

污泥产短链脂肪酸微生物的研究进展^{*}

傅 翔 戴翎翎 张 栋 戴晓虎

(同济大学 污染控制与资源化研究国家重点实验室, 上海 200092)

摘要: 厌氧消化系统微生物是生物降解有机物工艺的核心。系统综述了厌氧消化产短链脂肪酸的微生物种类及其种类间的代谢关系, 重点阐述了污泥中基质、温度、pH 值、碳氮比和污泥停留时间等因素对污泥厌氧消化产短链脂肪酸微生物的生物多样性、优势种群及产物的影响, 介绍了促进污泥厌氧发酵产短链脂肪酸微生物活性的研究进展, 展望了通过调控主要影响因素实现对厌氧消化系统微生物优势种群的控制。

关键词: 污泥; 厌氧消化; 短链脂肪酸; 微生物学特性; 影响因素

DOI: 10. 13205 /j. hjgc. 201505002

RESEARCH PROGRESS OF MICROORGANISMS RELATED TO SHORT-CHAIN FATTY ACIDS PRODUCTION FROM SLUDGE

Fu Xiang Dai Lingling Zhang Dong Dai Xiaohu

(State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, Tongji University,
Shanghai 200092, China)

Abstract: Microorganism plays an important role on all bio-degradation processes of organic matters. The paper illustrated the microbial species related to the generation of short-chain fatty acids (SCFAs) during the anaerobic digestion (AD) process and the relationship among these different microbes systematically, and discussed the influences of impact factors, i. e., sludge substrate, temperature, pH, carbon to nitrogen ratio and sludge retention time, on the biodiversity of acid-producing microbes, predominant microbial species and the production of the microorganisms. Meanwhile, the studies on the evolution of the different strategies to enhance the microbial activities of SCFA generation were introduced. Finally, in order to select the dominant microbial species related to SCFA generation during the sludge anaerobic digestion process, different strategies to regulate the impact factors were also investigated.

Keywords: sludge; anaerobic digestion(AD) ; short-chain fatty acids(SCFAs) ; microbial characteristics; impact factors

0 引 言

截止 2013 年,我国县级以上污水处理厂已达 3 500 多座^[1], 伴随产生了大量的剩余污泥, 全国污泥总产生量达 3 000 万 t(以含水率 80% 计), 预计到 2020 年污泥产量会达到 6 000 万 t。由于污泥中含大量有机物质, 污泥的资源化、资源化利用受到研究者的广泛重视。以美国为例, 其年产污泥量 3 500 万 t(以 80% 含水率计), 污泥最终 60% 用于农用、3% 用于生态修复、17% 用于填埋以及 20% 用于焚烧^[2]。在厌氧消化反应器中, 有较丰富的微生物菌群降解有

机废物, 可以获得生物沼气和一些其他富含能量的有机化合物。因为在厌氧消化系统中所有的有机物都需要经过微生物分解, 所以厌氧消化系统微生物的多样性以及微生物群落的动态稳定性可显著影响厌氧生物系统稳定运行。然而, 在实际设计厌氧反应器时工程师一般并不依据厌氧消化系统及微生物的需求而是凭经验参数进行设计。通过对污泥厌氧消化系统及微生物的研究可以进一步加深对污泥等有机固废厌氧消化机理的认识, 并且据此控制厌氧消化微生物的生存环境来提高厌氧消化反应器的效率^[3]。随着核酸系统发育法(主要是 16S rRNA 基因序列分析) 以及指纹图谱技术的应用, 研究者们对微生物群落结构和群落动态变化进行了广泛、深入的研究^[4]。

^{*} 国家自然科学基金(51408419); 国家高技术研究发展计划(863 计划)(2012AA063502); 中国博士后基金项目(2012M510889)。

收稿日期: 2014 - 08 - 28

厌氧消化过程产生的短链脂肪酸既能作为底物生产沼气等清洁能源,又能作为生物脱氮除磷的有机碳源,目前研究者多应用先进的分子生物学分析方法对污泥厌氧消化过程产短链脂肪酸进行深入研究,揭示出污泥厌氧消化产短链脂肪酸机理和污泥产短链脂肪酸的途径。本文综述了污泥厌氧消化系统产短链脂肪酸微生物的生态群落,分析了影响污泥厌氧消化产短链脂肪酸微生物的因素,并提出展望。

