



金宝丹,王家城,杜静雨,等. 食品工业生产废弃物协同低有机质剩余污泥共发酵产酸性能研究[J]. 轻工学报,2025,40(4):115-126.
JIN B D, WANG J C, DU J Y, et al. The acid production performance of co-fermentation between food industry waste and low organic matter residual sludge[J]. Journal of Light Industry, 2025, 40(4): 115-126.
DOI: 10.12187/2025.04.013

食品工业生产废弃物协同低有机质剩余污泥 共发酵产酸性能研究

金宝丹¹, 王家城¹, 杜静雨¹, 邓伟玲¹, 古家宇¹, 王保贵², 贾宇升¹

1. 郑州轻工业大学 材料与化学工程学院, 河南 郑州 450001;
2. 中原环保股份有限公司, 河南 郑州 450008

摘要: 为同时解决食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥的处理处置问题, 将这 2 种废弃物进行共发酵处理, 考查不同质量比(0:1.0、0.5:1.0、1.0:1.0 和 1.5:1.0) 下二者共发酵系统(H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统) 的性能。结果表明: 食品工业生产废弃物的引入会显著降低共发酵系统的水解性能, 同时明显提高共发酵系统的酸化性能, 在 H3 共发酵系统中, 化学需氧量(COD) 和可挥发性短链脂肪酸(SCFAs) 的质量浓度均最高, 分别是 H0 共发酵系统的 2.83 倍和 2.30 倍。随着食品工业生产废弃物投加量的增加, NH_4^+-N 的质量浓度显著降低, H3 共发酵系统仅为 H0 共发酵系统的 31.9%, 而 $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 的质量浓度因 $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ 和 CaNH_4PO_4 沉淀的生成保持在较低水平($\leq 1.01 \text{ mg/L}$)。此外, 生物酶活性也发生了显著变化, 蛋白酶、酸性磷酸酶和丁酸激酶活性均降低, 而 α -葡萄糖苷酶和碱性磷酸酶活性均升高, 脱氢酶活性受食品工业生产废弃物投加量的影响较小, 乙酸激酶活性则呈先升高后降低的趋势。适量引入食品工业生产废弃物还能促进功能微生物 Firmicutes(产乙酸菌优势门)、Proteobacteria、Actinobacteriota 和 Bacteroidota 的富集, 在 H2 共发酵系统中, Firmicutes 的相对丰度最高, 达 63.1%。因此, 适量引入食品工业生产废弃物能够实现低有机质剩余污泥发酵系统高效产酸的目的。

关键词: 食品工业生产废弃物; 低有机质剩余污泥; 共发酵; 生物酶; 功能微生物

中图分类号: TS201.1; X703 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-1553(2025)04-0115-12

0 引言

活性污泥法是我国城镇污水处理厂采用的主要处理方法, 具有净化效果好、成本低、操作简便等优点。然而, 在污水处理厂运行过程中, 会产生大量的剩余污泥。据统计, 我国剩余污泥年产量达到 $7.1 \times 10^7 \text{ t}$ (含水率 80%), 而其中 80% 的剩余污泥未

经过稳定化处理^[1]。同时, 大部分剩余污泥为低有机质剩余污泥, 混合液挥发性悬浮物 (MLVSS) 含量与混合液悬浮物 (MLSS) 含量的比值 $< 50\%$, 这增加了剩余污泥处理处置的难度^[2]。污泥厌氧发酵是一种应用广泛的污泥处理技术, 可将剩余污泥中的有机质转化为可挥发性短链脂肪酸 (SCFAs)^[3]。然而, 低有机质剩余污泥的厌氧发酵产能较低, 严重

收稿日期: 2024-04-17; 修回日期: 2024-07-20; 出版日期: 2025-08-15

基金项目: 国家自然科学基金项目 (42007340); 河南省科技攻关项目 (232102321058)

作者简介: 金宝丹 (1985—), 女, 吉林省长春市人, 郑州轻工业大学副教授, 博士, 主要研究方向为污泥处理与处置。E-mail: 2016024@zzuli.edu.cn

影响了 SCFAs 的转化效率。因此,如何提高低有机质剩余污泥的厌氧发酵效果,已成为当前重要的研究课题之一。

我国食品工业产生的废弃物逐年增多,该类废弃物具有有机质含量高、易腐败、易生物降解等特点,若不进行有效处理,其产生的臭气、废水等会造成严重的环境污染问题。目前,食品工业生产废弃物的处理方法主要有填埋、热处理、生物处理等^[4-5]。其中,厌氧发酵技术处理效果好、环境影响小,被认为是一种经济有效的有机废弃物处理方法,而厌氧发酵也可将食品工业生产废弃物中的有机质转化为 SCFAs。SCFAs 不仅可作为碳源用于低碳氮比的城市污水处理厂,解决其碳源短缺问题,同时它也是常用的工业生产基质。然而,食品工业生产废弃物厌氧发酵过程中存在菌种单一、碳氮比失衡、系统不稳定等问题。因此,将食品工业生产废弃物引入低有机质剩余污泥厌氧发酵系统进行共发酵处理,既可以解决低有机质剩余污泥发酵系统中有机质不足的问题,又能提高食品工业生产废弃物发酵系统生物多样性、平衡发酵系统碳氮比,将低有机质剩余污泥和食品工业生产废弃物转化为具有更高潜在价值的 SCFAs,最终实现低有机质剩余污泥和食品工业生产废弃物的高效处理及资源回收的目的。

目前的研究主要集中在食品工业生产废弃物与剩余污泥的厌氧消化处理上。R. Vaidya 等^[6]研究表明,食品工业生产废弃物能够提高剩余污泥厌氧消化产甲烷性能。王志华^[7]研究表明,相较于单一发酵系统,采用剩余污泥和食品工业生产废弃物构建共发酵系统产甲烷效率更高、更稳定。Q. Li 等^[8]研究表明,高温和高有机负荷可保证剩余污泥和食品工业生产废弃物厌氧消化的高效性和稳定性。然而,关于食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥共发酵产酸的研究仍较少,特别是针对剩余污泥性质、生物酶变化等的研究报道鲜见。

鉴于此,本研究拟将食品工业生产废弃物引入低有机质剩余污泥厌氧发酵过程构建共发酵系统,通过考查食品工业生产废弃物对共发酵系统中蛋白质、多糖、化学需氧量(COD)、SCFAs、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、

$\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 等质量浓度的影响,验证食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥共发酵产酸的可行性。通过分析共发酵系统中蛋白酶、 α -葡萄糖苷酶、碱性磷酸酶、酸性磷酸酶、脱氢酶、过氧化物酶、超氧化物歧化酶、乙酸激酶、丁酸激酶等关键酶的活性,深入分析食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥共发酵的内在驱动力,并结合功能菌群,探索食品工业生产废弃物协同低有机质剩余污泥共发酵产酸的机理,以期食品工业生产废弃物和低有机质剩余污泥的资源化利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验样品、共发酵装置、试剂与仪器

实验污泥,取自郑州市某市政污水处理厂二沉池回流污泥,使用前用自来水清洗 3 次,去除污泥表面残留的 COD、蛋白质、多糖、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 等物质,将清洗后的污泥进行浓缩后作为实验污泥。MLSS 和 MLVSS 的质量浓度分别为 $(15\ 000 \pm 405)$ mg/L 和 (7240 ± 142) mg/L。滤液 COD 质量浓度为 (11.5 ± 0.48) mg/L,蛋白质和多糖质量浓度分别为 (5.5 ± 0.1) mg/L 和 (4.0 ± 0.2) mg/L(以 COD 计,下同), $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 质量浓度分别为 (3.12 ± 0.50) mg/L 和 (0.18 ± 0.15) mg/L。

