBC、DHA、NH4*/NO3载荷均在 0.75以上,表明第一主成分与有机物、氨化和硝化进程、微生物量及其活性有关。微生物量及其活性决定有机质的分解转化和氮素矿化效率,因此第一主成分的正方向表征为以微生物代谢为主的有机质分解转化和氨化进程,负方向则表征为复氮的硝化进程。第二主成分中 DOC 的载荷为0.92,反映系统中微生物易利用碳源的产生及利用情况,即系统的稳定化程度。因此第二主成分的正方向表征 DOC 处于蓄积,负方向表征 DOC 降解利用。

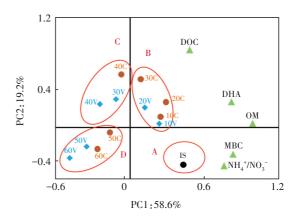


图 3 蚯蚓处理污泥稳定化的主成分分析

Fig.3 Principal component analysis of vermistabilization with pelletized dewatered sludge

由图3可知,随着堆肥时间的延长,蚯蚓处理组和对照组的稳定化路径保持一致,均需依次经历A、B、C、D四个阶段。其中0~10 d位于第四象限为A阶段,10~20 d位于第一象限为B阶段,30~40 d位于第二象限为C阶段,50~60 d位于第三象限为D阶段。将蚯蚓处理组和对照组分别在第一主成分轴

上进行投影,可以看出蚯蚓处理组的有机质降解效率及有机氮的矿化效率快于对照组约10 d,且A、B阶段的蚯蚓处理组与对照组均与第一主成分呈正相关关系,而C、D阶段均呈负相关关系,说明堆肥前期蚯蚓通过激发微生物活性以及自身代谢,系统以有机质分解和有机氮氨化为主;堆肥后期蚯蚓改善了系统的富氧条件,提高了硝化效率,这与前人研究基本一致[7]。

蚯蚓处理组和对照组在第二主成分轴上的投影显示,两个系统先与DOC呈负相关关系,再呈现正相关关系,最后呈负相关关系。A阶段显示初始污泥中DOC含量较少。系统中有机质不断分解,两个系统的DOC产生量均高于消耗量,使DOC在B阶段进行大量累积。C、D阶段,由于DOC为有机氮的氨化和硝化进程提供碳源,并且系统内有机质含量匮乏,导致DOC的消耗量大于产生量。堆肥末期DOC含量变小,表明系统趋于稳定,且蚯蚓处理组的稳定化程度显著优于对照组。A、B、C、D阶段在第二主成分轴上的投影与NH4+/NO3 先呈正相关关系,再逐渐转变为负相关关系,说明堆肥前期系统以氨化为主,后期则进行硝化。

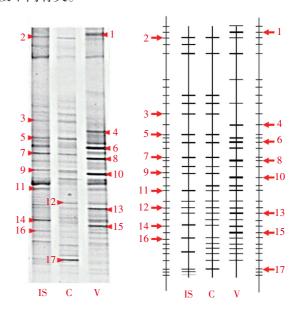
综上所述,城镇污泥堆肥需依次经历有机质转 化、溶解性有机碳积累、氨化及硝化等过程。蚯蚓 的存在并未改变堆肥的稳定化历程,仅是促进有机 质的降解和氮素矿化,提高了系统的稳定化程度。

2.4 微生物群落结构分析

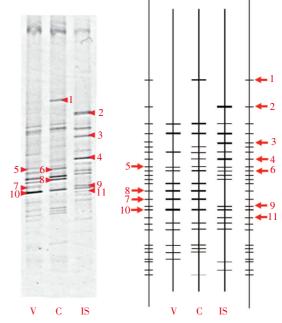
蚯蚓处理组和对照组的 16S rDNA 和 18S rDNA 的 DGGE 指纹图谱见图 4。 DGGE 图谱中的每个条 带代表一个微生物种群,条带的亮暗程度反映该种群的相对丰度。在 16S rDNA 指纹图谱中,对照组、蚯蚓处理组堆肥结束时的总条带数为 32条,其中共有条带为 17条,占总条带数的 53. 13%;在 18S rDNA 指纹图谱中,对照组、蚯蚓处理组堆肥结束时的总条带数为 19条,共有条带为 14条,占总条带数的 73. 68%。堆肥末期,蚯蚓处理组和对照组系统中重要优势微生物种群基本一致,且蚯蚓处理组的微生物条带亮度较强,表明蚯蚓能够显著提高系统内微生物种群的相对丰度。

