

## 功能菌强化高温好氧堆肥降解污泥中阳离子型聚丙烯酰胺的研究

陶樱鹭, 宋天文\*, 王凯玫, 武书晓, 夏文香

(青岛理工大学 环境与市政工程学院, 青岛 266525)

**摘要:**大量阳离子型聚丙烯酰胺(CPAM)在污水污泥填埋和土地利用的过程中进入环境,对居民健康和周边环境造成严重威胁。针对该问题,以污泥、玉米芯、玉米秸秆和麦麸为原料进行高温好氧堆肥,利用生物炭作为载体固定 CPAM 降解功能菌 *Bacillus novalis*, 并对其强化。结果表明,强化作用使得高温好氧堆肥的温度最高达 63.9 °C, CPAM 的去除率达到 76.85%, 比强化前提高了 16.49%。固定化功能菌的加入加快了堆肥进程,提前 10 d 达到腐熟标准,堆肥产品的种子发芽指数为 128%。高通量测序结果表明,堆肥过程中细菌群落多样性呈先降后升的趋势。在属水平上,芽孢杆菌属(*Bacillus*, 2.21%~62.91%)的相对丰度显著提高。此外, *unclassified\_f\_\_Streptosporangiaceae* (family Streptosporangiaceae, 链孢囊科)和 *norank\_f\_\_JG30-KF-CM45* 也具有较高的相对丰度。

**关键词:**污水污泥;阳离子型聚丙烯酰胺(CPAM);高温好氧堆肥;功能菌;微生物群落

**中图分类号:**X705 **文献标志码:**A **文章编号:**1673-4602(2025)01-0087-09

## Study on the biodegradation of cationic polyacrylamide in sludge through functional bacteria-enhanced high-temperature aerobic composting

TAO Yinglu, SONG Tianwen\*, WANG Kaimei, WU Shuxiao, XIA Wenxiang

(School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266525, China)

**Abstract:** A large amount of cationic polyacrylamide (CPAM) enters the environment during the process of sewage sludge landfill and land use, posing a serious threat to the health of residents and the surrounding environment. In order to solve this problem, high-temperature aerobic composting was carried out using sludge, corn cobs, corn straw and wheat bran as raw materials, and it was enhanced by CPAM degrading functional bacteria *Bacillus novalis* immobilized on biochar. The results showed that the intensification made the temperature of aerobic composting increase to 63.9 °C and the CPAM removal increase to 76.85%, 16.49% greater than that before intensification. The addition of immobilized functional bacteria accelerated the composting process, reaching the maturation standard 10 d earlier, and the seed germination index of the composted product was 128%. High-throughput sequencing results showed that the bacterial community diversity tended to decrease and then in-

收稿日期:2023-04-27

基金项目:山东省自然科学基金青年项目(ZR2021QD100);山东省自然科学基金(ZR2020ME256)

作者简介:陶樱鹭(1998—),女,黑龙江鸡西人。硕士,研究方向为固体废物资源化利用。E-mail:2558497195@qq.com。

\*通信作者:宋天文(1991—),男,山东淄博人。博士,副教授,主要从事污水和污泥处理及资源化利用方面的研究。

E-mail:songtianwen@126.com。

crease during composting. At the genus level, the relative abundance of *Bacillus* (2.21%—62.91%) was significantly higher. In addition, *unclassified\_f\_Streptosporangiaceae* (family Streptosporangiaceae, Streptosporanaceae) and *norank\_f\_JG30-KF-CM45* also had high relative abundance.

**Key words:** sewage sludge; cationic polyacrylamide(CPAM); high-temperature aerobic composting; functional bacteria; microbial communities

城镇污水处理规模的扩大导致污水厂污泥产生量随之增加<sup>[1]</sup>。污泥脱水前需进行絮凝调理,阳离子型聚丙烯酰胺(Cationic Polyacrylamide, CPAM)因能促进吸附架桥和电中和作用而应用最为广泛。含CPAM的污泥进入土壤会造成土壤板结、孔隙度和透水率降低,且CPAM的单体具有明显的致癌、致畸作用<sup>[2-3]</sup>,因此亟需开展污泥中CPAM的降解研究。

CPAM由于具有超高的分子量和稳定的碳长链结构而很难被降解<sup>[4-5]</sup>。鉴于CPAM与塑料均为单体聚合而成的高分子聚合物,因此污泥中CPAM的降解可借鉴塑料降解的相关研究。SUN等<sup>[6]</sup>将0.5%聚乙烯(PE)和0.5%聚羟基烷酸酯(PHA)微塑料分别添加到牛粪和锯末的混合物中堆肥60 d,发现堆肥后二者的丰度降低、尺寸也明显减小,表面都产生了明显的侵蚀和裂纹;结合碳含量降低30%、官能团O—H、C=O和C—O增加的结果可以推测:反应温度高、嗜热微生物丰富的好氧生物降解可望实现对污泥中CPAM的高效去除。

高温好氧堆肥是利用好氧微生物和兼性微生物在有氧条件下对有机污染物进行降解的过程<sup>[7]</sup>。部分有机物由于化学性质稳定或者具有一定生物毒性而在高温好氧堆肥中降解效果欠佳,对此可以采用生物强化技术提高污染物的降解效率。如CASTRO-AGUIRRE等<sup>[8]</sup>在堆肥过程中强化接种了聚乳酸降解功能菌*Geobacillus thermoleovorans*,结果表明相较于对照组,强化接种可以显著提高聚乳酸的降解效率。此外,与游离微生物相比,施加固定化微生物能够减小高浓度污染物的毒害作用,降低原位微生物与外源微生物的竞争劣势,有利于功能微生物快速适应环境并发挥自身功能<sup>[9]</sup>。例如,张秀霞等<sup>[10]</sup>利用污泥生物炭对石油降解菌群进行固定并用于修复石油污染土壤,发现经过90 d修复后,固定化菌群对石油烃的降解率为58.80%,比游离菌群高13.66%。