1 厌氧消化的产短链脂肪酸微生物

厌氧消化通过 3 个连续阶段完成:水解、酸化和产甲烷,各种微生物通过各自的代谢过程将有机物最终转化为 CH_4 、 H_2O 等产物。污泥厌氧消化系统有多种微生物存在,主要有细菌、真菌、甲烷细菌、甲烷杆菌、热原体等,污泥系统中产酸微生物种类丰富^[5-13],按照厌氧消化过程不同产酸阶段划分,可将产酸微生物划分为水解发酵细菌、产氢产乙酸菌以及同型产乙酸菌。

1.1 水解发酵细菌

厌氧消化过程中解聚合-水解作用通常是厌氧消化过程的限速步骤^[14],其中水解菌包括严格厌氧的拟杆菌(*Bacteroides*)、梭菌(*Clostridium*)及兼性厌氧的真杆菌(*Eubacterium*)等,而产酸发酵细菌则是产酸速率较高的产芽孢细菌,如梭菌科(*Clostridiaceae*)、链球菌科(*Streptococcaceae*)、芽孢乳杆菌科(*Sporolactobacillaceae*)、毛螺菌科(*Lachnospiraceae*)等。厌氧消化系统水解发酵细菌按功能可划分为纤维素分解菌、半纤维素分解菌、淀粉分解菌、蛋白质分解菌和脂肪分解菌等^[17-20]。

1.2 产氢产乙酸菌

产氢产乙酸菌属于严格厌氧菌或兼性厌氧菌,其营养代谢方式主要为专性互营,少部分为兼性互营,在厌氧消化系统中产氢产乙酸菌与产甲烷菌、硫酸盐还原菌相互共生。产氢产乙酸菌根据降解底物不同可分为:降解丙酸盐的产氢产乙酸菌、降解丁酸盐的产氢产乙酸菌和降解乙醇的产氢产乙酸菌 3 种类型。其中丙酸降解菌主要有 *Syntrophobacter fumaroxidans* 和 *Pelotomaculum thermopropionicum* 2 种^[21-22],丁酸降解菌主要有 *Syntrophomonas wolfei* 和 *Syntrophus aciditrophicus* 2 种^[23-24]。产氢产乙酸反应如表 1^[25]所示,从热力学分析,这些反应需要在乙酸浓度及系统氢分压较低时才能够顺利进行,因此厌氧消化系统产氢产乙酸反应的持续进行通常需要将

2 种中间产物乙酸和 H_2 消耗并转化为甲烷^[24]。此外,较复杂的有机底物(如污泥)厌氧消化系统中 30% 的电子传递与丙酸降解过程有关,因此在污泥厌氧消化系统中,相较于其他有机酸更加需要重视丙酸的降解^[27]。

表 1 标准状态下纯菌种的产氢产乙酸反应及其自由能变化
Table 1 Pure strains producing hydrogen and acetic acid reaction and free energy change under standard state

反应式	$\Delta G^0/\text{kJ}$
丙酸→乙酸: $\text{CH}_3\text{CH}_2\text{COO}^- + 3\text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{CH}_3\text{COO}^- + \text{H}^+ + \text{HCO}_3^- + 3\text{H}_2$	+76.1
丁酸→乙酸: $\text{CH}_3\text{CH}_2\text{CH}_2\text{COO}^- + 2\text{H}_2\text{O} \rightarrow 2\text{CH}_3\text{COO}^- + \text{H}^+ + 2\text{H}_2$	+48.1
乙醇→乙酸: $\text{CH}_3\text{CH}_2\text{OH} + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{CH}_3\text{COO}^- + \text{H}^+ + 2\text{H}_2$	+9.6