食品工业生产废弃物,来源于以加工大米为主的食物加工厂,以蒸煮后的大米为主,含水率约 65%,含碳水化合物约 25%,含蛋白质约 7%。为保证实验所需食品工业生产废弃物性质一致,需一次性收集后搅碎,置于 $-20\ ^\circ\text{C}$ 冰箱中保存,备用。

主要试剂: $\text{Ca}(\text{OH})_2$ (化学纯),国药集团化学试剂有限公司;超纯水,郑州轻工业大学实验室自制。羟胺法试剂盒,南京建成生物工程公司。乙酸激酶和丁酸激酶试剂盒,上海通蔚生物科技有限公司。其他化学试剂均为分析纯或优级纯。

主要仪器: 5B-1F 型 COD 快速消解仪,北京连华永兴科技发展有限公司;UV2400 型紫外-可见分光光度计,上海舜宇恒平科学仪器有限公司;Agilent 6890B 型气相色谱仪,安捷伦科技(中国)有限公司;Nanodrop 2000 型微量分光光度计,基因科技(上海)股份有限公司。

1.2 共发酵装置及系统启动

共发酵装置:采用有机玻璃材质,总体积为 2.5 L,有效容积为 2.0 L。装置内通过磁力搅拌器进行匀速搅拌,转速为 300 r/min,反应温度为室温。

分别取 4 份 2 L 浓缩后的剩余污泥(含悬浮污泥 30 g),投入 H0、H1、H2 和 H3 4 个厌氧发酵反应器中,使用 2 mol/L 的 $\text{Ca}(\text{OH})_2$ 悬浊液控制厌氧发酵反应器内的 pH 值为 10;再向各反应器中分别投加 0 g、15 g、30 g 和 45 g 的食品工业生产废弃物,即与悬浮污泥的质量比分别为 0 : 1.0、0.5 : 1.0、1.0 : 1.0 和 1.5 : 1.0,各反应器均使用橡胶塞密封,保持其处于厌氧状态,启动磁力搅拌器,每隔 48 h 取样测定理化指标。

1.3 实验方法

指标测定:取适量发酵产物,以 6000 r/min 的转速离心 15 min 进行泥水分离,然后利用 0.45 μm 混合纤维滤膜抽滤上清液,所得抽滤液用于 COD、蛋白质、多糖、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 等质量浓度分析。采用国标法测定 COD、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 等质量浓度^[9];使用气相色谱仪测定 SCFAs 质量浓度;采用 Lower-follin 法测定蛋白质质量浓度^[10];采用硫酸-蒽酮法测定多糖质量浓度^[11];使用微量分光光度计测定 DNA 质量浓度^[12]。

生物酶活性测定:在发酵稳定期(7~20 d),取第 12 d 的发酵样品测定生物酶活性。 α -葡萄糖苷酶和蛋白酶活性均采用偶氮酪蛋白分光光度计法测定,碱性磷酸酶和酸性磷酸酶活性均采用对硝基苯磷酸二钠分光光度法测定^[13];利用碘硝基四唑紫(INT)作为人工受氢体进行脱氢酶活性(DHA)检测,均以每毫克可挥发性污泥中相关生物酶的活性计。过氧化物酶和超氧化物歧化酶活性均采用羟胺法试剂盒测定,均以每毫克组织蛋白中相关生物酶的活性计;乙酸激酶和丁酸激酶活性均采用相应试剂盒测定,均以每克发酵混合液中相关生物酶的活性计。

胞外聚合物(EPS)测定;EPS 通常分为黏液层 EPS(S-EPS)、松散层 EPS(LB-EPS)和紧致层 EPS(TB-EPS),参考 L. Miao 等^[14]的超声离心法进行提取;各层蛋白质和多糖质量浓度测定方法同前文。

微生物菌群分析:共发酵系统共运行 22 d,在第

20 d 取 10 mL 发酵液,以 6000 r/min 的转速离心 15 min,弃去上清液,保留污泥。对该发酵污泥样品进行 Illumina MiSeq 高通量测序。具体步骤为:污泥样品经 DNA 提取后,进行 PCR 扩增;通过 Illumina Miseq 测序平台,针对 V3~V4 区域,使用通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806R (5'-GGACTACCAGGTATCTAAT-3') 进行测序。

1.4 数据处理

采用 Excel 2021、Origin 2021 及 SPSS Statistic 26 软件对实验数据进行计算、方差分析、均值多重比较和相关性分析;采用单因素方差分析(ANOVA)方法分析发酵稳定期的 COD、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 、蛋白质、多糖、SCFAs 等质量浓度,所有实验均重复 3 次, $P < 0.05$ 表示有统计学意义, $P < 0.001$ 表示具有显著性差异。

2 结果与讨论

2.1 共发酵系统水解酸化情况分析

2.1.1 食品工业生产废弃物对共发酵系统水解性能的影响 蛋白质和多糖是污泥厌氧发酵系统中酸化菌生产 SCFAs 的重要基质,也是污泥中 EPS 的重要组成部分,对发酵系统的稳定性起着重要作用。不同共发酵系统中蛋白质、多糖和 COD 的质量浓度如图 1 所示,其中不同小写字母表示组间差异显著,下同。由图 1a) 和 b) 可知,食品工业生产废弃物的投加对共发酵系统中蛋白质和多糖的质量浓度具有显著影响,其中 H0 共发酵系统与 H1、H2、H3 共发酵系统之间均存在显著性差异($P < 0.001$),而 H1、H2、H3 共发酵系统之间无显著性差异($P > 0.001$)。随着食品工业生产废弃物投加量的增加,共发酵系统中蛋白质和多糖的质量浓度均呈降低趋势,其中 H3 共发酵系统蛋白质和多糖的质量浓度均最低,分别为 161.17 mg/L 和 101.83 mg/L,仅为 H0 发酵系统的 63.8% (252.73 mg/L) 和 68.2% (149.31mg /L),这可能与 H3 共发酵系统中的 Ca^{2+} 和 OH^- 有关。H. J. Lai 等^[15]研究发现,在碱性条件下, Ca^{2+} 会与蛋白质和多糖发生再絮凝,使细胞的 EPS 结构更加稳定,防止细胞质溶解,本文研究结果与之较一致。此外,食品工业生产废弃物向共发酵系

统中提供了大量碳水化合物,刺激并提高了 α -葡萄糖苷酶活性,使共发酵系统中的多糖被利用生成 SC-FAs,进一步降低了共发酵系统中多糖的质量浓度。由图 1c)可知,H3 共发酵系统的 COD 质量浓度与 H0、H1、H2 共发酵系统存在显著性差异 ($P < 0.001$),而 H0、H1、H2 共发酵系统之间无显著性差异 ($P > 0.001$),这表明高投加量食品工业生产废弃物对共发酵系统中 COD 质量浓度的影响较大。与蛋白质和多糖质量浓度的变化趋势相反,共发酵系统中 COD 质量浓度随食品工业生产废弃物投加量的增加而增大,H3 共发酵系统 COD 的质量浓度最大,高达 5 101.19 mg/L,是 H0 共发酵系统的 2.83 倍(1 805.84 mg/L),这可能是因为食品工业生产废弃物引入了大量碳水化合物,导致共发酵系统中 COD 的质量浓度增加。