本研究将CPAM降解功能菌*Bacillus novalis*固定于生物炭上,对含CPAM污泥高温好氧堆肥系统进行强化,对比分析了功能菌强化对CPAM降解效果、堆体理化性质变化和微生物群落演替的影响,可为污泥的处理处置和资源化利用提供有益的借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 堆肥原料

本实验所用污泥为青岛市海泊河污水处理厂的脱水污泥,含水率为70%左右,CPAM浓度为6 mg/g左右。玉米芯、玉米秸秆和麦麸等购自农产品公司,粉碎后过20目筛。原料的主要理化性质见表1。

表1 堆肥原料的主要理化性质

原料	有机质 OM/%	含水率/%	有机碳 TOC/%	总氮 TN/%	碳氮比
污泥	57.99	70.90	24.64	4.12	5.98
玉米芯	88.97	7.10	44.46	0.53	83.89
玉米秸秆	87.66	9.35	40.11	1.33	30.16
麦麸	89.23	11.06	43.45	2.87	15.14

### 1.2 降解功能菌固定

采用吸附法将降解功能菌固定在生物炭上,具体步骤如下:

1) 细胞悬液的制备。将实验室保存的CPAM降解功能菌(*Bacillus novalis*,可在15~45℃温度范围内降解CPAM)接种到富集培养基中,在35℃、140 r/min条件下富集培养48 h。再将富集活化后的菌

液转接到营养培养基中,相同条件下培养 48 h,得到细胞悬液。

2) 生物炭固定菌剂的制备。将椰壳生物炭置于 LB 液体培养基中(质量体积比  $W/V=1:20$ ),制成生物炭混合液。细胞悬液在 LB 液体培养基中培养,直到细胞生长到稳定状态( $3.0 \times 10^8 \sim 4.0 \times 10^8$  CFU/mL)。随后,将体积为生物炭混合液 3 倍的细胞悬液 3500 r/min 离心 10 min,将沉淀物加入到生物炭混合液中,并在  $35^\circ\text{C}$ 、80 r/min 条件下培养 48 h,纯水冲洗去除游离细胞。

### 1.3 实验设计

高温好氧堆肥实验在自行设计的堆肥反应器(图 1)中进行。反应器为聚丙烯塑料材质,高度为 38 cm、内径为 31 cm,壁厚为 2 mm。桶外侧缠有厚度为 30 mm 的保温棉以减少热量散失。堆肥过程中产生的气体通过顶盖上的通气孔排出,渗滤液通过底部液体排放口排出。

将污泥、玉米芯、玉米秸秆和麦麸按照质量比 1.0:2.5:1.0:0.2 充分混合,添加 2% 的腐熟物料和适量水,堆肥初始碳氮比约为 25,含水率约为 60%。堆肥实验共设计以下 2 个处理系统:① CPAM 降解功能菌强化高温好氧(EHA)堆肥系统,堆肥原料中加入 5%(质量比)固定降解功能菌的椰壳生物炭;② 高温好氧(HA)堆肥系统为对照组,加入等量椰壳生物炭。堆肥过程中,每 5 d 翻堆 1 次并取样。样品分为 2 份:一份用于测定含水率、有机质(OM)、灰分、pH、电导率(EC)、种子发芽指数(GI)、总有机碳(TOC)、总氮(TN)和 CPAM 浓度等指标;另一份经液氮冷冻后,置于  $-80^\circ\text{C}$  超低温冰箱中,用于微生物高通量测序。

### 1.4 样品测定与表征

#### 1.4.1 堆肥理化性质测定

取适量样品与去离子水 1:10(W:V)混合,200 r/min 震荡 60 min,静置 20 min 后,分别用 pH 计和电导率仪测定 pH 与 EC;分别采用差重法和灼烧法测定样品的含水率和 OM 含量。

取适量样品与去离子水 1:10(W:V)混合,震荡 120 min,取 8 mL 浸提液置于铺有滤纸并放有 20 颗小萝卜种子的培养皿中,用同等体积的去离子水作为对照, $25^\circ\text{C}$  避光培养 48 h 后测定种子发芽指数,按公式(1)进行计算<sup>[11]</sup>;利用元素分析仪测定样品的 TN 和 TOC 含量。

$$G = \frac{a \times b_1}{c \times b_2} \times 100\% \quad (1)$$

式中: $G$  为种子发芽指数(GI),%; $a$  为浸提液种子发芽数量,个; $b_1$  为浸提液种子根长,cm; $b_2$  为对照组种子根长,cm; $c$  为对照组种子发芽数量,个。

将样品分散于去离子水中,100 r/min 振荡 2 h,300 r/min 搅拌 10 min,4000 r/min 离心 15 min,取上清液,采用淀粉-碘化镉法测定 CPAM 的浓度<sup>[12-13]</sup>。

#### 1.4.2 微生物多样性分析

使用 FastDNA SPIN Kit for Soil 试剂盒对样品中微生物的 DNA 进行提取,选择引物 338F 和 806R 对细菌 16S rRNA gene 进行扩增,利用 Illumina MiSeq 平台对扩增产物进行双端测序。利用 Usearch 软件,对所得序列进行聚类分析,将相似性大于 97% 的序列定义为一个操作分类单元(OTU),得到 OTU 表,并进行生物信息统计分析。使用美吉在线平台进行细菌群落组成、 $\alpha$  和  $\beta$  多样性分析。