堆肥结束时,蚯蚓处理组和对照组的 16S rDNA的 Shannon-Wiener 指数均低于初始污泥(分别为 2.968、2.773、3.054),并且蚯蚓处理组高于对照组;蚯蚓处理组和对照组的 18S rDNA的 Shannon-

Wiener 指数均高于初始污泥(分别为1.589、1.672、1.433),且蚯蚓处理组低于对照组。然而 Fu 等人在进行污泥蚯蚓堆肥时系统中细菌和真核微生物的种群结构却降低了^[14],这可能与堆肥基质和堆肥阶段不同有关。



a. 16S rDNA的DGGE图谱



b. 18S rDNA的 DGGE 图谱

图 4 16S rDNA 和 18S rDNA 的 DGGE 图谱

Fig.4 DGGE images of 16S rDNA and 18S rDNA

2.5 讨论

为了进一步研究蚯蚓对堆肥系统中特定微生物种群的影响,将16SrDNA和18SrDNA的DGGE

图谱中特异性条带进行测序,并在Gene Bank 数据 库进行比对,获得各序列的同源性信息。结果表 明,对于16S rDNA的DGGE图谱,条带1~17的相似 微生物分别为Flavobacteriales bacterium、Terrimonas sp. Solitalea canadensis Chitinophagaceae bacterium Sphingobacteriales bacterium, Bacterium, Lewinellac ohaerens, Uncultured bacterium, Uncultured bacterium, Uncultured bacterium, Flexibacter canadensis, Flavobacteriales bacterium, Dechloromonas sp., Thermomonas brevis, Candidatus Nitrospira defluvii, Candidatus Microthrix parvicella, Frateuria aurantia, 相似度分别为95%、96%、97%、99%、94%、88%、 93%, 99%, 99%, 100%, 84%, 86%, 97%, 99%, 99%, 97%、91%, 其中条带 1~12 归属于 Bacteroidetes, 条 带 13、14、17 为 Proteobacteria, 条带 15 为 Nitrospirae, 条带 16 为 Acidobacteria; 对于 18S rDNA 的 DGGE 图 谱,条带 1~11 的相似微生物分别为 Micronuclearia podoventralis Rhogostoma sp. Rhogostoma sp. Achlya bisexualis Micronuclearia podoventralis Mucor circinelloides f. circinelloides, Euglypha tuberculata, Anthracobia macrocystis, Taphrina virginica, Mortierella alpina, Pyxidiophora sp.,相似度依次为99%、99%、98%、 99%、99%、100%、100%、94%、90%、96%、99%,分别 隶属于 Apusozoa、Cercozoa、Cercozoa、Saprolegniales、 Apusozoa Mucorales Cercozoa Ascomycota Ascomycota Mortierellales Ascomycota

结合图 4(a)可知,条带 2、6、11、12、13、14、16共存于初始污泥、对照组和蚯蚓处理组,主要为拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形菌门(Proteobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria),分别具有硝化、反硝化和降解有机质的功能,表明蚯蚓通过改变系统环境,使基质性质发生变化,进而促进了微生物种群的更替,但并未彻底颠覆系统的微生物种群,系统中存在着非常复杂的生化反应。

条带 1、4、8、10、15 仅存在于蚯蚓处理组中,主要为拟杆菌门(Bacteroidetes)和硝化螺旋菌门(Nitrospirae)。条带 1 属黄杆菌目(Flavobacteriales bacterium),具有反硝化作用,可能存在于蚯蚓肠道,调节肠道中 N_2O 的排放^[15],Brito-Vega等也从蚯蚓肠道中分离出了该类细菌^[16]。条带 4 属噬几丁质菌科(Chitinophagaceae bacterium),具有较强的几丁质酶活性,能分解几丁质等难降解有机质。条带 15 属硝化螺旋菌门