1.3 同型产乙酸菌

同型产乙酸过程的化学计量表达式为 $4\text{H}_2 + 2\text{CO}_2 \rightarrow \text{CH}_3\text{COOH} + 2\text{H}_2\text{O}$,在厌氧条件下同型产乙酸菌是一类混合营养型厌氧细菌,既能利用有机质产乙酸也能利用氢和 CO_2 产乙酸,且同型产乙酸菌在合成乙酸时常与反应体系中其他微生物竞争氢气。同型产乙酸菌通常在较低温度条件下存在,因为其比嗜氢产甲烷菌等微生物更适应在低温条件下生存^[28]。同型产乙酸菌在厌氧产酸过程具有特殊作用,其在消耗氢的同时产乙酸,且氢分压高时作用增强、氢分压低时作用减弱,研究者需要对厌氧消化产酸过程同型产乙酸菌的作用机理进一步深入研究^[28-30]。

1.4 厌氧消化微生物生态群落

厌氧消化微生物生态系统是多菌群协同代谢的过程,水解发酵菌、产氢产乙酸、同型产乙酸与产甲烷菌相互作用并辅以各种物/化/生因子协同作用,厌氧消化微生物生态群落呈现出动态平衡,各种细菌相互依存互相竞争^[31]。Wang J 等^[32]对于其中产氢产乙酸和同型产乙酸菌的营养关系进行研究,发现强化产氢产乙酸可促进同型产乙酸菌反应,同时同型产乙酸菌又能拉动产氢产乙酸反应,其协同作用体现在 2 种细菌各自反应的热力学吉布斯能改变上,产氢产乙酸菌反应使得 H_2 分压和乙酸浓度提升,此时同型产乙酸菌反应的吉布斯自由能降低,促进了同型产乙酸菌的反应,导致 H_2 分压的下降反而解除了产氢产乙酸的热力学限制,得以继续促进产氢产乙酸反应。产短链脂肪酸菌群和产甲烷菌群在系统结构类型、底物类型、营养代谢类型、生理类型、对 pH 值的要求、微生物生长率以及对环境变化的适应性等方面都存在显著差异^[33],同时厌氧消化产甲烷菌属于古菌类(严格

厌氧菌),而厌氧消化产短链脂肪酸微生物既有严格厌氧菌也有兼性厌氧菌,研究者发现兼性厌氧菌可消耗环境氧气为严格厌氧菌提供适宜的厌氧环境且增加种群多样性,但是对兼性厌氧菌和严格厌氧菌之间的种群关系有待深入研究。

2 主要限制因素及其调控

影响污泥厌氧消化系统产短链脂肪酸微生物的优势种群、产酸速率以及产物组成的因子主要有基质/碳源、碳氮比、温度、pH 值及停留时间等,下面介绍几种主要的限制因子及其调控机理。

2.1 基质/碳源

基质的种类、可降解性和复杂性对厌氧消化速率有较显著的影响^[34],不同类型的碳源能够生长不同的产短链脂肪酸微生物群落,因此厌氧消化污泥的组成成分决定了其消化产物的类别。多糖特别是纤维素类是生物质主要的储能化合物,其中多糖水解是关键酶作用过程,它影响了厌氧生物反应过程的微生物群落,如以纤维素为主的消化液中有蜡状芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)、巨大芽孢杆菌(*Bacillus megaterium*)、产粪产碱杆菌(*Alcaligenes faecalis*)、普通变形菌(*Proteus vulgaris*)、铜绿色假单胞菌(*P. aeruginosa*)和溶纤维丁酸弧菌(*Butyrivibrio fibrisolvens*)等^[35]。Lynd 等^[36]研究了微生物利用纤维素的代谢途径,发现与好氧微生物相比多数厌氧纤维素分解菌能够进化出复合多酶类纤维小体^[37],但这些微生物降解纤维素的机理尚不清楚。以蛋白质为主的消化液中主要有蜡状芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)、环状芽孢杆菌(*Bacillus*)、球状芽孢杆菌(*Spherical bacillus*)、枯草芽孢杆菌(*Brevibacterium*)、大肠杆菌(*Escherichia coli*)、副大肠杆菌(*Vice coli*)以及假单胞杆菌(*Pseudomonas*)等^[38],蛋白质的发酵代谢途径为在胞外酶的作用下水解成氨基酸(蛋白质→肽→胺→肽→氨基酸),而氨基酸发酵的最终产物主要是乙酸、丙酸、氨、CO₂和 H₂。由于污泥厌氧消化系统中的解聚合-水解作用是污泥厌氧消化的限速步骤,因此研究人员有必要应用各种物/化/生预处理方法(如热预处理、超声波预处理、微波预处理、机械预处理、臭氧预处理、碱预处理、酶预处理等^[38-39])提高污泥水解速率,从而提高产短链脂肪酸微生物活性及厌氧消化系统产沼气率。