## 2 结果与讨论

### 2.1 堆肥理化性质变化

温度是评价高温好氧堆肥的重要指标之一,可以有效反映堆肥微生物的活性。如图 2 所示,堆肥开始

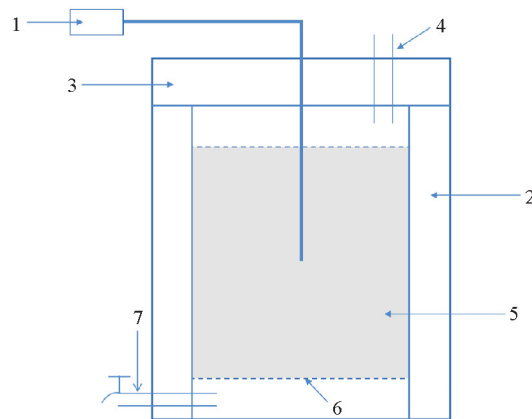


图 1 自制堆肥反应器结构示意图

1—温度记录仪;2—保温层;3—顶盖;4—通气孔;  
5—堆体;6—隔板;7—液体排放口

后温度迅速上升,EHA和HA堆肥系统的温度分别于第20天和第25天达到最高值63.9和60.3℃,EHA升温速率和最高温度均高于HA,且高温期更长。研究表明,*Bacillus*属在高温期能够以难分解的纤维素和果胶等有机物为营养物质进行新陈代谢,不仅可以提高堆肥升温速率,而且可以显著延长高温期的持续时间,促进堆体腐熟和稳定<sup>[14]</sup>。因此,EHA系统中更高的堆肥温度和更长的高温期可能与功能菌*Bacillus novalis*的引入有关。此外,生物炭的多孔结构和巨大表面积为微生物生长提供了空间,有利于嗜热微生物的生长和繁殖。

如图3(a)所示,EHA和HA堆肥系统中pH均呈先下降后上升的趋势。堆肥开始后,随着温度的上升,微生物活性迅速升高,分解有机质产生的有机酸和无机酸迅速积累,导致pH迅速降低。相较于HA,EHA的pH最低值提前5d出现,且数值更低,表明EHA中微生物活性更高,分解有机质产生的酸更多。高温期,高温会促进有机酸的挥发,且有机氮被微生物分解转化为氨氮,使pH上升。EHA的pH显著高于HA,这可能与EHA中更高的堆肥温度和微生物活性有关。堆肥结束时,EHA和HA的pH值分别为7.96和7.60,符合合格堆肥产品的pH要求( $\text{pH}=7.5\sim 8.5$ )<sup>[15]</sup>。

EC既可以反映堆体中可溶盐的含量,也可表征堆肥对植物的毒害作用。与pH的趋势相反,EHA和HA堆肥系统中EC均呈先上升后下降的趋势(图3(b))。EHA的EC于第20天升至最高值2200  $\mu\text{s}/\text{cm}$ ,比HA提前5d,且数值更高,表明固定化功能菌的强化作用提高了EHA中微生物的活性,进而促进了有机质分解为可溶性离子,如 $\text{PO}_4^{3-}$ 、 $\text{NH}_4^+$ 、 $\text{SO}_4^{2-}$ 等。降温期,部分可溶性离子被微生物吸收利用或者相互结合成难溶矿物质,使得EC下降<sup>[16]</sup>。

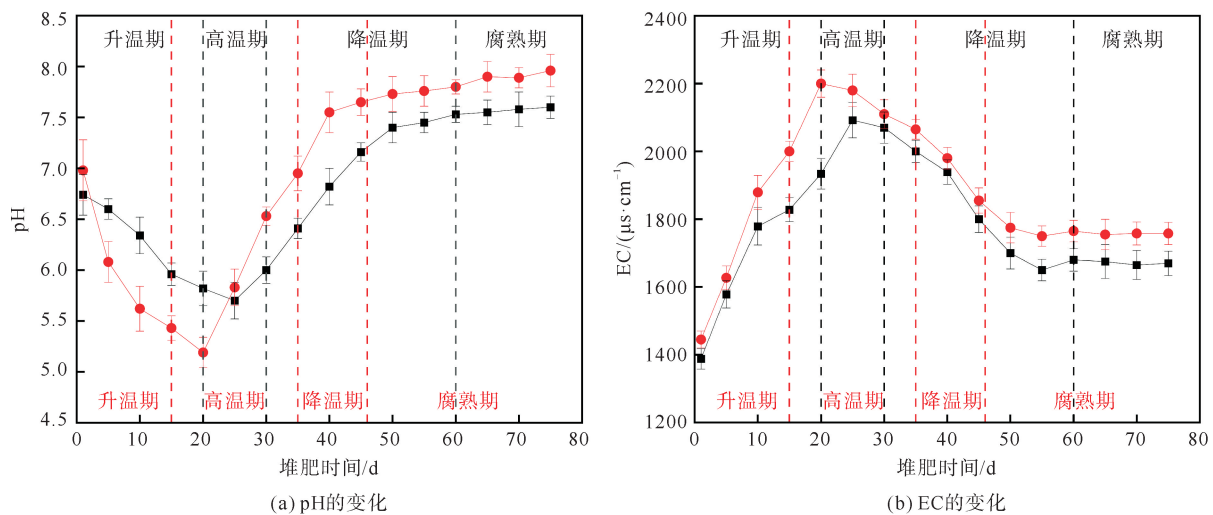


图3 堆肥过程中pH与EC的变化

—■— HA; —●— EHA; - - - HA堆肥时期; - - - EHA堆肥时期

EHA和HA堆肥系统中TOC含量持续减少(图4(a))。高温期,TOC含量下降速率最快,进入降温期后,TOC降解速率减小。堆肥结束时,EHA和HA的TOC含量分别为31.21%和33.94%。由以上结果可知,固定化功能菌的加入促进了有机质的分解与矿化。原因可能有两方面,一方面*Bacillus novalis*具备良好的有机质分解能力,另一方面生物炭的引入提高了微生物与有机质的接触面积,促进了二者的有效接触,从而加速了有机质的分解与矿化。类似地,LI等<sup>[17]</sup>研究发现微生物菌剂通过调节堆肥微生物群