DNA 质量浓度可表征共发酵系统污泥的破碎程度,因此,DNA 质量浓度越大,共发酵系统中污泥的水解速率越高。由图 2a)可知,与蛋白质和多糖

质量浓度相似,共发酵系统中 DNA 质量浓度随着食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,表明食品工业生产废弃物的投加改变了低有机质剩余污泥的发酵特性,这可能是由于食品工业生产废弃物的引入增加了 $\text{Ca}(\text{OH})_2$ 的用量, Ca^{2+} 与蛋白质和多糖发生再絮凝反应,导致低有机质剩余污泥的水解速率下降,不仅阻碍了蛋白质和多糖的溶解,也降低了 DNA 的释放。碱性条件能够促进厌氧发酵系统污泥的水解速率,因此,碱剂的用量对污泥厌氧发酵性能具有显著影响。由 2b)可知,各共发酵系统发酵结束后,共发酵系统的累积耗碱量随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大。发酵至 22 d 时,H3 共发酵系统的累积耗碱量最大,是 H0 共发酵系统的 2.72 倍。这是因为 H3 共发酵系统中 Ca^{2+} 和 OH^- 与蛋白质和多糖发生了再絮凝反应,这与共发酵系统中蛋白质和多糖质量浓度变化趋势相符;同时,共发酵系统中的 NH_4^+-N 和 $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 物质也与 Ca^{2+} 和 OH^- 发生反应,均消耗了大量的 $\text{Ca}(\text{OH})_2$ 。

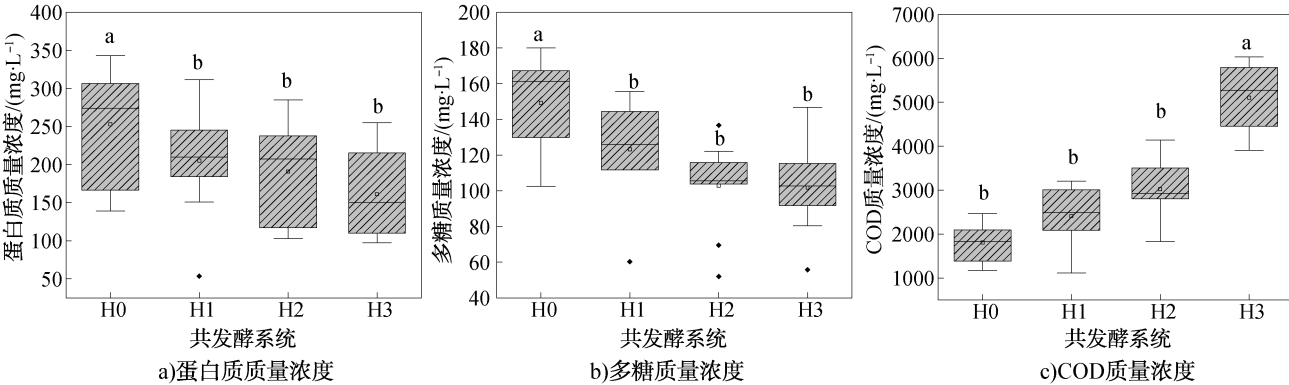


图 1 不同共发酵系统中蛋白质、多糖和 COD 的质量浓度

Fig. 1 Mass concentrations of protein, polysaccharide and COD in different co-fermentation systems

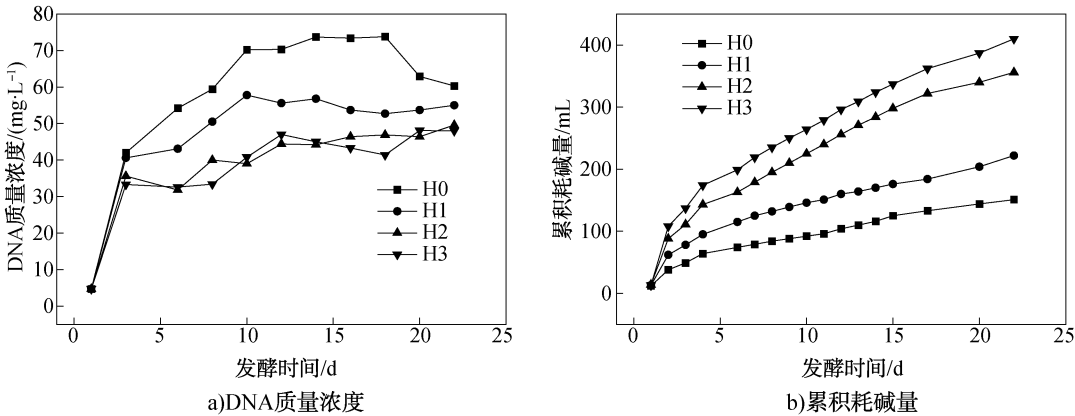


图 2 不同共发酵系统中 DNA 质量浓度和累积耗碱量

Fig. 2 DNA mass concentration and cumulative alkali consumption in different co-fermentation systems

综上可知,食品工业生产废弃物对共发酵系统的水解性能具有显著影响。

2.1.2 食品工业生产废弃物对共发酵系统产酸性能的影响 酸化菌可利用单糖、氨基酸等水解基质生成 SCFAs^[16],因此,SCFAs 是污泥厌氧发酵系统产酸性能的重要指标。不同共发酵系统中 SCFAs 的质量浓度如图 3 所示。由图 3 可知,与 COD 相似,共发酵系统中 SCFAs 质量浓度随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大。其中,H3 共发酵系统中 SCFAs 质量浓度最高,为 3 959.92 mg/L,是 H0 共发酵系统的 2.30 倍,表明食品工业生产废弃物能够显著改善共发酵系统的产酸性能。Y. Y. Li 等^[17]研究发现,富含碳水化合物的底物在发酵系统中易被快速酸化生成 SCFAs。本研究所用食品工业生产废弃物约含 25%碳水化合物,其在 α -葡萄糖苷酶的作用下产生的小分子糖类可作为污泥厌氧发酵酸化阶段的反应基质,增强厌氧发酵的产酸性能,提高酸化阶段 SCFAs 的质量浓度。该结果也与各共发酵系统累积耗碱量结果相符,H3 共发酵系统的累积耗碱量最大,这是因为食品工业生产废弃物的投加提高了共发酵系统的 SCFAs 产量,而过多的 SCFAs 又会造成共发酵系统的酸度增大,即 pH 值降低。为了防止共发酵系统酸中毒,需要投加大量的碱剂进行平衡,进而促进共发酵继续产酸,因此 H3 共发酵系统中 SCFAs 质量浓度最大,累积耗碱量也最大。

由图 3 还可知,不同共发酵系统中 SCFAs 的质量浓度不同,其中乙酸质量浓度随食品工业生产废弃物投加量的增加先增加后降低,在 H2 共发酵系统中最高,约为 2 060.2 mg/L,占比 65.40%,同时该发酵系统的丙酸质量浓度较低,约为 601.91 mg/L,占比仅为 19.09%,这可能与乙酸激酶活性有关,乙酸激酶可将丙酸转化为乙酸。H3 共发酵系统中丙酸质量浓度最高,约为 1 585.05 mg/L,占比 40.05%,与 H2 共发酵系统相比,乙酸质量浓度较低,约为 1 858.02 mg/L,占比为 46.94%。Y. X. Zhao 等^[18]研究发现,在 pH 值为 10 的条件下,污泥厌氧发酵系统主要为丙酸型发酵。因此,食品工业生产废弃物的投加能够调控共发酵系统的产酸类型。