2.2 碳氮比

碳氮比是厌氧消化系统微生物细胞合成、生长及

代谢的重要影响指标,能够影响污泥厌氧消化系统的代谢及微生物的生长。适宜的碳氮比可以提高污泥厌氧消化产短链脂肪酸量,且在此过程中厌氧微生物能够更彻底地降解蛋白质和多糖等有机物,同时可激活厌氧消化过程中的关键酶,为厌氧消化系统产短链脂肪酸相关微生物提供较适宜的生长代谢环境^[40-41]。目前的研究发现以不同的厌氧共消化底物能够得到不同的优势菌属,其产生的短链脂肪酸组成成分也不同,今后研究者们可以此来提高污泥等混合有机底物厌氧消化短链脂肪酸产量,从而提高后续沼气产量或作污水脱氮除磷的优质碳源。

2.3 温度

过高或过低的环境温度均会影响污泥厌氧消化产短链脂肪酸微生物,如较低的环境温度可减缓厌氧消化产短链脂肪酸微生物的新陈代谢过程,而过高的环境温度(如超过 65℃)会使厌氧消化产短链脂肪酸微生物的胞外水解酶(如蛋白类酶)发生变性。Zhang 等^[42]通过对中温和高温厌氧消化微生物种群多样性分析发现,在高温消化(pH=8),中温消化(pH=9),室温消化(pH=10)3种条件下厚壁菌门(*Firmicutes*)中的梭状芽孢杆菌(*Clostridia*)都为优势菌属,分别占总细菌的89.6%、77.6%和75.8%;高温厌氧消化过程主要产酸微生物菌属仅为梭状芽孢杆菌(*Clostridia*)和 α 变形菌(*α -proteobacteria*),其产短链脂肪酸菌的种类远少于中温厌氧消化。不同的厌氧消化环境温度能够显著影响厌氧消化系统产短链脂肪酸微生物种群分布,而目前研究者们对温度影响污泥等有机固废厌氧消化产短链脂肪酸的代谢过程及其微生物种群生态演替的研究还不够充分,今后研究者们可以通过现代分子生物学技术检测分析不同厌氧消化底物,联合不同厌氧消化温度对厌氧消化系统产短链脂肪酸的代谢过程及微生物种群分布等进行深入研究。

2.4 pH 值

pH 值可以影响厌氧消化系统微生物的细胞膜电荷变化、营养物质的吸收和代谢过程相关酶活性。Zheng 等^[43]研究发现在相同剩余污泥厌氧消化条件下,控制 pH=10 的反应器中短链脂肪酸产量较之不调节 pH 值的反应器高 5 倍多,且通过高通量测序及荧光原位杂交(FISH)实验发现 pH=10 反应器中假单胞杆菌(*Pseudomonas*(67%))和产碱杆菌(*Alcaligenes*(12%))为厌氧消化系统的优势菌属,同

时发现控制 $\text{pH} = 10$ 反应器中的产酸菌如梭状芽孢杆菌 (*Clostridium*) 也较不调节 pH 值的对照反应器多, 这表明厌氧消化系统控制碱性发酵条件较利于优势产短链脂肪酸菌群生长。不同厌氧消化系统的 pH 值能够显著影响厌氧消化产短链脂肪酸效率及厌氧消化系统微生物的种群分布, 且研究发现不同的厌氧消化底物可能需要控制相应的厌氧消化 pH 值, 使厌氧消化系统及微生物环境达到最优, 目前对于相关方向的研究还比较欠缺。今后研究者们可以着重研究针对不同厌氧消化底物发酵适宜的 pH 值, 从而促进发酵底物中难降解有机物的降解, 并筛选出不同 pH 值条件下的优势产短链脂肪酸菌属, 找到厌氧消化微生物生态种群演替的规律, 从而促进厌氧消化产短链脂肪酸、产沼气的效率。