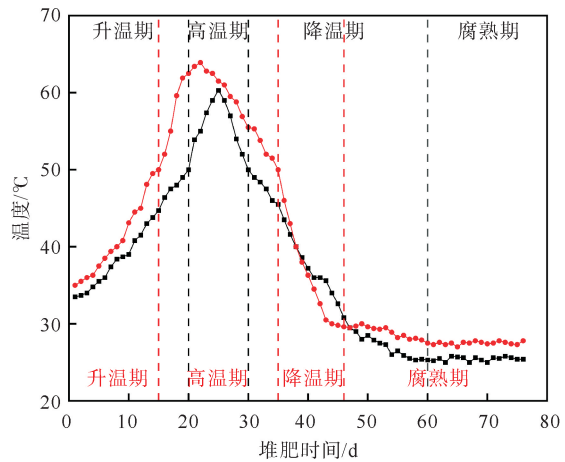


图2 EHA和HA堆肥系统的温度变化

—■— HA; —●— EHA; - - - HA堆肥时期; - - - EHA堆肥时期

落的结构,提高了 TOC 降解效率。

EHA 和 HA 堆肥系统中 OM 含量呈明显下降趋势,且 EHA 中 OM 含量下降速率更快(图 4(b))。堆肥结束时,EHA 和 HA 中 OM 含量分别为 73.56%和 77.40%,表明固定化功能菌的强化作用促进了 OM 的分解与转化,有利于堆肥的稳定与腐熟。类似地,代浩等<sup>[18]</sup>发现鸡粪和污泥堆肥经过功能微生物菌剂的强化,OM 的降解率可提高 7.7%。

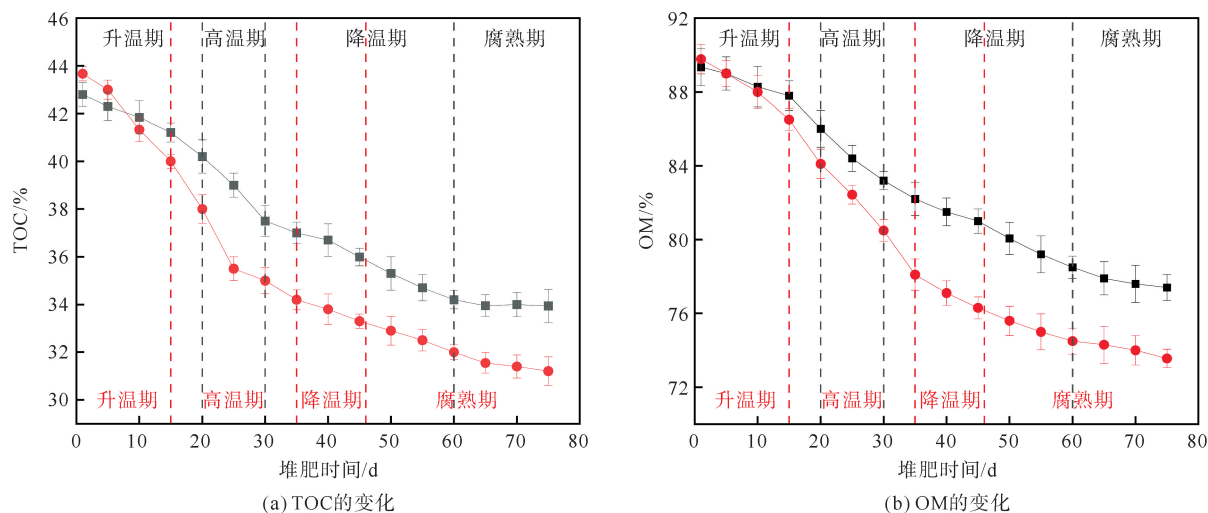


图 4 堆肥过程中 TOC 与 OM 的变化

■ HA; ● EHA; ----- HA 堆肥时期; ----- EHA 堆肥时期

EHA 和 HA 堆肥系统中 TN 含量均呈先下降后上升的趋势(图 5(a))。升温期与高温期,由于  $\text{NH}_3$  的大量挥发损失,使 TN 含量较低。降温期和腐熟期,由于氮素的固定以及堆体“浓缩效应”使 TN 含量上升。堆肥结束时,EHA 中 TN 的增幅为 30.05%,较 HA 高 10.05%,表明 EHA 堆肥系统保氮效果显著优于 HA。PARK 等<sup>[19]</sup>的研究表明,*Bacillus* 具有良好的固氮能力,堆肥过程中加入 *Bacillus* 有利于降低氮损失并提高堆肥产品的肥效。此外,生物炭能够减少  $\text{NH}_3$  的散失,促进氨同化细菌将  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  转化为有机氮并将其保留在堆肥中,减少堆肥过程中氮素的损失<sup>[20]</sup>。

GI 不仅能反应堆肥产品的毒性,还可以衡量堆肥是否达到腐熟。EHA 和 HA 堆肥系统中 GI 变化如图 5(b)所示,GI 在前 5 d 小幅下降,然后逐渐上升。EHA 的 GI 于第 30 天达到 80%,比 HA 提前 10 d。