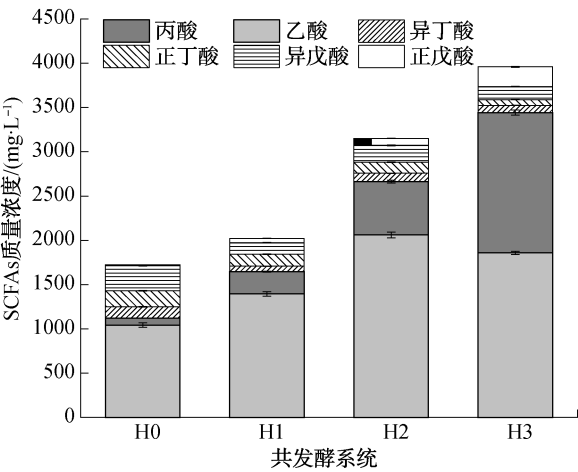


图 3 不同共发酵系统中 SCFAs 的质量浓度
Fig. 3 Mass concentration of SCFAs in different co-fermentation systems

2.1.3 食品工业生产废弃物对共发酵系统中 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 质量浓度的影响 在污泥厌氧发酵过程中,有机磷和有机氮在微生物的作用下被转化为 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$,因此 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 质量浓度可作为衡量污泥厌氧发酵性能的重要指标。不同共发酵系统中 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 的质量浓度如图 4 所示。

由图 4a)可知,食品工业生产废弃物的投加对共发酵系统中 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 质量浓度具有显著影响,且 H0 共发酵系统分别与 H1、H2 和 H3 共发酵系统之间存在显著性差异 ($P < 0.001$),但 H2 与 H3 共发酵系统之间的差异不显著 ($P > 0.001$)。 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 质量浓度随着食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,H3 共发酵系统中 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 质量浓度约为 50.08 mg/L,仅为 H0 共发酵系统 (157.15 mg/L) 的 31.9%,表明食品工业生产废弃物的投加显著降低了 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 的释放。由图 4b)可知, $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 质量浓度随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大,H0 和 H1 共发酵系统与 H2 和 H3 共发酵系统之间存在显著性差异 ($P < 0.001$),但 H0 与 H1 共发酵系统之间的差异不显著 ($P > 0.001$)。4 个共发酵系统中 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 质量浓度均较低,分别为 0.37 mg/L、0.38 mg/L、0.91 mg/L 和 1.01 mg/L。这是因为随着食品工业生产废弃物的投加,共发酵系统的累积耗碱量增大,引入的大量 Ca^{2+} 、 NH_4^+ 及 PO_4^{3-} 能够生成 CaNH_4PO_4 沉淀,使 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 质量浓度降低。同时研究^[19]发现,当溶液中 Ca^{2+} 与 PO_4^{3-} 的物质的量

比值较高时,可诱导生成 $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ 沉淀,进一步降低共发酵系统中 $\text{PO}_4^{3-}\text{—P}$ 的质量浓度。

2.2 食品工业生产废弃物对共发酵系统剩余污泥性质的影响

EPS 是剩余污泥的主要组分,且在污泥絮凝物的结构中起着关键作用^[20]。不同共发酵系统中 EPS 的质量浓度如图 5 所示。由图 5 可知,食品工业生产废弃物对共发酵系统剩余污泥的性质具有显著影响。S-EPS 和 LB-EPS 中蛋白质质量浓度呈下降趋势,其中,H0 共发酵系统 S-EPS 和 LB-EPS 中蛋白质质量浓度分别为 487.3 mg/L 和 124.9 mg/L,分别是 H3 共发酵系统的 1.66 倍和 2.16 倍;但 S-EPS 和 LB-EPS 中多糖质量浓度的变化相对较小。TB-EPS 中蛋白质和多糖质量浓度均随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大,在 H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中,二者分别为 346.75 mg/L、397.60 mg/L、

427.96 mg/L、440.85 mg/L 和 116.40 mg/L、163.78 mg/L、188.47 mg/L、194.49 mg/L。研究^[21]表明,S-EPS 和 LB-EPS 位于细胞的最外层,是由细胞内有机机构水解产生的蛋白质、多糖等物质组成。由于食品工业生产废弃物含有较多可用于酸化底物的碳水化合物,导致酸化阶段对污泥水解产物的消耗减少,从而抑制了剩余污泥由内而外水解产物的溶出,进而导致 TB-EPS 中蛋白质和多糖的累积。

2.3 食品工业生产废弃物对共发酵系统生物酶活性的影响

发酵过程中生物酶的作用机制主要分为两个阶段。在第一阶段(水解阶段), α -葡萄糖苷酶、蛋白酶、碱性磷酸酶和酸性磷酸酶可催化剩余污泥和食品工业废弃物中的多糖、蛋白质、脂类等大分子物质水解为单糖、氨基酸等小分子有机物和 $\text{NH}_4^+\text{—N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-}\text{—P}$ 等无机盐。在第二阶段(产氢产酸阶段),脱氢酶和乙酸激酶可催化产乙酸、产氢过程;脱氢酶和丁酸激酶可催化产丁酸过程;而脱氢酶和过氧化物酶则可催化其他有机物转化为 SCFAs。此外,超氧化物歧化酶在整个发酵过程中均在微生物体内发挥着重要的氧化和抗氧化平衡控制作用。

2.3.1 蛋白酶和 α -葡萄糖苷酶 蛋白酶和 α -葡萄糖苷酶在共发酵过程中对有机物的水解至关重要,可将蛋白质和多糖分解为小分子物质^[13]。不同发酵系统中生物酶的活性见表 1。由表 1 可知,

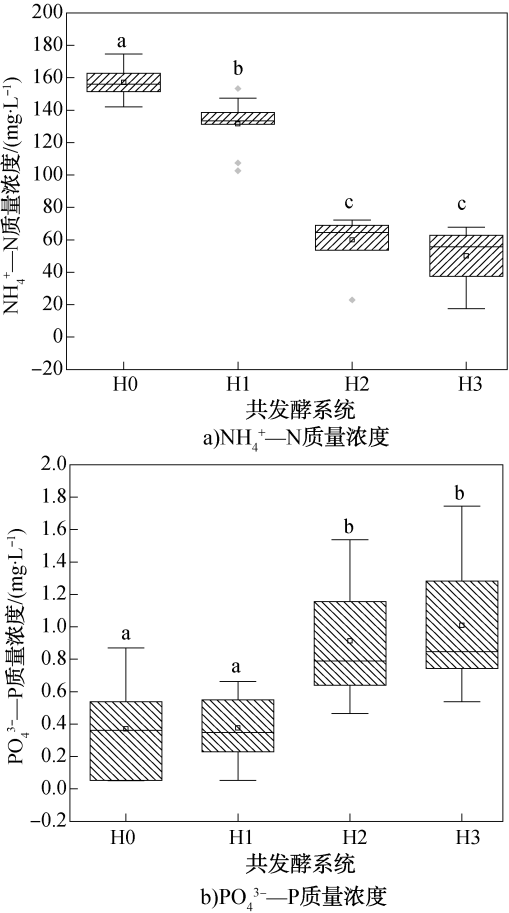


图 4 不同共发酵系统中 $\text{NH}_4^+\text{—N}$ 、 $\text{PO}_4^{3-}\text{—P}$ 的质量浓度

Fig. 4 Mass concentrations of $\text{NH}_4^+\text{—N}$ and $\text{PO}_4^{3-}\text{—P}$ in different co-fermentation systems

