

王测文, 张景新, 何义亮. 盐度对餐厨垃圾与剩余污泥共消化的影响[J]. 净水技术, 2025, 44(2): 95-103.

WANG C W, ZHANG J X, HE Y L. Influence of salinity on co-digestion of kitchen waste and excess sludge[J]. Water Purification Technology, 2025, 44(2): 95-103.

盐度对餐厨垃圾与剩余污泥共消化的影响

王测文¹, 张景新^{1,*}, 何义亮^{1,2}

(1. 上海交通大学中英国际低碳学院, 上海 201306; 2. 上海交通大学环境科学与工程学院, 上海 200240)

摘要 【目的】盐度高低对有机固废厌氧处理与产甲烷的影响较大, 文章拟开展不同盐度条件对餐厨垃圾与剩余污泥厌氧共消化的作用机制研究。【方法】探讨了不同盐度质量浓度(0~2 g/L)对餐厨垃圾与剩余污泥厌氧共消化过程的影响, 重点围绕产甲烷效率、可溶性有机物(DOM)降解率以及荧光特性变化、体系电化学活性及微生物群落结构等分析盐度对厌氧共消化产甲烷的作用机制。【结果】试验结果表明, 适当的盐度可有效提升餐厨与污泥共消化的产甲烷效率, 当盐度质量浓度添加到 1.0 g/L 时达到最佳产甲烷效果, 较空白组提升 26.45%, 且有效促进了高分子量 DOM 的水解并提升了低分子量 DOM 的生物利用效率。同时, 盐度添加促进了细胞色素 c(c-Cyts)的产生, 在促进细胞代谢的同时提高了体系电子传递效率, 有利于强化微生物的种间电子转移过程。适当的盐度促使髌骨菌门(Patescibacteria)和联合菌门(Synergistota)等互营代谢细菌的丰度提升, 通过强化微生物群落协同产甲烷, 促进了嗜氢产甲烷代谢路径, 最终提高了甲烷产率。【结论】在餐厨垃圾和剩余污泥共消化过程中, 1.0 g/L 的盐度有利于促进厌氧共消化微生物之间的协同作用, 促进微生物电子转移速率, 提高有机物的降解效率, 强化甲烷产生。

关键词 剩余污泥 餐厨垃圾 共消化 盐度 微生物群落结构

中图分类号: X703 文献标志码: A 文章编号: 1009-0177(2025)02-0095-09

DOI: 10.15890/j.cnki.jsjs.2025.02.011

Influence of Salinity on Co-Digestion of Kitchen Waste and Excess Sludge

WANG Cewen¹, ZHANG Jingxin^{1,*}, HE Yiliang^{1,2}

(1. China-UK Low Carbon College, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 201306, China;

2. School of Environmental Science and Engineering, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

Abstract [Objective] Salinity has a great influence on the anaerobic digestion of organic solid waste and methane production. This paper intends to study the mechanism of different salinity conditions on the anaerobic co-digestion of food waste and waste activated sludge. [Methods] It investigated the impact of different mass concentration of salinity levels (0 ~ 2 g/L) on the anaerobic co-digestion of kitchen waste with excess sludge, focusing primarily on methane production efficiency, soluble organic matter (DOM) degradation rate, fluorescence characteristic, system electrochemical properties, and microflora structure to explore the underlying mechanisms. [Results] Experimental results demonstrated that appropriate salinity levels can effectively enhance methane production efficiency during co-digestion of kitchen waste and sludge. Optimal methane production was achieved when the mass concentration of salinity was added at 1.0 g/L, showing a 26.45% increase compared to the control group. Additionally, it facilitated the hydrolysis of high molecular weight soluble DOM and enhanced the biological utilization efficiency of low molecular weight soluble DOM. Meanwhile, Salinity supplementation also promoted the generation of cytochrome c (c-Cyts), which enhanced system electron transfer efficiency while promoting cellular metabolism, thereby benefiting the interspecies electron transfer processes among microorganisms. Moreover, appropriate salinity levels increased the abundance of mutualistic metabolism bacteria such as Patescibacteria and Synergistota, thereby enhancing methane production through microbial community synergy and promoting the hydrogenotrophic

[收稿日期] 2024-02-04

[基金项目] 国家重点研发计划(2021YFC320060404)

[作者简介] 王测文(1999—), 男, 硕士, 研究方向为有机废弃物厌氧消化资源化, E-mail: wangcewen@sjtu.edu.cn。

[通信作者] 张景新, 男, 副教授, 博士生导师, 研究方向为有机固体废弃物处理与资源化, E-mail: lcczjx@sjtu.edu.cn。

methane production pathway. [Conclusion] During the co-digestion of kitchen waste and excess sludge, a salinity level of 1.0 g/L facilitated the synergistic interaction among anaerobic co-digestion microorganisms, promoting microbial electron transfer rates, enhancing organic matter degradation efficiency, and boosting methane production.

Keywords excess sludge kitchen waste co-digestion salinity microflora structure

随着我国社会经济发展,污水处理量与污水厂数量大幅增加^[1],同时伴随着水处理能耗和碳排放的增加与剩余污泥的大量产生^[2]。厌氧消化被认为是一种可同步实现污泥减量与能量回收的环境友好型有机废物处理技术,在欧洲约 50% 的污水厂对污泥进行厌氧消化处理^[3]。剩余污泥厌氧消化可实现污水厂 40%~60% 的能量回收^[4],而污泥与餐厨垃圾的共消化则可将能量回收效率提升至 100% 以上^[5]。