2.5 停留时间

厌氧消化系统微生物的世代时间是表征厌氧消化微生物生命活动的重要指标, 而污泥停留时间可表征微生物与污泥的接触时间, 在无回流的厌氧消化反应器中其水力停留时间等于污泥停留时间, 工程上一般要求污泥停留时间要长于微生物世代时间, 否则微生物的数量会随时间而减少。厌氧消化系统产短链脂肪酸微生物的世代时间较之产甲烷菌短很多, 因此可以通过控制厌氧消化系统污泥停留时间来抑制产甲烷菌的过度生长与繁殖, 从而提高厌氧消化系统的短链脂肪酸产量。相关研究表明适宜的污泥停留时间也会受到其他环境因素(如温度、 pH 值等)的协同影响, 如 Yuan 等^[4] 研究发现控制剩余污泥厌氧消化系统碱性条件其污泥最优的产短链脂肪酸停留时间为 8 d, 可见厌氧消化系统的多种影响因素能够协同影响污泥等有机物厌氧消化产短链脂肪酸、产沼气效率及其厌氧消化系统中的微生物生态种群。然而, 研究者们对污泥等有机物的停留时间影响厌氧消化系统产短链脂肪酸、产沼气及其厌氧消化系统的微生物种群演替规律的研究较少, 今后研究者们可以通过对不同因素协同影响厌氧消化系统的研究, 从而找出基质、碳氮比、温度、 pH 值、停留时间等因素协同影响厌氧消化系统的微生物种群分布规律。

3 结 语

本文综述了各种厌氧消化系统环境生态因子(如基质、碳氮比、温度、 pH 值、停留时间等)对剩余污泥等有机物产短链脂肪酸微生物群落的影响, 揭示了厌氧消化系统产短链脂肪酸微生物种群的演替变

化, 发现这些因素均能影响厌氧消化系统效率及厌氧消化系统的微生物种群分布, 通过调控这些厌氧消化系统环境因子能够优化污泥等有机物厌氧消化产短链脂肪酸过程中的优势菌属, 如梭状芽孢杆菌 (*Clostridia*)、拟杆菌 (*Bacteroidetes*) 等微生物菌属分布。今后研究者们应该通过研究厌氧消化微生物生态群落演替规律, 发现各种厌氧消化系统环境生态因子, 如基质、碳氮比、温度、 pH 值、停留时间等因素协同影响厌氧消化系统的微生物种群分布规律, 提出调控厌氧消化系统产短链脂肪酸、产甲烷及微生物活性的综合影响条件。

参考文献

- [1] 曲久辉, 王凯军, 王洪臣, 等. 建设面向未来的中国污水处理概念厂 [N]. 中国环境报, 2014-01-07.
- [2] 戴晓虎. 我国城市污泥处理处置现状及机遇 [J]. 建设科技, 2011 (19): 55-59.
- [3] Briones A, Raskin L. Diversity and dynamics of microbial communities in engineered environments and their implications for process stability [J]. Current Opinion in Biotechnology, 2003, 14 (3): 270-276.
- [4] Manyi-Loh C E, Mamphweli S N, Meyer E L, et al. Microbial anaerobic digestion (bio-digesters) as an approach to the decontamination of animal wastes in pollution control and the generation of renewable energy [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2013, 10 (9): 4390-4417.
- [5] Tsurumi R, Takeda K, Tonouchi A. Characteristics and propionate production of propionibacterium isolated from a methane fermentation digester [J]. Microbes and Environments, 2000, 15 (3): 151-159.
- [6] Murray W D, Sowden L C, Colvin J R. Bacteroides cellulosolvens sp. nov., a cellulolytic species from sewage sludge [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1984, 34 (2): 185-187.
- [7] Ueno Y, Haruta S, Ishii M, et al. Changes in product formation and bacterial community by dilution rate on carbohydrate fermentation by methanogenic microflora in continuous flow stirred tank reactor [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2001, 57 (1/2): 65-73.
- [8] Tarlera S, Muxí L, Soubes M, et al. Caloramator proteoclasticus sp. nov., a new moderately thermophilic anaerobic proteolytic bacterium [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1997, 47 (3): 651-656.
- [9] Sousa D Z, Pereira M A, Smidt H, et al. Molecular assessment of complex microbial communities degrading long chain fatty acids in methanogenic bioreactors [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, 60 (2): 252-265.