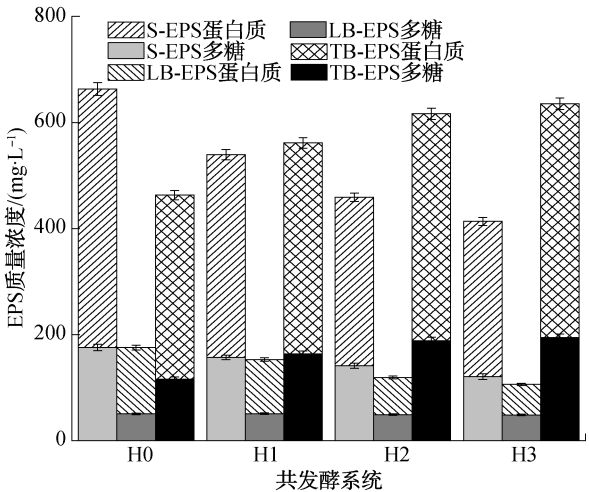


图 5 不同共发酵系统中 EPS 的质量浓度

Fig. 5 Mass concentration of EPS in different co-fermentation systems

表 1 不同共发酵系统中生物酶的活性

Table 1 Biological enzyme activities in different co-fermentation systems

共发酵系统	蛋白酶活性/ (EU·mg ⁻¹)	α-葡萄糖苷酶活性/ (EU·mg ⁻¹)	脱氢酶活性/ (EU·mg ⁻¹)	碱性磷酸酶活性/ (EU·mg ⁻¹)	酸性磷酸酶活性/ (EU·mg ⁻¹)	过氧化物酶活性/ (U·mg ⁻¹)	超氧化物歧化酶活性/ (U·mg ⁻¹)	乙酸激酶活性/ (U·L ⁻¹)	丁酸激酶活性/ (U·L ⁻¹)
H0	24.718 68± 0.706 52	0.001 72± 0.000 04	0.100 97± 0.002 46	0.162 66± 0.004 65	0.028 64± 0.000 80	1.390 30± 0.030 90	8.231 55± 0.211 07	20.061 51± 0.477 66	4.713 89± 0.094 28
H1	13.815 47± 0.394 73	0.002 13± 0.000 05	0.091 14± 0.002 22	0.190 47± 0.005 44	0.025 76± 0.000 72	1.500 78± 0.033 35	12.498 49± 0.320 47	22.014 39± 0.524 15	3.494 78± 0.069 90
H2	11.290 41± 0.322 58	0.002 55± 0.000 06	0.096 53± 0.002 35	0.226 11± 0.006 46	0.021 65± 0.000 60	1.836 93± 0.040 82	22.588 37± 0.579 19	23.643 97± 0.562 95	2.194 78± 0.043 90
H3	10.932 74± 0.312 36	0.002 75± 0.000 06	0.111 57± 0.002 72	0.25651± 0.005 04	0.020 21± 0.000 56	1.959 71± 0.034 66	31.255 45± 0.801 42	20.549 73± 0.489 28	0.568 92± 0.011 38

蛋白酶活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,H3 共发酵系统中蛋白酶的活性最低,约为 10.932 7 EU/mg(该单位指每毫克发酵污泥中相关生物酶的活性单位数,下同),仅为 H0 共发酵系统(约 24.718 7 EU/mg)的 44.2%。蛋白酶是一类胞外水解酶,当反应底物从细胞内向细胞外转移时,相关生物酶也会随之向外转移。因此,底物越丰富,相关生物酶的活性越高^[22]。而蛋白质质量浓度则随食品工业生产废弃物投加量的增加而降低(见图 1a)),这导致蛋白酶活性也随之降低。α-葡萄糖苷酶活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大,H3 共发酵系统中 α-葡萄糖苷酶的活性最大,约为 0.002 8 EU/mg,是 H0 共发酵系统(约 0.001 7 EU/mg)的 1.60 倍。这可能是由于食品工业生产废弃物的投加引入了较多的碳水化合物,刺激微生物群体启动代谢响应机制。其中,α-葡萄糖苷酶可将复杂的碳水化合物分解为单糖,使其更易被微生物吸收利用。因此,食品工业生产废弃物的投加显著提高了 α-葡萄糖苷酶的活性。

2.3.2 碱性磷酸酶和酸性磷酸酶 微生物体内含有多钟有机磷物质,在厌氧发酵过程中,这些物质在磷酸酶(包括碱性磷酸酶和酸性磷酸酶)的作用下被水解为无机磷,且磷酸酶还参与细胞内磷的合成与代谢过程^[23]。由表 1 可知,食品工业生产废弃物对共发酵系统中磷酸酶的活性具有显著影响。碱性磷酸酶活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加而升高,H3 共发酵系统中碱性磷酸酶的活性最大,约为 0.256 5 EU/mg,是 H0 共发酵系统(约 0.162 7 EU/mg)的 1.58 倍。相反,酸性磷酸酶活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,H3 共

发酵系统中酸性磷酸酶的活性最低,约为 0.020 2 EU/mg,仅为 H0 共发酵系统超氧化物变化的(约 0.028 6 EU/mg)70.6%。这种差异可能与大量碱性物质有关。碱性磷酸酶的最适 pH 值为 8.0~10.0,随着食品工业生产废弃物的投加,系统累积耗碱量增大,共发酵系统中存在大量 OH⁻,并维持稳定的碱性环境,这促使合成和分泌碱性磷酸酶的微生物增殖加速,从而导致碱性磷酸酶活性随着食品工业生产废弃物的投加而升高。酸性磷酸酶的最适 pH 值为 4.0~6.0,在大量 OH⁻和稳定碱性环境的影响下,合成和分泌酸性磷酸酶的微生物因环境 pH 值的变化而逐渐被淘汰,导致酸性磷酸酶活性随着食品工业生产废弃物的投加而降低。

2.3.3 脱氢酶 脱氢酶是一种非常重要的有机物降解酶,能活化已氧化有机物中的氢原子并将其传递给特定受氢体,不仅可以表征细胞膜的破坏程度,还是污泥厌氧发酵过程中至关重要的生物酶之一^[24]。由表 1 可知,H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中脱氢酶活性较相似,分别约为 0.101 0 EU/mg、0.091 1 EU/mg、0.096 5 EU/mg 和 0.111 6 EU/mg。由此可知,食品工业生产废弃物的引入对脱氢酶活性的影响较小。这可能是因为食品工业生产废弃物的引入使发酵系统中的产酸基质从污泥转移到食品工业生产废弃物,而食品工业生产废弃物主要由较简单的碳水化合物组成,较易被微生物降解,因此各共发酵系统中的脱氢酶活性相似。

2.3.4 过氧化物酶和超氧化物歧化酶 过氧化物酶是一种氧化还原酶,广泛存在于各种植物、动物和微生物体内,对发酵或堆肥中的复杂物质具有较强的降解能力^[25]。由表 1 可知,H0、H1、H2 和 H3 共