对于共消化而言,餐厨垃圾的独特性质可能会对厌氧消化过程产生影响,比如较高的含盐量。含盐量对厌氧消化过程在不同浓度会产生不同的影响,目前普遍认为较高的 NaCl 浓度会对厌氧消化会产生负面影响,其中主要的抑制作用来自于钠离子(Na⁺)对产甲烷菌与酶活性的影响^[6],Li 等^[7]的研究发现,尽管质量浓度为 2~6 g/L 的 NaCl 添加会缩短餐厨垃圾产甲烷的滞后期,但 4 g/L 以上的添加量会抑制甲烷产生,Zhao 等^[8]的研究则表明,质量浓度为 2~8 g/L NaCl 添加量均对产甲烷产生了抑制,即使在 2 g/L 的添加量下,产甲烷含量也下降到了空白水平的 78%。但与之相对,适当浓度的 Na⁺被证明对于有机物水解具有促进作用^[9],当 NaCl 质量浓度从 0 提升到 8 g/L,可溶性有机物(DOM)含量提升了 73.7%。同时,Na⁺梯度是所有甲烷菌都具有的磷酸化合成动力,Na⁺与甲基转移反应的跨膜异位结合形成了一种跨膜离子动力,供三磷酸腺苷(ATP)合成^[10]。因此 Na⁺添加极大提升了甲烷菌的 ATP 水解和产甲烷速率^[11]。之前的研究^[12]中发现,对于热自养甲烷菌(*Methanobacterium thermoautotrophicum*),当细胞混合液中 Na⁺浓度由 0.1 mmol/L(合 NaCl 质量浓度为 0.006 g/L)提升

至 25 mmol/L(合 NaCl 质量浓度为 1.46 g/L)的过程中甲烷生成速率提高了 4 倍。

盐度作为餐厨垃圾的固有特性,对于共消化的影响难以忽视,我国餐厨垃圾的含盐质量浓度通常为 7~12 g/L NaCl^[13],考虑实际污水厂共消化中基质往往以污泥为主,如 Nghiem 等^[14]发现,欧洲工业规模的共消化工厂所采用的剩余污泥与餐厨垃圾的质量比例为 5:1~10:1,表明在工业规模的共消化中 NaCl 的质量浓度往往处于 2 g/L 以下。目前对餐厨垃圾与污泥共消化的研究主要集中在不同基质、工艺参数和缓冲能力等方面^[15],考虑盐度浓度对厌氧消化过程影响的差异性,缺乏实际盐度对污泥和餐厨共消化影响的研究。因此,本研究拟探究 0~2 g/L NaCl 质量浓度下,盐度对剩余污泥与餐厨垃圾共消化产甲烷的影响,有机物分解转化过程与体系电化学性能的变化,并通过 16 S 高通量测序探究盐度导致的微生物群落变迁,以期从盐度角度为共消化实践的优化提供理论参考。

1 试验材料和方法

1.1 接种污泥与共消化基质

接种污泥为取自某城市污水处理设施的厌氧颗粒污泥,基本特征如下所示:总固体含量(TS)为 22.7 g/L,挥发性固体占 TS 的比例(VS/TS)为 79.7%,pH 值为 7.6±0.1。剩余污泥取自临港某污水厂,餐厨垃圾取自上海交通大学某食堂。餐厨垃圾通过去离子水多次洗涤去除原有的盐度和油脂^[8],以避免餐厨垃圾自身盐度对试验的影响,经粉碎机粉碎为浆状后进行均质,与剩余污泥经分装后于-20℃下冷冻储存,使用前 1 d 于 4℃下解冻备用。餐厨垃圾与剩余污泥的基础理化性质和 Na 元素含量如表 1 所示。

表 1 基质理化性质

Tab. 1 Physical and Chemical Characteristics of Substrates

| 基质 | TS | VS | C | H | N | S | Na |
|------|------------|------------|--------------|-------------|-------------|-------------|---------------|
| 剩余污泥 | 22.1%±0.1% | 6.2%±0.1% | 11.64%±0.08% | 2.23%±0.07% | 1.62%±0.07% | 0.48%±0.02% | 0.134%±0.005% |
| 餐厨垃圾 | 22.9%±0.3% | 21.5%±0.1% | 49.83%±0.31% | 7.71%±0.10% | 3.49%±0.07% | 0.23%±0.06% | 0.193%±0.011% |

注:TS、VS 以湿重计;元素含量以干重计。

1.2 试验方法

本试验反应器由血清瓶构成,利用硅胶塞密封并设有进料口、气体取样口与液体取样口,反应器总容积为 250 mL,工作容积为 200 mL,用高纯度氮气冲洗 3 min 以除去氧气后,用橡胶塞密封所有反应器并在 $(35 \pm 1)^\circ\text{C}$ 下操作。本研究共 12 个反应器,分为 4 个组,每组 3 个平行样,通过盐度进行区分,盐度以 NaCl 浓度计,添加质量浓度分别为 0、0.5、1.0、2.0 g/L。根据盐度从低到高各组依次被命名为 R0、R1、R2 和 R3。添加基质前,每个反应器分别加入 150 mL 厌氧颗粒污泥作为接种物和 50 mL 去离子水以达到 200 mL 的工作容积。采用半连续方式进行试验,每 7 d 为 1 个周期进行 1 次进料,每次进料 2 g 餐厨垃圾与 8 g 污泥,根据表 1 所示基质性质,即加入约 0.50 g VS 的污泥和 0.43 g VS 的餐厨以获得质量浓度约为 4.6 g/L 的有机负荷用于模拟共消化基质。在前 42 d,每个周期进行 1 次进样、取样与检测;在稳定运行阶段(42~49 d),分别收集 24、60、108、144 h 和 180 h 的气体和液体样品进行 1 个周期内的产气与液相物质转化检测。

1.3 基础分析方法

TS、VS 根据国标《城市污水处理厂污泥检验方法》(CJ/T 221—2005)采用重量法测定;pH 由 pH 计(3200 M,安捷伦,美国)测定;C、H、N、S 元素由元素分析仪(vario EL cube, Element 公司,德国)测定;Na 元素含量由电感耦合等离子体发射光谱仪(Avio 500, 铂金埃尔默,新加坡)测定;气体由铝箔集气袋收集(500 mL,德霖,中国);气体组分由气相色谱仪(GC-2014,岛津,日本)测定。