- [10] Baena S, Fardeau M L, Labat M, et al. *Aminobacterium mobile* sp. nov., a new anaerobic amino-acid-degrading bacterium [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2000, 50(1): 259-264.
- [11] Friedrich M, Springer N, Ludwig W, et al. Phylogenetic positions of *Desulfotomaculum glycolicum* gen. nov., sp. nov. and *Syntrophobacterium glycolicum* gen. nov., sp. nov., two new strict anaerobes growing with glycolic acid [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1996, 46(4): 1065-1069.
- [12] Goberna M, Insam H, Franke-Whittle I H. Effect of biowaste sludge maturation on the diversity of thermophilic bacteria and archaea in an anaerobic reactor [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(8): 2566-2572.
- [13] Balk M, Weijma J, Friedrich M W, et al. Methanol utilization by a novel thermophilic homoacetogenic bacterium, *Moorella mulderi* sp. nov., isolated from a bioreactor [J]. Archives of Microbiology, 2003, 179(5): 315-320.
- [14] Vinnerös B, Schöning C, Nordin A. Identification of the microbiological community in biogas systems and evaluation of microbial risks from gas usage [J]. Science of the Total Environment, 2006, 367(2): 606-615.
- [15] McMahon K D, Stroot P G, Mackie R I, et al. Anaerobic codigestion of municipal solid waste and biosolids under various mixing conditions-II: Microbial population dynamics [J]. Water Research, 2001, 35(7): 1817-1827.
- [16] Schwarz W H. The cellulosome and cellulose degradation by anaerobic bacteria [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2001, 56: 634-649.
- [17] Lay J J. Modeling and optimization of anaerobic digested sludge converting starch to hydrogen [J]. Biotechnology and Bioengineering, 2000, 68 (3): 269-278.
- [18] Logan B E, Oh S E, Kim I S, et al. Biological hydrogen production measured in batch anaerobic respirometers [J]. Environmental Science & Technology, 2002, 36 (11): 2530-2535.
- [19] Lay J J, Fan K S. Influence of chemical nature of organic wastes on their conversion to hydrogen by heat-shock digested sludge [J]. International Journal of Hydrogen Energy, 2003, 28 (12): 1361-1367.
- [20] Khanal S K. Anaerobic Biotechnology for Bioenergy Production [M]. Iowa: Wiley-Blackwell, 2008: 179.
- [21] Harmsen H J M, Van Kijik B L M, Plugge C M, et al. A syntrophic propionate-degrading sulfate-reducing bacterium [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1998, 48 (4): 1383-1387.
- [22] Imachi H, Sekiguchi Y, Kamagata Y, et al. An anaerobic, thermophilic, syntrophic propionate-oxidizing bacterium [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2002, 52 (5): 1729-1735.