发酵系统的过氧化物酶活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加而增大,分别约为 1.390 3 U/mg、1.500 8 U/mg、1.836 9 U/mg 和 1.959 7 U/mg。这可能是由于食品工业生产废弃物引入了大量有机物,促使过氧化物酶活性提高。由此可知,食品工业生产废弃物的投加增强了共发酵系统对有机物的降解能力。

超氧化物歧化酶是一种抗氧化金属酶,能够通过自身的催化作用使超氧阴离子自由基发生歧化反应生成 O₂ 和 H₂O₂,对微生物的氧化与抗氧化平衡发挥着不可替代的作用^[26]。由表 1 可知,超氧化物歧化酶活性随着食品工业生产废弃物的增加而升高,H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统的超氧化物变化酶活性分别约为 8.231 6 U/mg、12.498 5 U/mg、22.588 4 U/mg、31.255 5 U/mg。一方面,由于食品工业生产废弃物中含有较多碳水化合物,致使系统中的反应过程更加稳定,从而提高了微生物对其他介入物质的抗氧化能力;另一方面,由于食品工业生产废弃物的引入导致共发酵系统中累积用碱量增大(见图 2),进而使发酵系统中 Ca²⁺质量浓度上升,而 Ca²⁺作为超氧化物歧化酶的中心离子,能够提高该酶的活性。

2.3.5 乙酸激酶和丁酸激酶 乙酸激酶和丁酸激酶在乙酸和丁酸的合成过程中起着至关重要的作用,可用来表征乙酸和丁酸的合成^[27]。由表 1 可知,食品工业生产废弃物对乙酸激酶和丁酸激酶活性具有显著影响。其中,H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中乙酸激酶的活性随着食品工业生产废弃物投加量的增加先升高后降低,分别约为 20.061 5 U/L、22.014 4 U/L、23.644 0 U/L 和 20.549 7 U/L,其中 H2 共发酵系统中乙酸激酶的活性最高,与该系统乙酸质量浓度最高相符(见图 3),说明适量投加食品工业生产废弃物能够明显提高乙酸激酶活性,但当食品工业生产废弃物投加量过大时,共发酵系统中累积耗碱量增加,会抑制乙酸激酶的活性。H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中丁酸激酶的活性则随食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,分别约为 4.713 9 U/L、3.494 8 U/L、2.194 8 U/L 和 0.568 9 U/L,其中 H0 共发酵系统中丁酸激酶活性是 H3 共发酵

系统的 8.29 倍,且其丁酸质量浓度也最大(见图 3)。由于 H0 共发酵系统中未投加食品工业生产废弃物,发酵基质均来自污泥溶出物,有机物较复杂,可产生较多的长链脂肪酸,这从侧面证明了在该条件下丁酸激酶的活性较高。

2.4 功能微生物菌群分析

2.4.1 门水平变化 不同发酵系统中微生物群落的丰度和多样性变化见表 2。由表 2 可知,随着食品工业生产废弃物投加量的增加,OTU、Chao、Simpson 等指数均呈先升高后降低的趋势,说明食品工业生产废弃物对共发酵系统中功能微生物菌群多样性具有显著影响。

不同共发酵系统中微生物门和属的相对丰度如图 6 所示。由图 6a)可知,4 个共发酵系统中的主要优势菌门为 Firmicutes、Actinobacteriota、Bacteroidota 和 Proteobacteria,且均属于污泥碱性发酵中的优势菌门^[28]。有研究^[29]也表明,Firmicutes 能够在不同污泥处理系统中存活,且含有多种产乙酸菌,可将多种 SCFAs 代谢成乙酸、H₂ 和 CO₂。本实验结果表明,Firmicutes 的相对丰度随着食品工业生产废弃物投加量的增加先提高后降低,在 H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中,其相对丰度分别为 52.4%、45.8%、63.1%、56.7%,其中 H2 共发酵系统中 Firmicutes 的相对丰度最高,为 63.1%,与该系统乙酸质量浓度较高相一致。这可能是由于食品工业生产废弃物中较多的碳水化合物为 Firmicutes 提供了充足的反应基质,促进其富集,但当食品工业生产废弃物投加量过大时,共发酵系统的累积耗碱量升高,从而严重抑制 Firmicutes 的富集,造成 H3 共发酵系统中,Firmicutes 的相对丰度下降至 56.7%。

表 2 不同共发酵系统中微生物群落的丰度和多样性变化

Table 2 Changes in the abundance and diversity of microbial communities in different co-fermentation systems							
共发酵系统	OTU	ACE	Chao	Coverage	Shannon	Simpson	
H0	666	1 135.460	921.01	0.991 0	2.56	0.200	
H1	724	1 023.095	1 010.91	0.990 2	2.67	0.220	
H2	535	775.300	720.53	0.993 0	2.74	0.196	
H3	394	751.340	583.88	0.993 8	2.29	0.180	

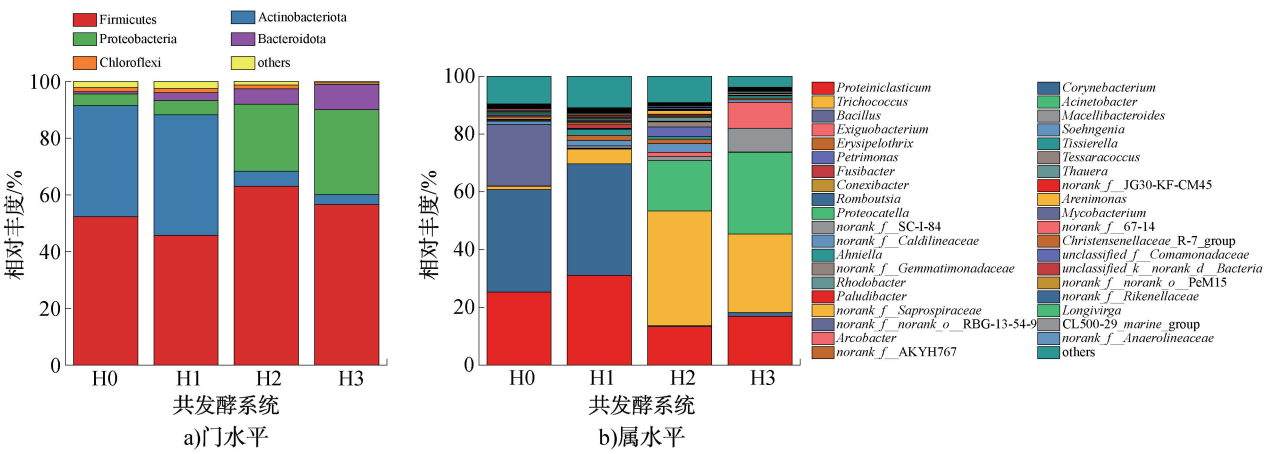


图 6 不同共发酵系统中微生物门和属水平的相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of microbial phyla and genera in different co-fermentation systems