1.4 DOM 的分离与测定

DOM 的分离参考 Du 等^[16]的研究,将上清液离心后过 0.45 μm 滤膜并将 pH 值调至 7.5。使用超滤离心杯(Amicon[®] Ultra, Millipore 公司,美国)分离 DOM 组分,将不同分子量间隔(1、5、10、30 kDa 和 100 kDa)的再生纤维超滤膜按从大到小的顺序放入超滤离心杯中进行离心分离。将 0~10 kDa 的部分合并至低分子量组分(LMW),将大于 10 kDa 的部分合并至高分子量组分(HMW)。用 Lowry 法测定可溶性蛋白质含量,用苯酚-硫酸法测定可溶性糖含量。

1.5 三维荧光(EEM)分析方法

取 1 mL 上清液离心后过 0.45 μm 滤膜,稀释

15 倍混匀,使用荧光光谱仪(F-7000,日立,日本)在室温下测量三维激发-发射矩阵 EEM。EEM 的扫描发射波长(E_m)为 200~500 nm,狭缝宽度为 0.1 nm,激发波长(E_x)为 200~500 nm,狭缝宽度为 10 nm。

1.6 电化学分析方法

在三电极系统中进行了电化学测量。分别选择玻碳电极、铂片电极作为工作电极与对电极,选择 Ag/AgCl 作为参比电极。循环伏安法(CV)选择电压为 -1.0~1.0 V,扫描速率为 0.05 V/s。伏安差分脉冲法(DPV)选择电压为 -1.0~0 V,扫描速率为 0.1 V/s。

1.7 微生物分析方法

选取第 49 d 中 R0(盐度质量浓度为 0)与 R2(盐度质量浓度为 1.0 g/L)的样品底泥进行微生物群落分析,主要流程为样本 DNA 提取、文库构建和测序。对于提取后脱氧核糖核酸(DNA)使用引物(CCCTAYGGGGYGCASCAG)和(GGCCATGCACY-WCYTCTC)对古菌 GU V3~V4 区域进行扩增,使用引物(CCTACGGGNGGCWGCAG)和(GACTACHVG-GGTATCTAATCC)对细菌 16S V3~V4 区域进行扩增。随后采用 Illumina Miseq 平台对 DNA 样品进行高通量测序,通过数据库对比进行结果注释,进行聚类分析(OTU)、去噪分析(ASV)和物种分类学分析。基于 OTU 分析结果,可以进行多样性指数分析,以及对测序深度的检测;基于分类学信息,可以在各个分类水平上进行群落结构的统计分析。在上述分析的基础上,可以对多样本的群落组成和系统发育信息进行多样性分析、分组检验分析、差异显著性检验、环境因子关联分析、关联与模型预测分析和功能预测等。

2 结果和讨论

2.1 盐度对厌氧消化产甲烷的影响

不同盐度的反应器产甲烷性能如图 1(a)所示,以 7 d 为 1 个进料周期,单次进料负荷约为 4.6 g VS/L。使用甲烷产率,即每次进料添加的单位底物的甲烷产量作为产甲烷性能的评价指标。在前 3 个周期(0~21 d)R1(盐度质量浓度为 0.5 g/L)、R2、R3(盐度质量浓度为 2.0 g/L)的平均甲烷产率分别为 R0 的 1.64、1.66、1.24 倍,盐度的添加均提升了早期的产甲烷效果。而前 3 个周期(0~21 d)

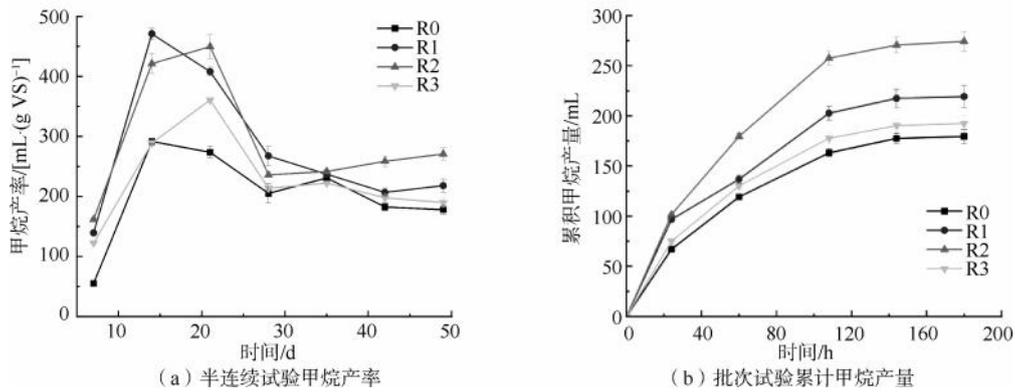


图 1 盐度对厌氧消化产甲烷的影响

Fig. 1 Influence of Salinity on Methane Production in Anaerobic Digestion

甲烷产率出现峰值,可归因于盐度对污泥和餐厨垃圾的增溶作用下^[7,17],前期累积的复杂有机物溶解的滞后性。之后4个周期(21~49 d)各组甲烷产量趋于稳定,R2表现出最佳的产甲烷性能,平均甲烷产率达到 251.68 mL/(g VS),较 R0 提升约 27.71%,R3 较 R2 表现出一定的产甲烷抑制效果,平均甲烷产率为 205.87 mL/(g VS),较 R2 下降了约 18.20%,但仍略优于 R0 的 197.07 mL/(g VS),因此较低的盐度质量浓度添加(2.0 g/L 以下)体现出良好的厌氧消化促进作用。图 1(b)为 42~49 d 一次进料周期内的累计甲烷产量,周期结束 R1、R2、R3 累计甲烷产量分别为 219.18、274.28、192.24 mL,是 R0 的 1.22、1.53、1.07 倍。在第 24 h,R1、R2 的累积甲烷产量即分别达到了 R0 的 1.44、1.52 倍,表明适当盐度的添加有效缩短了甲烷生产的滞后期。