- [23] McInerney M J, Bryant M P, Hespell R B, et al. An anaerobic, syntrophic, fatty acid-oxidizing bacterium [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1981, 41 (4): 1029-1039.
- [24] Jackson B E, Bhupathiraju V K, Tanner R S, et al. A new anaerobic bacterium that degrades fatty acids and benzoate in syntrophic association with hydrogen-using microorganisms [J]. Archives of Microbiology, 1999, 171 (2): 107-114.
- [25] Dolfing J. Biology of Anaerobic Microorganisms [M]. New York: Wiley, 1988: 417-468.
- [26] McInerney M J, Sieber J R, Gunsalus R P. Syntrophy in anaerobic global carbon cycles [J]. Current Opinion in Biotechnology, 2009, 20 (6): 623-632.
- [27] McCarty P L, Smith D P. Anaerobic wastewater treatment [J]. Environmental Science & Technology, 1986, 20 (12): 1200-1206.
- [28] Drake H L, Küsel K, Matthies C. Ecological consequences of the phylogenetic and physiological diversities of acetogens [J]. Antonie van Leeuwenhoek Journal of Microbiology, 2002, 81 (1/4): 203-213.
- [29] 王星, 赵天涛, 赵由才. 污泥生物处理技术 [M]. 北京: 冶金工业出版社, 2010.
- [30] Drake H L, Küsel K. How the diverse physiologic potentials of acetogens determine their in situ realities [J]. In Biochemistry and Physiology of Anaerobic Bacteria, 2003: 171-190.
- [31] 任南琪, 王爱杰, 马放. 产酸发酵微生物生理生态学 [M]. 北京: 科学出版社, 2005: 75-76, 120-121.
- [32] Wang J, Liu H, Fu B, et al. Trophic link between syntrophic acetogens and homoacetogens during the anaerobic acidogenic fermentation of sewage sludge [J]. Biochemical Engineering Journal, 2013, 70: 1-8.
- [33] Pervin H M, Batstone D J, Bond P L. Previously unclassified bacteria dominate during thermophilic and mesophilic anaerobic pre-treatment of primary sludge [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2013, 36 (4): 281-290.
- [34] Zhao Y G, Wang A J, Ren N Q. Effect of carbon sources on sulfidogenic bacterial communities during the starting-up of acidogenic sulfate-reducing bioreactors [J]. Bioresource Technology, 2010, 101 (9): 2952-2959.
- [35] 李东伟, 尹光志. 废水厌氧生物处理技术原理及应用 [M]. 重庆: 重庆大学出版社, 2006: 11.
- [36] Lynd L R, Weimer P J, van Zyl W H, et al. Microbial cellulose utilization: Fundamentals and biotechnology [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2002, 66 (3): 506-577.
- [37] Schwarz W. The cellulosome and cellulose degradation by anaerobic bacteria [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2001, 56 (5/6): 634-649.
- [38] 贾舒婷, 张栋, 赵建夫, 等. 不同预处理方法促进初沉/剩余污泥厌氧发酵产沼气研究进展 [J]. 化工进展, 2013, 32 (1): 193-198.
- [39] 王艳杰, 严媛媛, 郭迎庆. 微波强化预处理促进低有机质污泥厌氧消化 [J]. 环境工程, 2014, 32(3): 92-95.