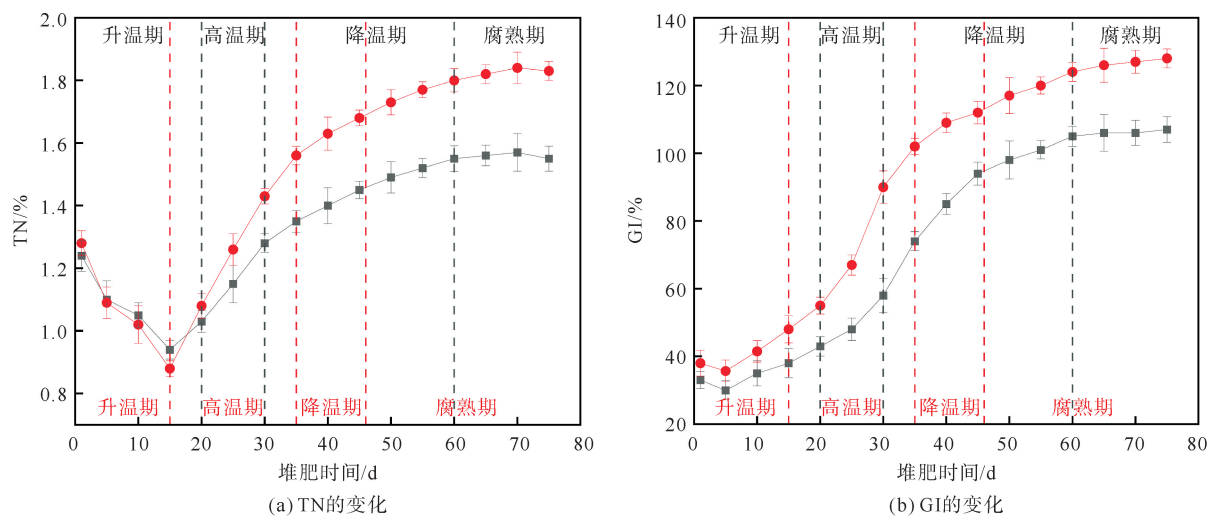


图 5 堆肥过程中 TN 与 GI 的变化

■ HA; ● EHA; ----- HA 堆肥时期; ----- EHA 堆肥时期

整个堆肥周期,EHA 堆肥系统的 GI 均高于 HA 堆肥系统。堆肥结束时,EHA 和 HA 的 GI 分别为 128% 和 107%。李璇等<sup>[21]</sup>向牛粪堆肥中添加纤维素降解菌,GI 较未添加菌剂的对照组高 8.9%。

EHA 和 HA 堆肥系统中 CPAM 的变化如图 6 所示。CPAM 的降解速率在高温期最快,高温期结束时 EHA 中 CPAM 含量下降至 0.58 mg/g,降解率为 67%,占堆肥总 CPAM 降解率的 87.18%,显著高于 HA 堆肥系统。降温期和腐熟期,CPAM 的降解速率显著放缓,堆肥结束时,EHA 和 HA 堆肥系统中 CPAM 的含量分别为 0.44 和 0.69 mg/g,降解率分别为 76.85% 和 60.36%。以上结果表明,CPAM 降解功能菌的引入显著提升了高温好氧堆肥对 CPAM 的降解转化能力。

在 CPAM 的堆肥生物降解过程中,一方面,CPAM 分子侧链的酰胺基受到酰胺酶的攻击,C—N 断裂,—NH<sub>2</sub> 被—OH 替代,—CONH<sub>2</sub> 转化为一 COOH;另一方面,CPAM 碳链在单加氧酶等酶的作用下在不同位置断裂,形成多种小分子有机物和聚合物片段,被微生物作为碳源吸收利用。CPAM 降解功能菌的加入提高了堆体中酰胺酶和单加氧酶等功能酶的活性。活性炭不仅可以有效固定功能菌,提高功能菌的浓度,而且可以促进功能酶和 CPAM 的有效接触,进而促进 CPAM 的降解。因此,CPAM 降解功能菌强化可以有效地提高高温好氧堆肥降解污泥中 CPAM 的效率。

## 2.2 细菌群落结构变化

### 2.2.1 细菌群落 Alpha 多样性分析

表 2 显示了在相似度为 97% 的情况下,EHA 堆肥系统中细菌群落的 Alpha 多样性。较高的 Coverage 指数(99.84%~99.90%)表明高通量测序覆盖了样品中绝大多数的物种,测序结果能够准确地反映细菌群落的多样性和丰富度。在堆肥初始时,样品的 Shannon 多样性指数为 5.10,堆肥升温期第 10 天时下降至 2.75,随后高温期第 25 天上升至 4.00,最终腐熟期第 75 天又下降至 3.81,堆肥过程中细菌多样性呈现先降低再升高的趋势。

表 2 EHA 堆肥系统中细菌群落 Alpha 多样性

样品	Sobs	Shannon	Simpson	Ace	Chao1	Coverage/%
EHA 初始样品	885	5.10	0.02	910.60	904.73	99.84
EHA 第 10 天(升温期)	207	2.75	0.13	243.62	241.44	99.89
EHA 第 15 天(高温期)	237	3.04	0.10	264.01	263.00	99.90
EHA 第 25 天(高温期)	300	4.00	0.05	324.97	319.00	99.90
EHA 第 35 天(高温期)	295	3.99	0.04	330.09	330.04	99.89
EHA 第 45 天(降温期)	293	4.01	0.05	318.92	321.50	99.90
EHA 第 65 天(降温期)	311	3.90	0.05	361.97	360.50	99.86
EHA 第 75 天(腐熟期)	310	3.81	0.07	363.74	369.11	99.85

### 2.2.2 细菌群落 Beta 多样性分析

通过对堆肥不同时期细菌群落进行 PCoA 分析(图 7(a)),将多维的细菌变量降维成 2 个变量,其中第 1 主坐标(PC1)的贡献率为 55.45%,第 2 主坐标(PC2)的贡献率为 33.19%。PCoA 主成分分析通过分析不同样品的群落组成,显示样品间的差异和距离,微生物群落结构组成越相似,反映在 PCoA 图中的

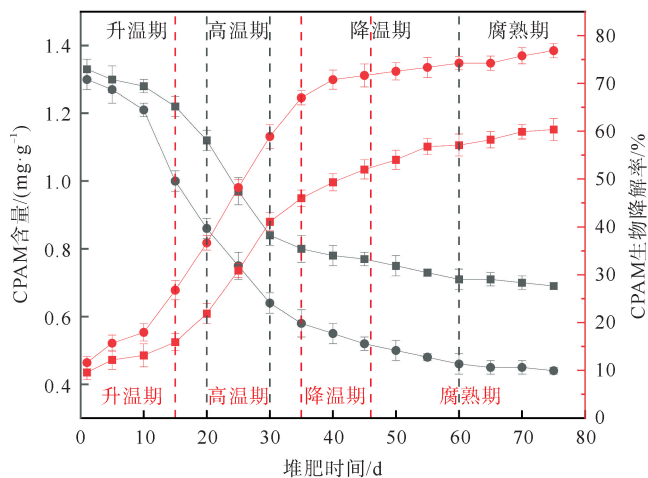


图 6 堆肥过程中 CPAM 的变化

■ HA-CPAM 含量; ● EHA-CPAM 含量; ■ HA-CPAM 降解率; ● EHA-CPAM 降解率; - - - HA 堆肥时期; - - - EHA 堆肥时期