2.2 盐度对 DOM 转化的影响

一次进料周期内 LMW、HMW 多糖(PS)与蛋白

质(PN)的降解如图 2 所示,在 144 h 内 PS 与 PN 均发生快速降解,24 h 时 R0、R1、R2、R3 的 PS 总质量浓度分别为 514.43、480.48、500.16、497.32 mg/L,180 h 时 R1、R2 与 R3 的 PS 总含量较 24 h 时降低了 31.64%、34.84%与 26.18%,与控制组 R0 相比则分别提高了 33.96%、47.50%与 10.85%;24 h 时 R0、R1、R2、R3 的 PN 总质量浓度分别为 101.87、93.62、95.85、103.90 mg/L,与 PS 类似,180 h 时 R1、R2、R3 的 PN 总含量较 24 h 降低了 42.99%、40.32%、42.66%,较控制组分别提高了 41.70%、32.90%、40.59%。PN 与 PS 的总浓度变化表明盐度的添加有效提升了 DOM 的整体降解效率。同时在 24 h,作为反应初期的水解阶段可以观察到添加盐度的组别 LMW PS/PN 占比均高于 R0,这得益于 Na⁺ 增溶与富集水解细菌的作用^[9]。而一般认为小分子的糖类物质更容易被利用并转化为甲烷菌所需的挥发酸(VFA)^[18],可以观察到,180 h 时 R1 与 R2 的 LWM PS 浓度较 24 h 时分别下降了 55.68%与

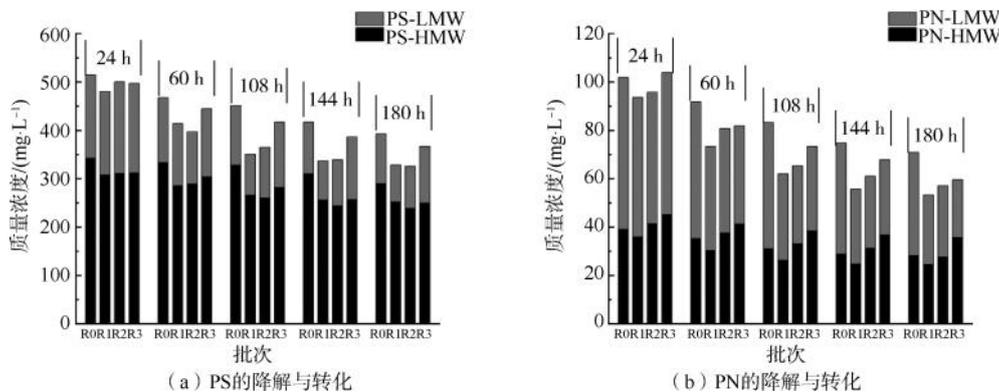


图 2 盐度对 DOM 转化的影响

Fig. 2 Impact of Salinity on DOM Transformation

54.06%, 而控制组 R0 的 LWM PS 浓度仅下降了 40.12%, 这意味着质量浓度为 0.5~1.0 g/L 的盐度添加显著提升了小分子有机物的利用效率, 并以此提升了产甲烷速率。值得注意的是, R3 中 LMW PS 浓度仅降低了 36.81%, 低于控制组, 这可能与较高的盐度影响了甲烷菌的膜功能与蛋白活性有关^[6], 而较低的产甲烷速率可能进一步导致 VFA 的积累使产甲烷性能恶化。

EEM 常用于对 DOM 进行表征, 对反应第 49 d 的样品取样进行分析, 结果如图 3 所示。根据 Jia 等^[19]的研究, E_x 为 200~250 nm 和 E_m 小于 380 nm 处的峰值代表酪氨酸和色氨酸等简单芳香蛋白(区域 I); E_x 为 200~500 nm, E_m 大于 380 nm 的峰代表腐植酸类物质(区域 II); E_x 为 250~280 nm, E_m

小于 380 nm 处的峰代表可溶性微生物副产物(区域 III); E_x 大于 280 nm, E_m 大于 380 nm 处的峰代表类腐植酸有机物(区域 IV)。EEM 光谱展示了共消化有机物的复杂性, 荧光强度与 DOM 含量成正比, 可以发现各组区域 II 腐植酸处均具有较高的荧光强度, 这可能与消化基质中的污泥组分复杂具有大量腐植酸相关。而在区域 I 酪氨酸与色氨酸处 R0 荧光强度为 2.55×10^5 , R1~R3 则分别为 1.86×10^5 、 2.00×10^5 和 1.80×10^5 , 相比 R0 各组该区域的荧光强度均明显降低。研究^[20]表明, 酪氨酸与色氨酸类蛋白需降解为氨基酸才可被微生物利用, 荧光强度降低表明盐度的添加促进了水解。这一结果与 LMW/HMW 的 PS/PN 降解结果类似, 进一步说明盐度的添加有效提升了 HMW 有机物的水解和利用。