(Nitrospirae),可促进硝化进程,这也解释了堆肥末期蚯蚓处理组硝化显著的现象。条带8和10均为拟杆菌门(Bacteroidetes),也是蚯蚓堆肥系统的主要细菌门类,对纤维素、几丁质等大分子有机物具有较强的分解能力[17]。以上菌群仅存在于蚯蚓处理组,表明该系统中有机质组成以难降解有机质为主,系统正在进行硝化进程[18]。

条带3、5、7、9、17在蚯蚓组产物中消失,其中条带3和5均属拟杆菌门,是一种鞘氨醇单胞菌,对芳香类化合物具有较强的代谢能力^[19]。条带7属拟杆菌门,是一种能够代谢淀粉类化合物的降解菌^[20]。条带9功能目前尚不明确,其消失可能是由于系统环境和蚯蚓的共同作用所致。条带17属变形菌门(Proteobacteria),可产生硫化氢恶臭气体。以上细菌均不存在于蚯蚓处理组,表明蚯蚓堆肥末期系统中芳香类化合物、淀粉类化合物已基本降解完全,蚯蚓堆肥可有效减少恶臭产生。

结合图4(b)可以看出,条带5、6、8、10共存于初 始污泥组、对照组和蚯蚓处理组,分别为无根虫门 (Apusozoa)、毛霉菌目(Mucorales)、子囊菌门 (Ascomycota)、被孢霉目(Mortierellales)。其中子囊 菌门微生物对木质素及纤维素等具有较强降解能 力[21]。毛霉菌目微生物能够分泌降解纤维素所需 的酶类,对于木质素和纤维素具有极强的降解作 用[22]。被孢霉目微生物能够分泌花生四烯酸,可有 效削减植物致病菌,表明堆肥产物中的植物致病菌 含量较低,存在较高的农用价值,Grantina-Ievina等 人的研究结果也证实了这一发现[23]。无根虫门属 于原生动物,目前对于其功能报道较少,然而其存 在于堆肥始末,表明该微生物对环境适应性强,蚯 蚓对其影响甚微,其新陈代谢势必会促进系统稳定 化进行。以上18S rDNA微生物在蚯蚓组中条带亮 度最强,表明该阶段的系统环境中营养结构利于该 种微生物生存,堆肥结束时营养物质以木质素、纤 维素等难降解有机质为主。条带7属丝足虫门 (Cercozoa),共存于蚯蚓组和对照组,条带9和11分 别为 Taphrina virginica 和 Pyxidiophora sp.,均属于 子囊菌门,在蚯蚓组和对照组消失,以上三种微生 物的出现或消失主要与系统环境有关,蚯蚓的存在 对其作用并不明显。条带1、2、3、4对应的微生物分 别为无根虫门(Apusozoa)、丝足虫门(Cercozoa)、丝 足虫门(Cercozoa)和水霉目(Saprolegniales)微生物,

均在蚯蚓处理组中消失,这可能与蚯蚓捕食真菌具有选择性^[24],以及系统中营养物质单一有关^[25],也有研究发现蚯蚓具有杀死植物致病菌的能力。

蚯蚓处理组微生物种群的存在与否,可能是由于特定的系统环境决定了特定的微生物种群,以及蚯蚓的吞食和蚯蚓代谢产物的抑菌作用所致。但蚯蚓堆肥过程极其复杂,导致微生物种群的出现或消失的根本原因,还需进一步研究。