(下转第 53 页)

参考文献

- [1] 田凤蓉, 张彬彬, 杨志林, 等. 高效脱氮除臭异养硝化菌的筛选鉴定及脱氮性能研究 [J]. 环境工程, 2014, 32(5): 64-68.
- [2] 苏俊峰, 黄文斌, 马放, 等. 异养硝化细菌处理氨氮废水及影响因素研究 [J]. 生态环境学报, 2012, 21(9): 1599-1603.
- [3] 张培玉, 曲洋, 于德爽, 等. 菌株 qy37 的异养硝化/好氧反硝化机制比较及氨氮加速降解特性研究 [J]. 环境科学, 2010, 31(8): 1819-1826.
- [4] 刘润, 安立超. 絮状活性污泥颗粒化处理高氨氮废水的研究 [J]. 环境工程, 2014, 32(9): 40-44.
- [5] Kathiravan V, Krishnani K K. *Pseudomonas aeruginosa* and *Achromobacter* sp.: Nitrifying aerobic denitrifiers have a plasmid encoding for denitrifying functional genes [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2014, 30(4): 1187-1198.
- [6] Yang X P, Wang S M, Zhang D W, et al. Isolation and nitrogen removal characteristics of an aerobic heterotrophic nitrifying-denitrifying bacterium, *Bacillus subtilis* A1 [J]. Bioresource Technology, 2011, 102(2): 854-862.
- [7] 何霞, 吕剑, 何义亮, 等. 异养硝化机理的研究进展 [J]. 微生物学报, 2006, 46(5): 844-847.
- [8] Doxtader K G, Alexander M. Nitrification by heterotrophic soil microorganisms [J]. Soil Science Society of America, 1966(30): 351-355.
- [9] Chen P, Li J, Li Q X, et al. Simultaneous heterotrophic nitrification and aerobic denitrification by bacterium *Rhodococcus* sp. CPZ24 [J]. Bioresource Technology, 2012, 116: 266-270.
- [10] Velusamy K, Krishnani K K. Heterotrophic nitrifying and oxygen tolerant denitrifying bacteria from greenwater system of coastal aquaculture [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2013, 169(6): 1978-1992.
- [11] 潘丹, 黄巧云, 陈雯莉. 两株异养硝化细菌的分离鉴定及其脱氮特性 [J]. 微生物学报, 2011, 51(10): 1382-1389.
- [12] 曾庆梅, 司文攻, 李志强, 等. 一株高效异养硝化菌的选育、鉴定及其硝化条件 [J]. 微生物学报, 2010, 50(6): 803-810.
- [13] Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. Mol Biol Evol, 2011, 28(10): 2731-2739.
- [14] Papen H, von Berg R, Hinkel I, et al. Heterotrophic nitrification by *Alcaligenes faecalis*: NO_2^- , NO_3^- , N_2O , and NO production in exponentially growing cultures [J]. Appl Environ Microbiol, 1989, 55(8): 2068-2072.
- [15] Joo H S, Hirai M, Shoda M. Characteristics of ammonium removal by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification by *Alcaligenes faecalis* No. 4 [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2005, 100(2): 184-91.
- [16] Joo H S, Hirai M, Shoda M. Improvement in ammonium removal efficiency in wastewater treatment by mixed culture of *Alcaligenes faecalis* No. 4 and L1 [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2007, 103(1): 66-73.
- [17] Joo H S, Hirai M, Shoda M. Nitrification and denitrification in high-strength ammonium by *Alcaligenes faecalis* [J]. Biotechnology Letters, 2005, 27(11): 773-778.
- [18] Joo H S, Hirai M, Shoda M. Piggery wastewater treatment using *Alcaligenes faecalis* strain No. 4 with heterotrophic nitrification and aerobic denitrification [J]. Water Research, 2006, 40(16): 3029-3036.
- 第一作者: 陈青云(1990-), 男, 本科在读, 主要从事氮污染的生物净化研究. 297296931@qq.com
- 通信作者: 李利, 博士, 讲师. lily2012@yangtzeu.edu.cn

(上接第9页)

- [40] Feng L, Chen Y, Zheng X. Enhancement of waste activated sludge protein conversion and volatile fatty acids accumulation during waste activated sludge anaerobic fermentation by carbohydrate substrate addition: The effect of pH [J]. Environmental Science & Technology, 2009, 43(12): 4373-4380.
- [41] Jia S, Dai X, Zhang D, et al. Improved bioproduction of short-chain fatty acids from waste activated sludge by perennial ryegrass addition [J]. Water Research, 2013, 47(13): 4576-4584.
- [42] Zhang P, Chen Y, Zhou Q, et al. Understanding short-chain fatty acids accumulation enhanced in waste activated sludge alkaline fermentation: Kinetics and microbiology [J]. Environmental Science & Technology, 2010, 44(24): 9343-9348.
- [43] Zheng X, Su Y, Li X, et al. Pyrosequencing reveals the key microorganisms involved in sludge alkaline fermentation for efficient short-chain fatty acids production [J]. Environmental Science & Technology, 2013, 47(9): 4262-4268.
- [44] Yuan H, Chen Y, Zhang H, et al. Improved bioproduction of short-chain fatty acids (SCFAs) from excess sludge under alkaline conditions [J]. Environmental Science & Technology, 2006, 40(6): 2025-2029.
- 第一作者: 傅翔(1990-), 硕士研究生, 主要研究方向为污水生物处理与污泥资源化. fuxiang_tju@163.com
- 通信作者: 张栋, 博士后, 主要研究方向为污水生物处理与污泥资源化. 2008zhangdong@tongji.edu.cn