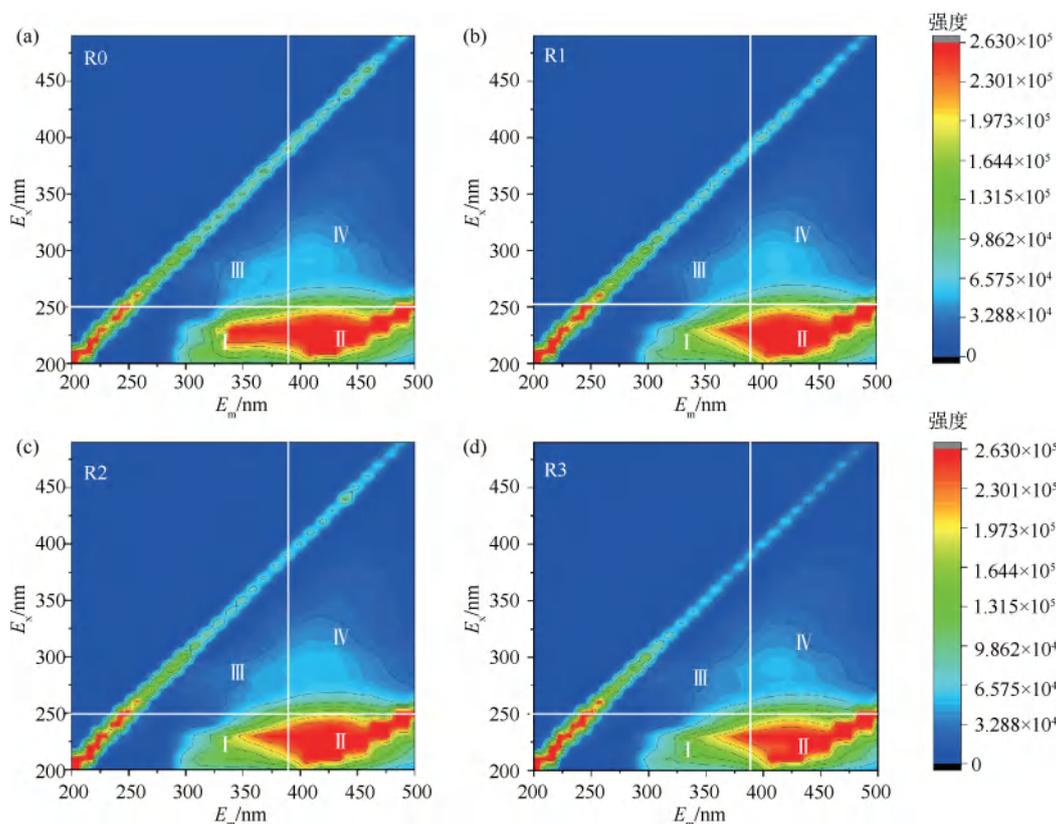


图 3 各对照组 EEM 光谱

Fig. 3 EEM Spectra of Each Control Group

2.3 体系电化学特性分析

利用 DPV 法对试验第 49 d 各组体系中电化学特性进行表征, 结果如图 4 所示。DPV 具有高灵敏度, 用以探究电子传递物质的浓度^[21]。位于 -0.6~-0.4 V 和 -0.3~-0.1 V 的 2 对的峰值分别对应于

黄素类物质与细胞色素 C^[22], 向上的氧化峰与向下的还原峰的峰高代表该物质的相对含量。黄素(flavins)是重要的氧化还原介体^[22], 但加入 NaCl 所致的峰型不明显。而与之相对, 随着 NaCl 添加浓度的提升, 细胞色素 c(c-Cyts) 出现明显峰型, c-Cyts

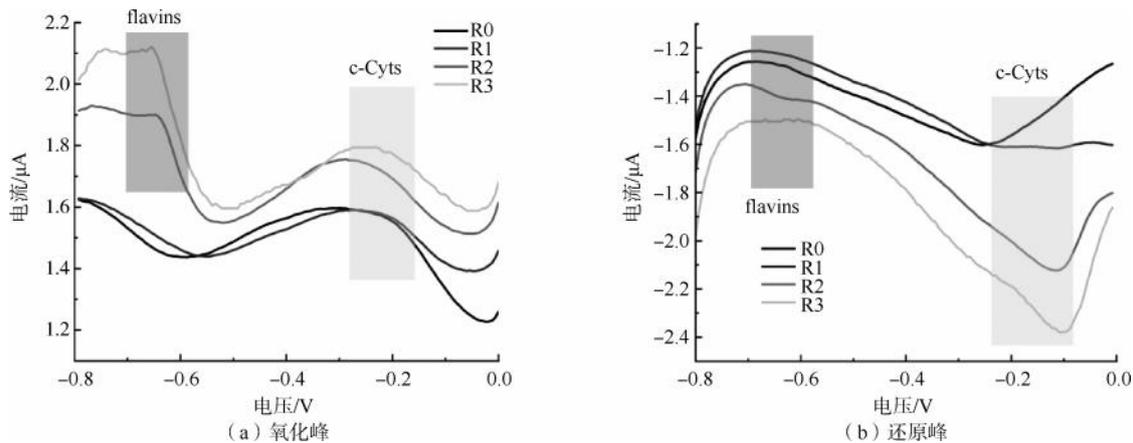


图4 各组 DPV 曲线对比

Fig. 4 DPV Curves of Each Group

是重要的电子传递载体,参与产甲烷过程的电子传递。此外,c-Cyts 还被认为是负责微生物活性的重要成分,与 ATP 代谢和细胞生命活动密切相关^[23]。R2、R3 与 c-Cyts 相关的峰电流显著高于 R0,这表明 NaCl 的添加可能有效促进了细胞代谢过程,但 R3 的产甲烷性能较 R2 下降,可能归因于盐度添加对产甲烷关键酶辅酶 F420 的活性抑制^[24]。

各组的 CV 曲线如图 5 所示,利用对曲线封闭面积积分可表征体系电子转移强度^[25],通过 Origin 软件对峰面积进行积分处理得到 R1、R2、R3 的绝对峰面积分别为 2.32×10^{-5} 、 2.71×10^{-5} 、 $2.79 \times 10^{-5} \text{ V} \cdot \text{A} / \text{cm}^2$,分别较 R0 提高了 13.7%、32.8%、36.8%,这说明盐度的添加有效提升了体系的电子容量,为产甲烷反应提供了较为充足的电子供体。且 R0 的 CV 曲线较为平滑,而 R2 和 R3 与 R0 相比出现了较为明显氧化还原峰,与 DPV 结果相互印证,证明盐度的添加有效促进了 c-Cyts 等氧化还原与电子介导体的产生,提升了体系整体电子传递能力。