距离越近。EHA 升温期和高温期的样本距离较远,说明升温期和高温期的细菌群落结构差异较大。堆肥降温期和腐熟期样品距离均较近,说明自降温期至腐熟期细菌群落结构变化较小,相似性较高。

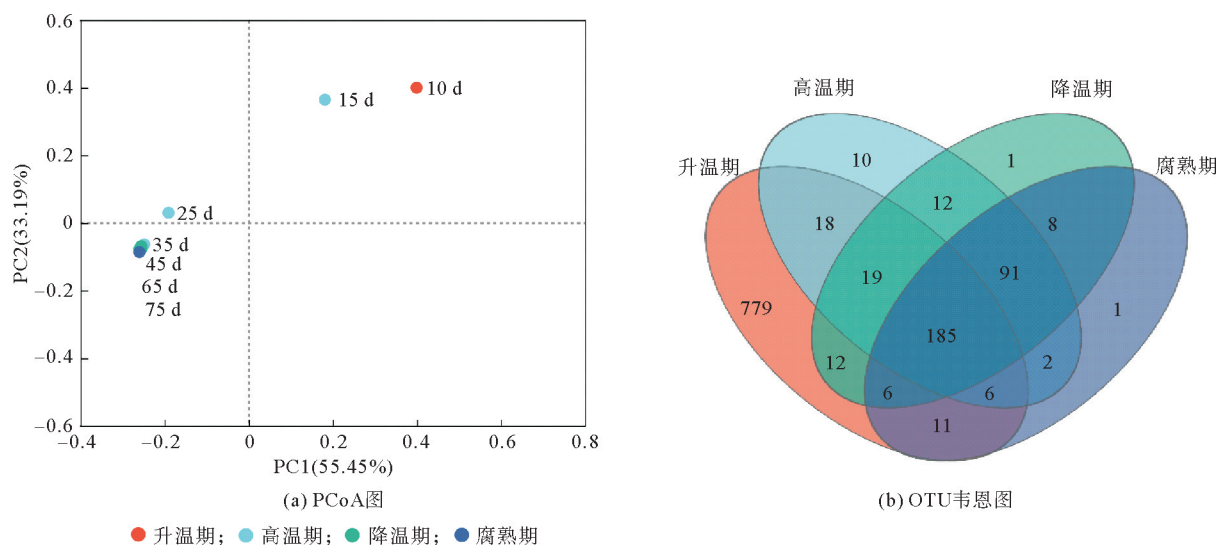


图 7 EHA 堆肥样品 PCoA 图与 OTU 韦恩图

EHA 堆肥升温期、高温期、降温期、腐熟期样本中 OTU 的数量分别为 1036、343、334、310(图 7(b)), OTU 数量呈下降趋势,这与 Alpha 多样性分析的结果一致。不同堆肥时期共有的 OTU 仅为 185 个,表明尽管堆肥过程中堆体的理化性质剧烈变化,但是部分细菌能够在整个堆肥周期存活和繁殖。这可能是由于生物炭丰富的空隙结构为各种微生物提供了适宜的生存环境,在一定程度上避免了微生物与不利环境的直接接触。

### 2.2.3 细菌群落结构属水平变化

在属水平上,EHA 堆肥中优势细菌主要为芽孢杆菌属(*Bacillus*, 2.21%~62.91%)、*unclassified\_f\_Streptosporangiaceae* (family Streptosporangiaceae, 链孢囊科, 6.48%~27.84%)、*norank\_f\_JG30-KF-CM45* (family JG30-KF-CM45, 1.41%~8.46%)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*, 0.85%~7.75%)、热芽孢杆菌属(*Thermobacillus*, 0.60%~5.64%)等(图 8)。在堆肥升温期,相对丰度较高的菌属分别为 *Bacillus* (2.21%~62.91%) 和 *Paenibacillus* (0.85%~7.75%)。其中, *Bacillus* 较高的相对丰度可能与固定化功能菌 *Bacillus novalis* 的引入有关。*Bacillus* 在堆肥中较为常见,能够促进有机质的分解和堆肥腐熟。此外,研究表明部分 *Bacillus* 菌株能够降解高分子聚合物。例如, MUROI 等<sup>[22]</sup>发现分离自土壤的 *Bacillus pumilus* NKCM3201 能够以较快的速率(12.2 mg/(d·cm<sup>2</sup>))将聚己二酸丁酯薄膜分解为低聚物和单体。SONG 等<sup>[23]</sup>从污染土壤中分离的 *Bacillus megaterium* strain SZK-5 可以断裂阴离子型聚丙烯酰胺的碳长链,并将其酰胺基作为碳源利用。OKSINSKA 等<sup>[24]</sup>从土壤中分离的 *Bacillus megaterium* isolate 37SBG 能够降解交联聚丙烯酸钾聚合物。由此可以推测,较高的 *Bacillus* 相对丰度有利于污泥中 CPAM 的生物降解与转化。*Paenibacillus* 属于厚壁菌门,对温度和 pH 变化的适应性强,同时具有良好的聚合物降解能力,在高温期利用难降解的纤维素等有机物为营养物质参与新陈代谢,促进堆肥腐熟和稳定化<sup>[25]</sup>。堆肥进入高温期后,*unclassified\_f\_Streptosporangiaceae* (6.48%~27.84%)、*norank\_f\_JG30-KF-CM45* (1.41%~8.46%) 和 *Thermobacillus* (0.60%~5.64%) 的相对丰度显著升高。*Streptosporangiaceae* 与 *Thermobacillus* 在有机质、木质素和纤维素的降解转化过程中发挥了重要的作用<sup>[26]</sup>。*norank\_f\_JG30-KF-CM45* 在高温好氧堆肥中能够提高有机质的分解速率,提高堆肥产物的稳定性。例如,JIANG 等<sup>[27]</sup>发现 *norank\_f\_JG30-KF-CM45* 与 TOC 呈负相关。因此,EHA 堆肥系统高温期较高的 OM 和 TOC 降解效率可能与 *unclassified\_f\_Streptosporangiaceae*、*norank\_f\_JG30-KF-CM45* 和 *Thermobacillus* 相关。综上,在堆肥过程中细菌群落结构发生了显著的变化,关键细菌属的生化特性

