

doi:10.11918/j.issn.0367-6234.2016.08.006

发酵种泥的投加对新鲜剩余污泥发酵产酸的影响

袁 悦,彭永臻,刘 晔,王淑莹

(北京工业大学 北京市水质科学与水环境恢复工程重点实验室,北京市污水脱氮除磷处理与
过程控制工程技术研究中心,北京 100124)

摘 要: 为进一步提高剩余污泥厌氧发酵产短链脂肪酸(SCFAs)的效率,将 pH=10 下长期(90 d)厌氧发酵的种泥接入至新鲜剩余污泥考察其对新鲜剩余污泥厌氧发酵产酸的影响.实验在 2 种 pH 条件下进行:不控制 pH ($\text{pH}=7.4\pm0.2$),一组反应器中投加新鲜剩余污泥,并接种厌氧发酵种泥,另一组反应器只投加新鲜剩余污泥;控制 pH 为碱性 ($\text{pH}=10\pm0.2$),一组反应器中投加新鲜剩余污泥,并接种厌氧发酵种泥,另一组反应器只投加新鲜剩余污泥.结果表明:相同 pH 条件下,接种厌氧发酵种泥反应器中的最大产酸量较不接种分别提高 4.9($\text{pH}=7.4\pm0.2$) 和 16.4 mg/g VSS(以 COD 计) ($\text{pH}=10\pm0.2$);同时接种发酵污泥、剩余污泥在 $\text{pH}=10\pm0.2$ 下的最大产酸量较 $\text{pH}=7.4\pm0.2$ 下的最大产酸量高 146.2 mg/g VSS;碱性条件、不接种发酵种泥的产酸量较不控制 pH、接种发酵种泥的高 129.8 mg/g VSS.投加发酵种泥可提高新鲜剩余污泥厌氧发酵过程中 SCFAs 的产生效率;碱性条件与厌氧发酵种泥对新鲜剩余污泥发酵产酸具有协同促进作用;与接种发酵种泥相比,碱性条件对新鲜剩余污泥厌氧发酵产酸促进能力高.

关键词: 发酵种泥; 剩余污泥; 厌氧发酵; 短链脂肪酸; pH 值

中图分类号: X703 **文献标志码:** A **文章编号:** 0367-6234(2016)08-0037-05

Effect of fermented sludge on short-chain fatty acids (SCFAs) production from excess sludge

YUAN Yue, PENG Yongzhen, LIU Ye, WANG Shuying

(Key Laboratory of Beijing for Water Quality Science and Water Environment Recovery Engineering,
Engineering Research Center of Beijing, Beijing University of Technology, Beijing 100124, China)

Abstract: To enhance the production efficiency of short chain fatty acids (SCFAs) in anaerobic sludge fermentation reactor, sludge from another stabilized fermentation reactor (over 90 days) under pH 10 was seeded into the reactors to examine its effect on SCFAs production. Two sets of experiment were designed to investigate the SCFAs production with/without seeding sludge under $\text{pH}=7.4\pm0.2$ and $\text{pH}=10\pm0.2$, respectively. Experimental results showed that (1) under same pH condition, the maximum SCFAs accumulation with seeding sludge additive increased by 4.9 mg COD/g VSS ($\text{pH}=7.4\pm0.2$) and 16.4 mg COD/g VSS ($\text{pH}=10\pm0.2$) respectively, in comparison with the control reactors; (2) with two reactors with seeding sludge, the maximum SCFAs accumulation at $\text{pH}=10\pm0.2$ increased by 146.2 mg COD/g VSS as compared with the condition of $\text{pH}=7.4\pm0.2$; (3) the maximum SCFAs accumulation at $\text{pH}=10\pm0.2$ without seeding sludge was 129.8 mg COD/g VSS higher than that of $\text{pH}=7.4\pm0.2$ with seeding sludge. Overall, seeding sludge improved SCFAs production efficiency, meanwhile, seeding sludge under alkaline pH could play synergetic role in enhancing the SCFAs accumulation.