3 结论

- ① 蚯蚓处理组和对照组稳定化过程均需依次经历有机质降解、溶解性有机碳积累、氨化和硝化为特征的反应历程。蚯蚓仅提高稳定化速率,并未改变稳定化路径。
- ② 蚯蚓加快了系统中营养结构的改变,促进了微生物种群的更替,但并未颠覆系统的微生物种群结构。堆肥结束时,蚯蚓处理组和对照组的微生物种群均以分解木质素、纤维素、几丁质等难降解有机质的微生物种群为主。
- ③ 蚯蚓能够增强被孢霉目(Mortierellales)微生物在系统中的相对丰度,削减堆肥产物中的植物致病菌,且系统中氮素矿化程度高、稳定性强,有效提高了堆肥产物的农业利用价值。

参考文献:

- [1] ALSHEHREI F, AMEEN F. Vermicomposting: a management tool to mitigate solid waste [J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2021, 28(6): 3284-3293.
- [2] AIRA M, OLCINA J, PÉREZ-LOSADA M, et al. Characterization of the bacterial communities of casts from Eisenia andrei fed with different substrates [J]. Applied Soil Ecology, 2016, 98: 103-111.
- [3] KHAN M B, CUI X, JILANI G, et al. Eisenia fetida and biochar synergistically alleviate the heavy metals content during valorization of biosolids via enhancing vermicompost quality [J]. Science of the Total Environment, 2019, 684: 597-609.
- [4] 孙玉珠,肖璠,邢美燕. 滤池蚯蚓活性物质对剩余污泥中病原菌的影响[J]. 中国给水排水,2023,39(11):83-90.
 - SUN Yuzhu, XIAO Fan, XING Meiyan. Effect of earthworm active substances in vermifiltration on pathogens in excess sludge [J]. China Water &

- Wastewater, 2023, 39 (11): 83-90(in Chinese).
- [5] CUI G Y, FU X Y, BHAT S A, et al. Temperature impacts fate of antibiotic resistance genes during vermicomposting of domestic excess activated sludge [J]. Environmental Research, 2022, 207; 112654.
- [6] CUIGY, LÜF, HUT, et al. Vermicomposting leads to more abundant microplastics in the municipal excess sludge[J]. Chemosphere, 2022, 307: 136042.
- [7] 陈学民, 雷旭阳, 伏小勇, 等. 温度对蚯蚓处理城镇 污泥稳定化过程的影响[J]. 环境科学学报, 2016, 36 (6): 2079-2084.
 - CHEN Xuemin, LEI Xuyang, FU Xiaoyong, et al. Effect of temperature on the stabilization process during vermicomposting of pelletized sludge [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2016, 36 (6): 2079–2084 (in Chinese).
- [8] 段自豪, 夏慧, 黄魁,等. 蚯蚓对污泥堆肥过程中活性真核微生物的影响[J]. 环境科学学报, 2023, 43 (4): 408-416.

 DUAN Zihao, XIA Hui, HUANG Kui, et al. Effects of earthworms on active eukaryotic microbial community during vermicomposting of dewatered sludge [J]. Acta
- (in Chinese).
 [9] 秦洁,伏小勇,陈学民,等.蚯蚓对城镇污泥堆肥过程中微型动物群落演替的影响[J].环境科学学报,2020,40(2):631-638.
 - QIN Jie, FU Xiaoyong, CHEN Xuemin, *et al*. Effects of earthworms on the microfauna community succession during vermicomposting [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, 40(2):631–638 (in Chinese).

Scientiae Circumstantiae, 2023, 43 (4): 408-416

- [10] 伏小勇,张高升,陈学民,等.城镇污泥蚯蚓堆肥硝 化进程及其影响因素[J]. 环境科学学报,2017,37 (8):3010-3015.
 - FU Xiaoyong, ZHANG Gaosheng, CHEN Xuemin, et al. Nitrification process and its influencing factors in vermicomposting of sewage sludge [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, 37 (8): 3010–3015 (in Chinese).
- [11] 陈学民,高承煜,伏小勇,等. 蚯蚓处理对城镇造粒污泥酸碱缓冲容量的影响[J]. 环境科学学报, 2016, 36(8): 2941-2946.
 - CHEN Xuemin, GAO Chengyu, FU Xiaoyong, et al. Impacts of earthworm on acidic and alkaline buffering capacity of pelletized dewatered sludge in vermicomposting [J]. Acta Scientiae Circumstantiae,