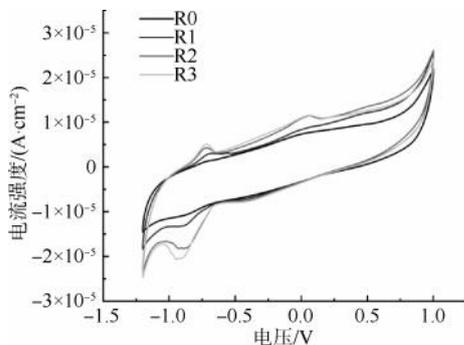


图5 各组 CV 曲线对比

Fig. 5 CV Curves of Each Group

2.4 微生物群落组成分析

为研究盐度添加对共消化微生物群落的影响,选取 R0 与 R2 进行对比。图 6(a)为基于相对丰度的门水平细菌群落结构,其中厚壁菌门(Firmicutes)为优势菌种,绿弯菌门(Chloroflexi)次之,在 R0 中的占比分别为 29.17%和 27.20%,在 R1 中占比分别为 27.58%和 25.26%,二者均为常见的厌氧消化水解发酵细菌,其中 Firmicutes 是与厌氧消化稳定性直接相关的重要水解细菌,还参与乙酸盐和氢气等产甲烷前体的生产^[26],而 Chloroflexi 为兼性厌氧菌门,主要作用于碳水化合物的水解^[27]。值得注意的是,R2 中的骸骨菌门(Patescibacteria)与联合菌门(Synergistota)的相对丰度于 R0 有较高丰度,相对丰度分别为 2.62%与 2.19%,均达到 R0 的 1.49 倍。其中 Patescibacteria 被认为是其他细菌与古菌的重要互养体^[28],协助古菌进行反应前体的生产;而 Synergistota 则是一种电活性细菌,被证明可与氢营养型产甲烷菌建立互养代谢^[29]。

进一步对基于属水平的细菌群落结构分析如图 6(b)所示,R0 和 R1 中的优势菌属较为接近,主要为厌氧绳菌属(*Norank_anaerolineaceae*)、解蛋白质菌属(*Proteiniclasticum*)和蒂西耶氏菌属(*Tissierella*),在 R0 中相对丰度分别为 10.43%、9.90%和 9.50%,在 R1 中相对丰度分别为 12.85%、9.62%和 9.13%。值得注意的是,R2 中的屠宰场拟杆菌属(*Macellibacteroides*)、史密斯氏互养菌属(*Smithella*)和克里斯滕森氏菌(*Christensenellaceae_R-7_group*)菌属被显著富集,其相对丰度达到 4.63%、2.87%和 2.24%,分别为对照组的 7.09、1.43 倍和 2.37 倍。

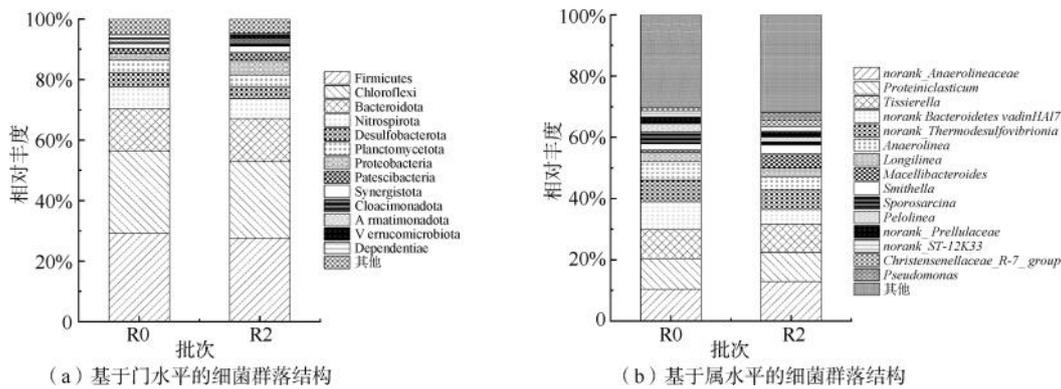


图 6 R0 和 R2 的细菌群落结构

Fig. 6 Bacterial Community Structures of R0 and R2

其中 *Macellibacteroides* 和 *Christensenellaceae* _R-7_group 都是重要的发酵细菌,可将复杂有机物转化为供产甲烷菌使用的 VFA^[30-31],而 *Smithella* 则是一种使用短链酸为底物的产甲烷互养细菌,有助于加强产甲烷过程中的电子交换^[32]。因此,质量浓度为 1.0 g/L 的盐度添加可能通过富集水解细菌与产甲烷互养细菌,有效加快了复杂有机物的水解,同时强化了细菌群落的产甲烷协同作用,以此增强了体系的产甲烷性能。

R0 和 R2 基于属水平的古菌群落结构则如图 7 所示,其中鬃毛甲烷菌属 (*Methanosaeta*) 为优势菌种,在 R0 和 R2 中占比分别为 54.56% 和 47.07%; 甲烷杆菌属 (*Methanobacterium*) 次之,在 R0 和 R2 中占比分别为 20.17% 和 19.48%。一般认为 *Methanosaeta* 是以乙酸为底物的产甲烷古菌^[33],但同时也有研究表明^[34],*Methanosaeta* 能通过种间电子传递接受电子将二氧化碳还原为甲烷。*Methanobacterium* 则被认为是一种使用甲酸、氢气与二氧化碳生产甲烷的产甲烷微生物^[35]。值得注意

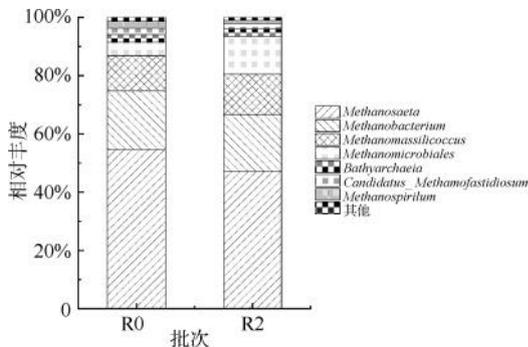


图 7 R0 和 R2 基于属水平的古菌群落结构

Fig. 7 Archaeal Community Structure of R0 and R2 Based on Genus-Level

的是,R2 中的甲烷微菌属 (*Methanomicrobiales*) 相对丰度为 12.95%,是 R0 的 2.82 倍,*Methanomicrobiales* 主要利用氢气或甲酸盐为电子供体还原二氧化碳产甲烷,表明盐度的添加可能促使产甲烷古菌群落结构由乙酸型产甲烷向氢营养型产甲烷转变。