Keywords: fermented sludge; excess sludge; anaerobic fermentation; short-chain fatty acids; pH value

目前,城市污水处理厂多采用活性污泥法去除生活污水中的有机物、氮和磷,然而,传统活性污泥法会产生大量的污泥,而处理这些污泥的费用占水

厂总运行费用的 60%^[1].因此,为降低污泥处理成本,需对污泥进行减量化.污泥减量化处理常用的方法有厌氧消化和好氧消化^[2-4].其中厌氧消化又以能产生甲烷气体、氢气,活性污泥法脱氮除磷的重要有机碳源——短链脂肪酸(SCFAs)等能源质引起广泛关注^[5-9].城市生活污水的碳氮比、碳磷比较低,污水处理厂为了提高脱氮除磷效果,需要外加碳源,方法之一是直接加入化学制成的碳源,如乙酸钠、乙醇

收稿日期: 2016-02-18

基金项目: 国家自然科学基金(51578014);北京市教委资助项目

作者简介: 袁 悦(1988—),女,博士;

彭永臻(1949—),男,博士生导师,中国工程院院士

通信作者: 彭永臻, pyz@bjut.edu.cn

等,该方法无疑增加了污水处理厂的处理成本.近年来,有文献报道污泥厌氧发酵不仅可以达到污泥减量,还可以获得大量的易生物降解碳源——SCFAs^[10-11].污泥厌氧消化包括 3 个阶段:水解、酸化和产甲烷.其中水解是整个消化过程的限制性过程^[12-13].从产酸的角度出发,提高水解过程并且抑制产甲烷过程才能使得 SCFAs 积累.研究表明,污泥在碱性条件下发酵产酸量比酸性或中性时高得多^[14-15],但是达到最大 SCFAs 产量的发酵时间仍需要 8~10 d.

厌氧条件下污泥的水解、酸化和产甲烷各过程是通过大量的细菌或者古菌实现的.因此,污泥厌氧发酵过程中微生物起着很重要的作用^[16-18].该过程引进水解菌、发酵菌或许会进一步提高剩余污泥产酸量,缩短发酵时间.接伟光等^[19]通过分离剩余污泥中的耐碱性菌株 HIT-01 和 HIT-02,并将 2 种细菌单独或者同时投加到新鲜污泥中,观察其在碱性条件下的产酸量情况.结果表明,接种耐碱性菌株可以增加剩余污泥发酵产酸,同时接种 2 种菌株时 SCFAs 积累量最多.然而该研究依然控制整个发酵

过程为碱性条件,未考查不控制 pH(即中性)的情况,并且投加的菌种是通过分离纯培养得到的,操作复杂.基于以上研究,将 pH=10 下长期发酵的污泥作为种泥接至新鲜剩余污泥中,在不同条件下(碱性条件、不控制 pH 条件)考察其对新鲜剩余污泥厌氧发酵过程中产生 SCFAs 的影响,并进一步从产酸所需的底物(蛋白质和多糖)方面分析不同条件下影响产 SCFAs 的原因.

1 实 验

1.1 剩余污泥

实验所用新鲜剩余污泥均取自以实际生活污水为处理对象的中试 SBR(有效体积 6 m³).此 SBR 的 1 个运行周期为 12 h,运行方式为:进水(0.25 h)、好氧(6 h)、缺氧(1 h)、厌氧(2 h)、沉淀(2.25 h)、排水(0.5 h).其中好氧段主要是短程硝化,缺氧段则是短程反硝化,剩余污泥在厌氧末端排出.排出的污泥在 4 ℃下沉淀浓缩,浓缩后污泥的主要成分如表 1 所示.

表 1 实验用剩余污泥性质

Tab.1 Characteristics of sewage sludge after sedimentation							mg · L ⁻¹
参数	TSS	VSS	TCOD	SCOD	SCFAs	Protein	Carbohydrate
平均值	7 345.8±372.1	6 603.8±333.2	9 732.6±283.5	27.6±12.7	21.3±4.7	5 002.8±103.1	770.7±53.2

注:TSS 为污泥中悬浮物固体浓度,VSS 为污泥中挥发性悬浮物固体浓度,TCOD 为剩余污泥总 COD,SCOD 为可溶性 COD,SCFAs 为短链脂肪酸.

1.2 实验方法

1.2.1 厌氧发酵种泥的驯化

采用 5 L 的半连续厌氧发酵反应器(SAFR).控制污泥发酵的 pH 在 10±0.2,温度为(30±2)℃,污泥停留时间 SRT 为 6 d,即每天排 833 mL 发酵污泥,并加入等体积(833 mL)的新鲜剩余污泥至 SAFR 中.该反应器的污泥来源为上述新鲜剩余污泥,运行 30 d 后监测其产酸量,在 90 d 时测定发酵污泥的微生物菌群结构.