此外,还有研究^[30]发现,Proteobacteria 主要参与污泥的水解过程,可将蛋白质和多糖转化为氨基酸和丙酮酸;而 Bacteroidota 可分泌多种细胞外水解酶,将葡萄糖、纤维二糖、淀粉等物质转化为乙酸、丁酸、异戊酸、H₂、CO₂ 等。因此,Proteobacteria 和 Bacteroidota 在污泥厌氧发酵系统中发挥着重要作用。另外,食品工业生产废弃物对共发酵系统中 Proteobacteria 和 Bacteroidota 的富集具有明显促进作用,H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中 Proteobacteria 的相对丰度分别为 3.9%、5.0%、23.6% 和 30.0%,Bacteroidota 的相对丰度分别 0.9%、2.9%、5.5%、8.9%。H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中 Actinobacteriota 的相对丰度则随着食品工业生产废弃物投加量的增加而降低,分别为 39.2%、42.4%、5.3% 和 3.4%。Actinobacteriota 能降解各种多糖生成单糖和 SCFAs^[7,31],说明碳水化合物含量较高时不利于 Actinobacteriota 的富集,但在 H0 共发酵系统中,Actinobacteriota 仍保证了 SCFAs 的累积。综上可知,食品工业生产废弃物有利于共发酵系统中 Firmicutes、Proteobacteria、Actionoba-cteriota 和 Bacteroidota 的富集,促进共发酵系统 SCFAS 的累积。

2.4.2 属水平变化 由图 6b)可知,4 个共发酵系统中的主要优势菌属为 *Proteiniclasticum*、*Corynebacterium*、*Trichococcus*、*Acinetobacter* 和 *Bacillus*。其中,*Proteinicicticum* 作为可利用各种底物(蛋白质和碳水化合物)生产乙酸盐的主要菌属^[32],在 H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中的相对丰度分别为 25.3%、

31.1%、13.3% 和 16.9%,表明适当投加食品工业生产废弃物能够提高 *Proteiniclasticum* 的富集。*Corynebacterium* 富含 α-葡萄糖苷酶和碱性磷酸酶,可利用葡萄糖、核糖、麦芽糖、蔗糖等碳水化合物产生甲酸盐、乙酸盐和 CO₂^[33]。H1 共发酵系统中 *Corynebacterium* 的相对丰度最高,为 38.6%,而 H3 共发酵系统中 *Corynebacterium* 的相对丰度下降至 1.4%,表明食品工业生产废弃物投加量过大时,不利于 *Corynebacterium* 的富集。*Trichococcus* 可将碳水化合物分解成乳酸、甲酸盐、乙酸盐、乙醇和 CO₂^[34],随着食品工业生产废弃物投加量的增加,其在 H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中的相对丰度先升高后降低,分别为 1.1%、5.2%、39.8%、27.2%,其在 H2 共发酵系统中 *Trichococcus* 相对丰度最大,导致该系统中乙酸质量浓度高于其他系统。研究^[35]发现,*Acinetobacter* 可有效降解碳水化合物产生乙酸,随着食品工业生产废弃物投加量的增加,其在 H0、H1、H2 和 H3 共发酵系统中的相对丰度逐渐升高,分别为 0.1%、0.2%、17.5%、28.3%。此外,H2 共发酵系统中富集了 *Petrimonas* (3.4%),可将多糖等物质转化为乙酸、H₂ 和 CO₂^[36];H3 共发酵系统中富集了 *Exiguobacterium* (9.0%),其具有高氧化酶活性,能够水解蛋白质和多种碳水化合物^[37]。由此可知,共发酵系统中富集的 *Proteiniclasticum*、*Corynebacterium*、*Trichococcus*、*Acinetobacter*、*Bacillus* 等菌属,为食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥共发酵的产酸性能提供了保障。

3 结论

本研究将食品工业生产废弃物引入低有机质剩余污泥厌氧发酵系统构建了共发酵系统,考查了不同投加量的食品工业生产废弃物对共发酵系统性能的影响,并验证了其共发酵的可行性,发现,随着食品工业生产废弃物投加量的增加,共发酵系统水解性能下降,在 H3 共发酵系统中,蛋白质和多糖的质量浓度仅为 H0 共发酵系统的 63.8% 和 68.2%。食品工业生产废弃物的引入能显著提高共发酵系统的酸化性能,在 H3 共发酵系统中,化学需氧量(COD)和可挥发性短链脂肪酸(SCFAs)的质量浓度最高,分别是 H0 共发酵系统的 2.83 倍和 2.30 倍;食品工业生产废弃物的引入还能提高共发酵系统中 α -葡萄糖苷酶的活性,但会抑制蛋白酶的活性,而乙酸激酶活性则随着食品工业生产废弃物投加量的增加先增大后降低,H2 共发酵系统中的乙酸激酶活性高达 23.644 0 U/L,且该共发酵中乙酸占比最高,为 65.40%,而 H3 共发酵系统中丙酸占比最高,为 40.05%。此外,食品工业生产废弃物的引入还可以促进共发酵系统中功能微生物 Firmicutes、Actinobacteriota、Bacteroidota 和 Proteobacteria 的富集,为共发酵系统高效的产酸性能提供了保障。因此,可考虑将食品工业废弃物引入污泥发酵系统进行共发酵产酸处理,以提高发酵过程中的产酸性能,实现食品工业生产废弃物与低有机质剩余污泥高效资源化回收的目的。

参考文献:

- [1] 薛翔丹,王畅伟,严思佳,等. 生物炭和零价铁促进剩余污泥厌氧产酸发酵[J]. 环境科学与技术, 2025, 48(3): 195-200.
- [2] LIAO X C, LI H. Biogas production from low-organic-content sludge using a high-solids anaerobic digester with improved agitation [J]. Applied Energy, 2015, 148: 252-259.
- [3] SHI X C, ZHU L, LI B, et al. Surfactant-assisted thermal hydrolysis off waste activated sludge for improved dewaterability, organic release, and volatile fatty acid production [J]. Waste Management, 2021, 124: 339-347.
- [4] MEHARIYA S, PATEL A K, OBULISAMY P K, et al.

- Co-digestion of food waste and sewage sludge for methane production: Current status and perspective [J]. Biore-source Technology, 2018, 265: 519-531.
- [5] NG B J H, MAO Y, CHEN C L, et al. Municipal food waste management in Singapore: Practices, challenges and recommendations [J]. Journal of Material Cycles and Waste Management, 2017, 19(1): 560-569.
- [6] VAIDYA R, BOARDMAN G D, NOVAK J T, et al. Effect of high strength food wastes on anaerobic codigestion of sewage sludge [J]. Water Environment Research, 2018, 90(4): 293-306.
- [7] 王志华. 不同预处理方式对市政污泥/餐厨垃圾混合厌氧消化产甲烷的影响分析[J]. 清洗世界, 2023, 39(12): 61-63.
- [8] LI Q, LI H, WANG G J, et al. Effects of loading rate and temperature on anaerobic co-digestion of food waste and waste activated sludge in a high frequency feeding system, looking in particular at stability and efficiency [J]. Bioresource Technology, 2017, 237: 231-239.
- [9] JIN B D, JIA J S, CHENG K, et al. Facilitating effects of the synergy with zero-valent iron and peroxysulfate on the sludge anaerobic fermentation system: Combined biological enzyme, microbial community and fermentation mechanism assessment [J]. Chemosphere, 2024, 355: 141805.
- [10] LI X D, WANG B, MA Y Q, et al. Enhanced mesophilic fermentation of waste activated sludge by integration with in-situ nitrate reduction [J]. Bioresource Technology, 2023, 368: 128317.
- [11] JIN B D, LIU Y, CHEN X, et al. Insight into the potentiality of nano zero-valent iron on enhancing the nitrite accumulation and phosphorus removal performance of endogenous partial denitrification systems [J]. Chemosphere, 2024, 352: 141304.
- [12] LI X F, WU Y H, ZHANG L, et al. Comparison of three common DNA concentration measurement methods [J]. Analytical Biochemistry, 2014, 451: 18-24.
- [13] GOEL R, MINO T, SATOH H, et al. Enzyme activities under anaerobic and aerobic conditions in activated sludge sequencing batch reactor [J]. Water Research, 1998, 32(7): 2081-2088.
- [14] LIAO Y H, LI S J, ZHU X F, et al. The promotion and inhibition effect of graphene oxide on the process of microbial denitrification at low temperature [J]. Biore-source Technology, 2021, 340: 125636.
- [15] LAI H J, FANG H W, HUANG L, et al. A review on sediment bioflocculation: Dynamics, influencing factors and modeling [J]. Science of The Total Environment, 2018, 642: 1184-1200.
- [16] MAYHEW J W, ONDERDONK A B, GORBACH S L. Effects of time and growth media on short-chain fatty acid production by *Bacteroides fragilis* [J]. Applied Microbiology,