图 8 为 R0 与 R2 基于 FAPROTAX 数据库的微生物群落功能预测图。FAPROTAX 为 Louca 等^[36]为解析微生物群落功能于 2016 年创建的基于原核微生物分类的功能注释数据库,用于进行微生物群落功能预测。通过数据库对比分析,发现 R2 产甲烷功能基因绝对丰度达 33 534,较 R0 的 31 239 提升约 7.35%。在 R0 与 R2 中主要的产甲烷途径为氢还原二氧化碳产甲烷,绝对丰度为 21 510 和 23 767,占比分别为 68.8% 和 70.9%;甲基营养型产甲烷途径次之-绝对丰度分别为 9 729 和 9 767,R0 和 R2 差别不大。因此,盐度的添加主要提升了体系中的氢还原二氧化碳产甲烷途径。与 R0 相比,R2 的氢还原二氧化碳产甲烷途径绝对丰度提升了约

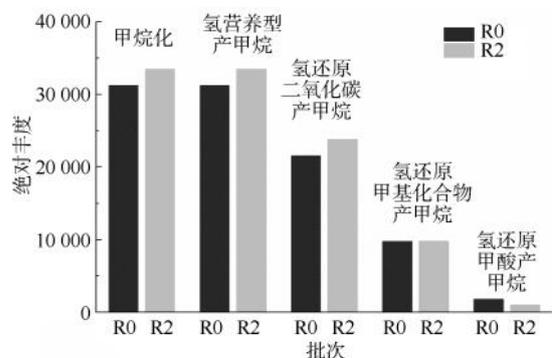


图 8 基于 FAPROTAX 的微生物群落功能预测

Fig. 8 Microflora Functional Predictions Based on FAPROTAX

10.49%,这归因于盐度添加导致的产甲烷途径转移^[37]和Na⁺添加对细胞能量代谢的改善^[38]。电化学测试与细胞群落结构变化也显示,盐度的加入也促进了更多的电子介导载体 c-Cyts 的产生,提升了群落中互养微生物的相对丰度,多种因素可能共同促进了产甲烷过程的能量代谢,提升了体系整体的产甲烷效率。

3 结论

(1)适当的盐度有效提升了餐厨与污泥共消化的甲烷产量,在NaCl添加质量浓度为1.0 g/L时达到最佳的产甲烷效果,较空白组提升26.45%。

(2)盐度有效促进了DOM的降解促进了高分子量DOM向低分子量DOM的转化并提升了低分子量DOM的生物利用效率。

(3)盐度添加促进了c-Cyts的产生,在促进细胞代谢的同时增强了体系电子传递效率。

(4)适当的盐度促使Patescibacteria和Synergistota等互养代谢细菌的丰度提升,通过强化群落种间电子传递和协同产甲烷作用,促进了以氢还原二氧化碳为主的甲烷生成路径。

参考文献

- [1] ZHANG B, ZHOU X, REN X, et al. Recent research on municipal sludge as soil fertilizer in China: A review[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2023, 234(2): 119. DOI: 10.1007/s11270-023-06142-w.
- [2] LIU R, HUANG R, SHEN Z, et al. Optimizing the recovery pathway of a net-zero energy wastewater treatment model by balancing energy recovery and eco-efficiency [J]. *Applied Energy*, 2021, 298: 117157. DOI: 10.1016/j.apenergy.2021.117157.
- [3] ZHAO S, YAN K, WANG Z, et al. Does anaerobic digestion improve environmental and economic benefits of sludge incineration in China? Insight from life-cycle perspective [J]. *Resources, Conservation and Recycling*, 2023, 188: 106688. DOI: 10.1016/j.resconrec.2022.106688.
- [4] CHENG H, LI Y M, HU Y S, et al. Bioenergy recovery from methanogenic co-digestion of food waste and sewage sludge by a high-solid anaerobic membrane bioreactor (AnMBR): Mass balance and energy potential [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 326: 124754. DOI: 10.1016/j.biortech.2021.124754.
- [5] GUVEN H, ERSAHIN M E, OZGUN H. Energy self-sufficiency in wastewater treatment plants: Perspectives, challenges, and opportunities[J]. *Clean Energy and Resource Recovery*, 2022: 105-122. DOI: 10.1016/B978-0-323-90178-9.00019-6.
- [6] CHEN Y, CHENG J J, CREAMER K S. Inhibition of anaerobic digestion process: A review[J]. *Bioresource Technology*, 2008, 99(10): 4044-4064.
- [7] LI X F, HUANG J J, LIU Y Y, et al. Effects of salt on anaerobic digestion of food waste with different component characteristics and fermentation concentrations [J]. *Energies*, 2019, 12(18): 3571. DOI: 10.3390/en12183571.
- [8] ZHAO J, LIU Y, WANG D, et al. Potential impact of salinity on methane production from food waste anaerobic digestion [J]. *Waste Management*, 2017, 67: 308-314. DOI: 10.1016/j.wasman.2017.05.016.
- [9] ZHAO J, ZHANG C, WANG D, et al. Revealing the underlying mechanisms of how sodium chloride affects short-chain fatty acid production from the cofermentation of waste activated sludge and food waste [J]. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering*, 2016, 4(9): 4675-4684.
- [10] SOROKIN D Y, MAKAROVA K S, ABBAS B, et al. Discovery of extremely halophilic, methyl-reducing euryarchaea provides insights into the evolutionary origin of methanogenesis [J]. *Nature microbiology*, 2017, 2(8): 1-11.
- [11] SCHLEGEL K, LEONE V, FARALDO-GÓMEZ J D, et al. Promiscuous archaeal ATP synthase concurrently coupled to Na⁺ and H⁺ translocation [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2012, 109(3): 947-952.
- [12] SCHLEGEL K, MÜLLER V. Evolution of Na⁺ and H⁺ bioenergetics in methanogenic archaea [J]. *Biochemical Society Transactions*, 2013, 41(1): 421-426.
- [13] WANG Q, GONG C, JIANG J, et al. Effect of NaCl content on VFA concentration and composition during anaerobic fermentation of kitchen waste [J]. *China Environmental Science*, 2015, 34(12): 3127-3132.
- [14] NGHIEM L D, KOCH K, BOLZONELLA D, et al. Full scale co-digestion of wastewater sludge and food waste: Bottlenecks and possibilities [J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2017, 72: 354-362. DOI: 10.1016/j.rser.2017.01.062.
- [15] LIU K, LÜ L, LI W, et al. A comprehensive review on food waste anaerobic co-digestion: Research progress and tendencies [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 878: 163155. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.163155.
- [16] DU X, GU L P, WANG T T, et al. The relationship between the molecular composition of dissolved organic matter and bioavailability of digestate during anaerobic digestion process: Characteristics, transformation and the key molecular interval [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 342: 125958. DOI: 10.1016/j.biortech.2021.125958.
- [17] KAVITHA S, KALIAPPAN S, KUMAR S A, et al. Effect of NaCl induced flocculation on biological disintegration of sludge for enhanced biogas production [J]. *Bioresource Technology*, 2015, 192: 807-811. DOI: 10.1016/j.biortech.2015.05.