和相对丰度显著影响了 EHA 堆肥系统的效率。

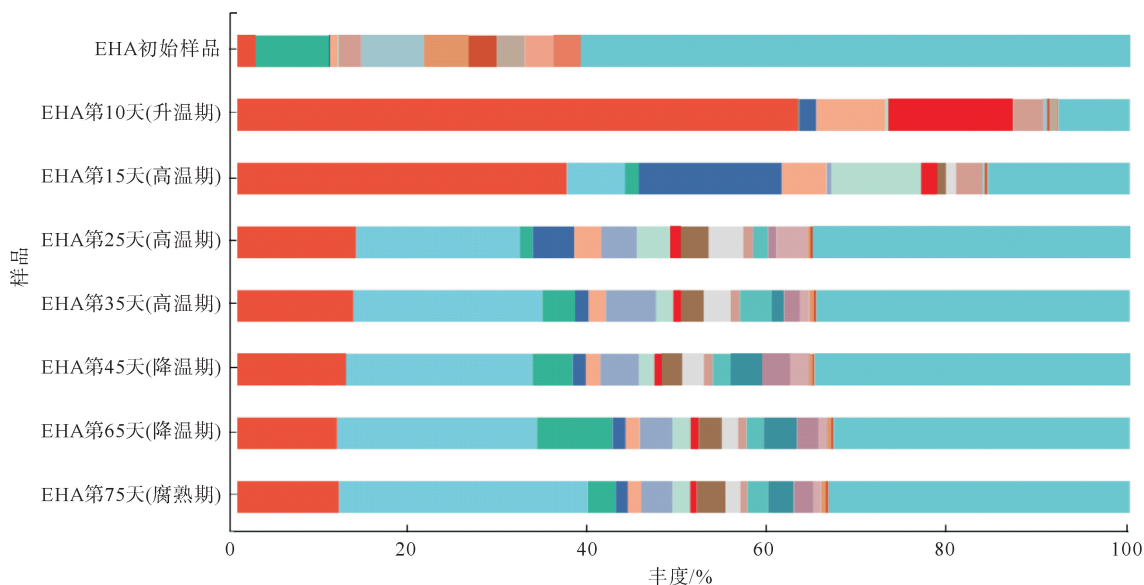


图8 细菌在属水平上的相对丰度

■ *Bacillus*; ■ *unclassified\_f\_Streptosporangiaceae*; ■ *norank\_f\_JG30-KF-CM45*; ■ *Saccharomonospora*; ■ *Paenibacillus*;  
 ■ *Thermobacillus*; ■ *Nonomuraea*; ■ *Sporolactobacillus*; ■ *norank\_f\_Nocardiodaceae*; ■ *Ureibacillus*; ■ *Streptomyces*;  
 ■ *Luedemannella*; ■ *Sphaerobacter*; ■ *unclassified\_f\_Roseiflexaceae*; ■ *Symbiobacterium*; ■ *Mycobacterium*;  
 ■ *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*; ■ *unclassified\_f\_Hyphomicrobiaceae*; ■ *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*; ■ others

### 3 结论

1) 相较于 HA 堆肥系统, EHA 堆肥系统的堆肥温度更高, 最高为 63.9 °C。EHA 堆肥系统中 pH、EC、GI、TN 值更高, 而 OM 和 TOC 含量更低。EHA 堆肥系统中, 高温期降解的 CPAM 占全部堆肥降解 CPAM 的 87.18%, 堆肥结束时, CPAM 的降解率为 76.85%, 较 HA 提高了 16.49%。EHA 堆肥系统对含 CPAM 污泥的处理效率高于 HA。

2) 不同种类的细菌在堆肥过程中发挥着不同作用并相互配合以保证堆肥的稳定进行。在属水平上, 芽孢杆菌属(*Bacillus*, 2.21%~62.91%)、*unclassified\_f\_Streptosporangiaceae* (family *Streptosporangiaceae*, 链孢囊科, 6.48%~27.84%) 和 *norank\_f\_JG30-KF-CM4* (1.41%~8.46%) 等为优势细菌属。优势菌属在促进 CPAM 降解、有机质转化和堆肥腐熟方面发挥重要作用。

#### 参考文献(References):

- [1] 戴晓虎. 我国污泥处理处置现状及发展趋势[J]. 科学, 2020, 72(6): 30-34.  
DAI Xiaohu. Applications and perspectives of sludge treatment and disposal in China[J]. Science, 2020, 72(6): 30-34.
- [2] ZHU F H, WANG J, JIAO J J, et al. Exposure to acrylamide induces skeletal developmental toxicity in zebrafish and rat embryos[J]. Environmental Pollution, 2020, 271: 116395.
- [3] EL-ZAKHEM N G, MERHI A, ABBOUD M I, et al. Carcinogenic and neurotoxic risks of acrylamide consumed through caffeinated beverages among the Lebanese population[J]. Chemosphere, 2018, 208: 352-357.
- [4] CHANG L L, RAUDENBUSH D L, DENTEL S K. Aerobic and anaerobic biodegradability of a flocculant polymer[J]. Water Science and Technology, 2001, 44(2/3): 461-468.
- [5] GRULA M M, HUANG M L, SEWELL G W. Interactions of certain polyacrylamides with soil bacteria[J]. Soil Science, 1994, 158: 291-300.
- [6] SUN Y, REN X, RENE E R, et al. The degradation performance of different microplastics and their effect on microbial community during composting process[J]. Bioresource Technology, 2021, 332: 125133.