- 1975,29(4):472-475.
- [17] LI Y Y, JIN Y Y, BORRION A, et al. Effects of organic composition on mesophilic anaerobic digestion of food waste[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 244 (Pt 1): 213-224.
- [18] ZHAO Y X, CHEN Y G, ZHANG D, et al. Waste activated sludge fermentation for hydrogen production enhanced by anaerobic process improvement and acetobacteria inhibition: The role of fermentation pH [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, 44(9):3317-3323.
- [19] MONBALLIU A, GHYSELBRECHT K, PINOY L, et al. Phosphorus reclamation by end-of-pipe recovery as calcium phosphate from effluent of wastewater treatment plants of agroindustry [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2020, 8(5):104280.
- [20] PANG H L, JIAO Q Q, HE J G, et al. Enhanced short-chain fatty acids production through a short-term anaerobic fermentation of waste activated sludge: Synergistic pretreatment of alkali and alkaline hydrolase blend[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, 342:130954.
- [21] LI L, HE J G, XIN X D, et al. Enhanced bioproduction of short-chain fatty acids from waste activated sludge by potassium ferrate pretreatment[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, 332:456-463.
- [22] HUANG X F, SHEN C M, LIU J, et al. Improved volatile fatty acid production during waste activated sludge anaerobic fermentation by different bio-surfactants[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2015, 264:280-290.
- [23] VAN KLOEKE F, GEESEY G G. Localization and identification of populations of phosphatase-active bacterial cells associated with activated sludge flocs[J]. *Microbial Ecology*, 1999, 38(3):201-214.
- [24] NYBROE O, JØRGENSEN P E, HENZE M. Enzyme activities in waste water and activated sludge[J]. *Water Research*, 1992, 26(5):579-584.
- [25] 田国忠,李怀方,裴维蕃. 植物过氧化物酶研究进展[J]. *武汉植物学研究*, 2001, 19(4):332-344.
- [26] 袁牧,王昌留,王一帆,等. 超氧化物歧化酶的研究进展[J]. *中国组织化学与细胞化学杂志*, 2016, 25(6):550-558.
- [27] FENG L Y, CHEN Y G, 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.
- [28] HUANG X, DONG W Y, WANG H J, et al. Role of acid/alkali-treatment in primary sludge anaerobic fermentation: Insights into microbial community structure, functional shifts and metabolic output by high-throughput sequencing [J]. *Bioresource Technology*, 2018, 249:943-952.
- [29] REN S, USMAN M, TSANG D C W, et al. Hydrochar-facilitated anaerobic digestion: Evidence for direct inter-species electron transfer mediated through surface oxygen-containing functional groups[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(9):5755-5766.
- [30] ALALAWY A I, GUO Z D, ALMUTAIRI F M, et al. Elucidation of structural variations in the bacterial and archaeal community of anaerobic digestion sludges: An insight through metagenomics[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2021, 9(5):105910.
- [31] JIN Y, LIN Y J, WANG P, et al. Volatile fatty acids production from saccharification residue from food waste ethanol fermentation: Effect of pH and microbial community[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 292:121957.
- [32] ZHANG K G, SONG L, DONG X Z. *Proteiniclasticum ruminis* gen. nov., sp. nov., a strictly anaerobic proteolytic bacterium isolated from yak rumen[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2010, 60(Pt 9):2221-2225.
- [33] RENAUD F N, AUBEL D, RIEGEL P, et al. *Corynebacterium freneyi* sp. nov., alpha-glucosidase-positive strains related to *Corynebacterium xerosis* [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001, 51(Pt 5):1723-1728.
- [34] YAN P X, ZHAO Y B, ZHANG H, et al. A comparison and evaluation of the effects of biochar on the anaerobic digestion of excess and anaerobic sludge[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 736:139159.
- [35] PAGEL J E, SEYFRIED P L. Numerical taxonomy of aquatic *Acinetobacter isolates* [J]. *Journal of General Microbiology*, 1976, 96(2):220-232.
- [36] GRABOWSKI A, TINDALL B J, BARDIN V, et al. *Petrimonas sulfuriphila* gen. nov., sp. nov., a mesophilic fermentative bacterium isolated from a biodegraded oil reservoir [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2005, 55(Pt 3):1113-1121.
- [37] YUMOTO I, HISHINUMA-NARISAWA M, HIROTA K, et al. *Exiguobacterium oxidotolerans* sp. nov., a novel alkaliphile exhibiting high catalase activity [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2004, 54(Pt 6):2013-2017.

The acid production performance of co-fermentation between food industry waste and low organic matter residual sludge

JIN Baodan¹, WANG Jiacheng¹, DU Jingyu¹, DENG Weiling¹, GU Jiayu¹, Wang Baogui², JIA Yusheng¹

1. College of Materials and Chemical Engineering, Zhengzhou University of Light Industry, Zhengzhou 450001, China;

2. Central Plains Environmental Protection Co., Ltd., Zhengzhou 450008, China

Abstract: To simultaneously address the treatment and disposal issues of food industry production waste and low organic matter residual sludge, these two wastes were co-fermented. The performance of H0, H1, H2 and H3 co-fermentation systems under mass ratios of 0 : 1.0, 0.5 : 1.0, 1.0 : 1.0 and 1.5 : 1.0 was evaluated. Results indicated that food industry production waste introduction significantly reduced hydrolysis performance but enhanced acidification performance of the co-fermentation systems. In the H3 system, COD and volatile SCFAs concentrations reached their maximum, being 2.83-fold and 2.30-fold higher than those in H0, respectively. As food industry production waste dosage increased, $\text{NH}_4^+\text{—N}$ concentration decreased markedly (31.9% of H0 in H3), while $\text{PO}_4^{3-}\text{—P}$ remained low ($\leq 1.01\text{ mg/L}$) due to $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ and CaNH_4PO_4 precipitates. Enzyme activities varied: protease, acid phosphatase, and butyrate kinase decreased; α -glucosidase and alkaline phosphatase increased; dehydrogenase was less affected; acetate kinase initially rose then declined. Appropriate food industry production waste introduction also enriched functional microorganisms, including Firmicutes (dominant acetic acid-producing phylum, 63.1% in H2), Proteobacteria, Actinobacteriota, and Bacteroidota. Thus, food industry production waste addition enables efficient acid production in low organic matter residual sludge co-fermentation systems.

Key words: food industry production waste; low organic matter residual sludge; co-fermentation; biological enzymes; functional microorganisms

[责任编辑: 王晓波]