- 2016, 36(8): 2941-2946 (in Chinese).
- [12] LI G, ZHANG F, SUN Y, et al. Chemical evaluation of sewage sludge composting as a mature indicator for composting process[J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2001, 132; 333-345.
- [13] MONDINI C, SÁNCHEZ-MONEDERO M A, SINICCO T, et al. Evaluation of extracted organic carbon and microbial biomass as stability parameters in lignocellulosic waste composts [J]. Journal of Environmental Quality, 2006, 35(6): 2313-2320.
- [14] FU X, CUI G, HUANG K, et al. Earthworms facilitate the stabilization of pelletized dewatered sludge through shaping microbial biomass and activity and community [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2016, 23(5); 4522-4530.
- [15] HORN M A, DRAKE H L, SCHRAMM A. Nitrous oxide reductase genes (nosZ) of denitrifying microbial populations in soil and the earthworm gut are phylogenetically similar[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(2): 1019–1026.
- [16] BRITO-VEGA H, ESPINOSA-VICTORIA D. Bacterial diversity in the digestive tract of earthworms (Oligochaeta) [J]. Journal of Biological Sciences, 2009, 9(3): 192–199.
- [17] LI Q, WANG X C, ZHANG H H, et al. Characteristics of nitrogen transformation and microbial community in an aerobic composting reactor under two typical temperatures [J]. Bioresource technology, 2013, 137: 270-277.
- [18] 侯素霞,雷旭阳,张辉,等. 基于EEM与PCR-DGGE技术分析温度对蚯蚓堆肥处理城镇污泥的影响[J]. 生态环境学报,2021,30(5):1060-1068.
 HOU Suxia, LEI Xuyang, ZHANG Hui, et al. Analysis of the effect of temperature on vermicomposting of municipal sludge based on EEM and PCR-DGGE[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2021, 30 (5): 1060-1068 (in Chinese).
- [19] LIU J, LU Z, YANG J, et al. Effect of earthworms on

- the performance and microbial communities of excess sludge treatment process in vermifilter [J]. Bioresource Technology, 2012, 117: 214–221.
- [20] KHAN S T, FUKUNAGA Y, NAKAGAWA Y, et al.
 Emended descriptions of the genus Lewinella and of
 Lewinella cohaerens, Lewinella nigricans and Lewinella
 persica, and description of Lewinella lutea sp. nov. and
 Lewinella marina sp. nov [J]. International Journal of
 Systematic and Evolutionary Microbiology, 2007, 57
 (12): 2946-2951.
- [21] BALDRIAN P, VALÁŠKOVÁ V. Degradation of cellulose by basidiomycetous fungi [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2008, 32(3): 501-521.
- [22] ZAMANI K A. Mucor indicus: biology and industrial application perspectives: a review [J]. Biotechnology Advances, 2013, 31(4): 466-481.
- [23] GRANTINA-IEVINA L, ANDERSONE U, BERKOLDE-PIRE D, et al. Critical tests for determination of microbiological quality and biological activity in commercial vermicompost samples of different origins [J]. Applied Microbiology & Biotechnology, 2013, 97(24):10541-10554.
- [24] FERNÁNDEZ-GÓMEZ M J, NOGALES R, INSAM H, et al. Continuous-feeding vermicomposting as a recycling management method to revalue tomato-fruit wastes from greenhouse crops [J]. Waste Management, 2010, 30(12): 2461-2468.
- [25] GÓMEZ-BRANDÓN M, AIRA M, LORES M, et al. Epigeic earthworms exert a bottleneck effect on microbial communities through gut associated processes [J]. PLoS One, 2011, 6(9): e24786.

作者简介:雷旭阳(1989-),男,河北邢台人,硕士,讲师,主要研究方向为水污染控制与污泥资源化。

E-mail: daleishixiong@foxmail.com

收稿日期:2023-07-24 修回日期:2023-08-10

(编辑:李德强)