- [7] 赵社行,童毅,汤世玉,等. 腐熟污泥与分类垃圾堆肥理化性质及温室气体排放研究[J]. 青岛理工大学学报,2019,40(1):60-65.  
ZHAO Shehang,TONG Yi,TANG Shiyu, et al. Physicochemical properties and greenhouse gases emission during mature sludge and sorted refuse composting[J]. Journal of Qingdao University of Technology,2019,40(1):60-65.
- [8] CASTRO-AGUIRRE E, AURAS R, SELKE S, et al. Enhancing the biodegradation rate of poly(lactic acid) films and PLA biocomposites in simulated composting through bioaugmentation[J]. Polymer Degradation and Stability,2018,154:46-54.
- [9] ZHANG H, MARCHANT-FORDE J N, ZHANG X, et al. Effect of cornstalk biochar immobilized bacteria on ammonia reduction in laying hen manure composting[J]. Molecules,2020,25(7):9-19.
- [10] 张秀霞,任文海,丁明山,等. 污泥生物炭固定化微生物强化石油污染土壤修复[J]. 石油学报(石油加工),2023,39(4):892-899.  
ZHANG Xiuxia,REN Wenhai,DING Mingshan, et al. Enhanced remediation of petroleum contaminated soil by sludge biochar immobilized microorganisms[J]. Acta Petrolei Sinica(Petroleum Processing Section),2023,39(4):892-899.
- [11] 王国英,袁京,孔艺霖,等. 堆肥种子发芽指数测定方法与敏感性种子筛选[J]. 农业工程学报,2021,37(19):220-227.  
WANG Guoying,YUAN Jing,KONG Yilin, et al. Determination of seed germination index and selection of sensitive seeds for phytotoxicity evaluation of composting[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering,2021,37(19):220-227.
- [12] 关淑霞,范洪富,段吉国,等. 聚丙烯酰胺质量浓度的测定:淀粉-碘化镉法[J]. 大庆石油学院学报,2007(2):110-112.  
GUAN Shuxia,FAN Hongfu,DUAN Jiguo, et al. Examination of the concentration of HPAM; The starch-cadmium iodine method[J]. Journal of Daqing Petroleum Institute,2007(2):110-112.
- [13] 盛倩,吴星五,刘晨,等. 脱水污泥及其堆肥过程中聚丙烯酰胺的检测[J]. 中国给水排水,2010,26(18):124-127.  
SHENG Qian,WU Xingwu,LIU Chen, et al. Determination of polyacrylamide during composting of dewatered sludge[J]. China Water & Wastewater Engineering,2010,26(18):124-127.
- [14] SUN Q H, CHEN J, WEI Y Q, et al. Effect of semi-continuous replacements of compost materials after inoculation on the performance of heat preservation of low temperature composting[J]. Bioresource Technology,2019,279:50-56.
- [15] ZHANG L, SUN X Y. Improving green waste composting by addition of sugarcane bagasse and exhausted grape marc[J]. Bioresource Technology,2016,218:335-343.
- [16] ZHANG D F, LUO W H, YUAN J, et al. Effects of woody peat and superphosphate on compost maturity and gaseous emissions during pig manure composting[J]. Waste Management,2017,68:56-63.
- [17] LI C N, LI H Y, YAO T, et al. Microbial inoculation influences bacterial community succession and physicochemical characteristics during pig manure composting with corn straw[J]. Bioresource Technology,2019,289:121653.
- [18] 代浩,李连龙,包强,等. 投加菌剂对清淤底泥好氧堆肥效果的强化作用[J]. 中国给水排水,2021,37(13):70-76.  
DAI Hao,LI Lianlong,BAO Qiang, et al. Aerobic composting performance of dredged sediment enhanced by microbial agent addition[J]. China Water & Wastewater Engineering,2021,37(13):70-76.
- [19] PARK G, NAM J, KIM J, et al. Structure and mechanism of surfactin peptide from bacillus velezensis antagonistic to fungi plant pathogens[J]. Bulletin of the Korean Chemical Society,2019,40(7):704-709.
- [20] 杨雨滢,易建婷,任小玉,等. 生物炭对城市污泥堆肥温室气体排放的影响[J]. 农业环境科学学报,2018,37(3):567-575.  
YANG Yuhan,YI Jianting,REN Xiaoyu, et al. Influences of biochar on greenhouse gas emissions during municipal sludge composting[J]. Journal of Agro-environmental Science,2018,37(3):567-575.
- [21] 李琬,许修宏. 外源微生物对堆肥理化性质及酶活影响的研究[J]. 农业环境科学学报,2010,29(3):592-596.  
LI Wan,XU Xiuhong. Physico-chemical properties and enzymic activities in composting by inoculating exogenous microbes[J]. Journal of Agricultural Environmental Science,2010,29(3):592-596.
- [22] MUROI F, TACHIBANA Y, SOULENTHON P, et al. Characterization of a poly(butylene adipate-co-terephthalate) hydrolase from the aerobic mesophilic bacterium bacillus pumilus[J]. Polymer Degradation and Stability,2017,137:11-22.
- [23] SONG T W, LI S S, LU Y F, et al. Biodegradation of hydrolyzed polyacrylamide by a bacillus megaterium strain SZK-5; Functional enzymes and antioxidant defense mechanism[J]. Chemosphere,2019,231:184-193.
- [24] OKSINSKA M P, MAGNUCKA E G, LEJCUS K, et al. Colonization and biodegradation of the cross-linked potassium polyacrylate component of water absorbing geocomposite by soil microorganisms[J]. Applied Soil Ecology,2019,133:114-123.
- [25] ZHAO Y, LU Q, WEI Y Q, et al. Effect of actinobacteria agent inoculation methods on cellulose degradation during composting based on redundancy analysis[J]. Bioresource Technology,2016,219:196-203.
- [26] ANDERSON C R, CONDRON L M, CLOUGH T J, et al. Biochar induced soil microbial community change: Implications for biogeochemical cycling of carbon, nitrogen and phosphorus[J]. Pedobiologia,2011,54(5/6):309-320.
- [27] JIANG J S, WANG Y, GUO F Q, et al. Composting pig manure and sawdust with urease inhibitor; Succession of nitrogen functional genes and bacterial community[J]. Environmental Science and Pollution Research,2020,27(1):36160-36171.