- 071.
- [18] PRAMANIK S K, SUJA F B, ZAIN S M, et al. The anaerobic digestion process of biogas production from food waste: Prospects and constraints[J]. *Bioresource Technology Reports*, 2019, 8: 100310. DOI: 10.1016/j.biteb.2019.100310.
- [19] JIA X, ZHU C, LI M, et al. A comparison of treatment techniques to enhance fermentative hydrogen production from piggery anaerobic digested residues[J]. *International Journal of Hydrogen Energy*, 2013, 38(21): 8691–8698.
- [20] CHEN J, ZHANG P, ZHANG J, et al. Micro-nano magnetite-loaded biochar enhances interspecies electron transfer and viability of functional microorganisms in anaerobic digestion[J]. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering*, 2022, 10(8): 2811–2821.
- [21] JIA Y, QIAN D, CHEN Y, et al. Intra/extracellular electron transfer for aerobic denitrification mediated by in-situ biosynthesis palladium nanoparticles [J]. *Water Research*, 2021, 189: 116612. DOI: 10.1016/j.watres.2020.116612.
- [22] ENSAFI A A, TAEI M, KHAYAMIAN T, et al. Highly selective determination of ascorbic acid, dopamine, and uric acid by differential pulse voltammetry using poly (sulfonazo III) modified glassy carbon electrode[J]. *Sensors and Actuators B: Chemical*, 2010, 147(1): 213–221.
- [23] ZHANG S, CHANG J, LIN C, et al. Enhancement of methanogenesis via direct interspecies electron transfer between *Geobacteraceae* and *Methanosacetaceae* conducted by granular activated carbon[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 245: 132–137. DOI: 10.1016/j.biortech.2017.08.111.
- [24] JIN B, NIU J, ZHANG J, et al. Response of extracellular polymeric substances and enzymatic activity to salinity for the waste activated sludge anaerobic fermentation process [J]. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 2020, 43: 737–745. DOI: 10.1007/s00449-019-02253-z.
- [25] CHOI K S, KONDAVEETI S, MIN B. Bioelectrochemical methane (CH_4) production in anaerobic digestion at different supplemental voltages[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 245: 826–832. DOI: 10.1016/j.biortech.2017.09.057.
- [26] PASALARI H, GHOLAMI M, REZAEE A, et al. Perspectives on microbial community in anaerobic digestion with emphasis on environmental parameters: A systematic review [J]. *Chemosphere*, 2021, 270: 128618. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2020.128618.
- [27] FENG S, HOU S, HUANG X, et al. Insights into the microbial community structure of anaerobic digestion of municipal solid waste landfill leachate for methane production by adaptive thermophilic granular sludge [J]. *Electronic Journal of Biotechnology*, 2019, 39: 98–106. DOI: 10.1016/j.ejbt.2019.04.001.
- [28] KURODA K, YAMAMOTO K, NAKAI R, et al. Symbiosis between *Candidatus* Patescibacteria and archaea discovered in wastewater-treating bioreactors [J]. *MBio*, 2022, 13(5): e01711–22. DOI: 10.1128/mbio.01711–22.
- [29] SHAO M, ZHANG C, WANG X, et al. Co-digestion of food waste and hydrothermal liquid digestate: Promotion effect of self-generated hydrochars [J]. *Environmental Science and Ecotechnology*, 2023, 15: 100239. DOI: 10.1016/j.ese.2023.100239.
- [30] ZHANG B, XU X, ZHU L. Structure and function of the microbial consortia of activated sludge in typical municipal wastewater treatment plants in winter [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 17930. DOI: 10.1038/s41598-017-17743-x.
- [31] CHEN R, LI Z, FENG J, et al. Effects of digestate recirculation ratios on biogas production and methane yield of continuous dry anaerobic digestion [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 316: 123963. DOI: 10.1016/j.biortech.2020.123963.
- [32] SUN M C, ZHANG Z H, LÜ M A, et al. Enhancing anaerobic digestion performance of synthetic brewery wastewater with direct voltage[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 315: 123764. DOI: 10.1016/j.biortech.2020.123764.
- [33] SMITH K S, INGRAM-SMITH C. Methanosaeta, the forgotten methanogen? [J]. *Trends in Microbiology*, 2007, 15(4): 150–155.
- [34] ROTARU A E, SHRESTHA P M, LIU F, et al. A new model for electron flow during anaerobic digestion: Direct interspecies electron transfer to Methanosaeta for the reduction of carbon dioxide to methane[J]. *Energy & Environmental Science*, 2014, 7(1): 408–415.
- [35] TANG T T, WANG Y, ZHAO X L. New insights into antibiotic stimulation of methane production during anaerobic digestion[J]. *Chemosphere*, 2023: 140785. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2023.140785.
- [36] LOUCA S, PARFREY L W, DOEBELI M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome [J]. *Science*, 2016, 353(6305): 1272–1277.
- [37] ZHANG J, ZHANG R, HE Q, et al. Adaptation to salinity: Response of biogas production and microbial communities in anaerobic digestion of kitchen waste to salinity stress[J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2020, 130(2): 173–178.
- [38] SHI Y, FANG H, LI Y Y, et al. Single and simultaneous effects of naphthalene and salinity on anaerobic digestion: Response surface methodology, microbial community analysis and potential functions prediction[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 291: 118188. DOI: 10.1016/j.envpol.2021.118188.