1.2.2 厌氧发酵种泥对剩余污泥发酵产酸的影响

取 SAFR 中的厌氧发酵种泥 1 200 mL,离心弃上清液,再用蒸馏水清洗离心 2 次.本实验共有 4 组反应器:1)不控制 pH(pH=7.4±0.2),投加新鲜剩余污泥(1#);2)不控制 pH(pH=7.4±0.2),投加新鲜剩余污泥,并接种厌氧发酵种泥(2#);3)控制 pH(pH=10±0.2),投加新鲜剩余污泥(3#);4)控制 pH(pH=10±0.2),投加新鲜剩余污泥,并接种厌氧发酵种泥(4#).每组反应器设有 2 个平行实验,将 4 组反应器置于磁力搅拌器上,转速为 120 r/min,温度 θ 在(30±2)℃.每组反应器吹氮气 3 min,去除反

应器中的溶解氧,保持厌氧环境.反应期间,为了保证各反应器的 pH 在 10±0.2,用 2 mol · L⁻¹的 NaOH 和 2 mol · L⁻¹HCl 调节.取样周期为 1 d,取出的水样在转速为 4 000 r/min 的离心机中离心 10 min,然后用 0.45 μm 的滤膜抽滤,滤液用来分析各项指标,过滤后的水样立即测定,最终数据为每组平行实验的平均值.

1.3 DNA 提取、PCR 扩增和 Miseq 测序

在 SAFR 运行到第 90 天并且投加新鲜剩余污泥前取发酵污泥.首先,泥样在转速为 4 000 r/min 的离心机中离心 5 min,弃上清液,然后将泥样放置冷冻干燥机进行冷冻干燥.称取 0.034 6 g 干污泥,用 DNA 试剂盒(FastDNA Spin Kit for Soil)提取 DNA.设计的引物用于扩增 16S rRNA 基因的 V3+V4 区^[20],引物系列见表 2. PCR 反应体系(20 μL)如下:5×FastPfu Buffer, 4 μL; 2.5 mmol/L dNTPs, 2 μL; Forward Primer(5 μmol/L), 0.4 μL; Reverse Primer(5 μmol/L), 0.4 μL; FastPfu Polymerase, 0.4 μL; Template DNA, 10 ng; ddH₂O, 20 μL.

PCR 扩增条件如下:95 ℃预变性 2 min;然后,

95 ℃ 变性 30 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 45 s, 共 25 个循环; 72 ℃ 最终延伸 10 min, 最终 4 ℃ 保存. Illumina Miseq 测序平台为 PE300, 测得的原始数据可在 NCBI 数据库通过检索号 SRA230879 获得, 序列的基本信息见表 3.

表 2 PCR 扩增所用引物

Tab.2 Ssequence information of primers for PCR amplified	
引 物	序 列
338F	ACTCCTACGGGAGGCAGCA
806R	GGACTACHVGGGTWTCTAAT

表 3 Illumina Miseq 测序序列信息

Tab.3 Statistics of sample			
Sequences	OUTs	Bases/bp	Average length/bp
27 125	459	11 824 091	435.91

注: OUT 为 Operational taxonomic units, 相似水平为 0.97.

1.4 分析方法

TSS、VSS 采用称重法测定. TCOD、SCOD 采用 5B-3(B) 型 COD 快速测仪, 碳水化合物采用苯酚-硫酸比色法; 蛋白质采用 Lowry-Folin 试剂. SCFAs 采用 Agilent7890A 气相色谱仪测定, FID 检测器, 色谱柱型号及尺寸: AgilentDB-WAXetr, 30 m×0.53 mm×0.001 mm, N₂ 为载气, 载气流量为 20 mL·min⁻¹, 进样口和检测器分别维持在 220 和 250 ℃, 烤箱起始温度为 80 ℃, 最后升温至 240 ℃, 进样体积 2 μL. 实验中检测到的 SCFAs 包括乙酸、丙酸、正丁酸、异丁酸、正戊酸和异戊酸, 将其浓度分别乘以比例系数 1.07、1.51、1.82、1.82、2.04、2.04 转化为 COD 浓度^[21]后的加合计为总 SCFAs 浓度. 采用 WTWpH/Oxi340i 测定仪测定 pH.

2 结果与讨论

2.1 SAFR 中的 SCFAs 产量及微生物菌群

如图 1 所示, SAFR 反应器在运行 30 d 后, 经过 60 d 的稳定运行, 其平均产酸量为 (1 721.4±91.2) mg/L. Illumina Miseq 测序表明: 在 phylum 水平上分析可得到 10 种细菌 (图 2), 其中 Chloroflexi, Proteobacteria, Bacteroidetes 和 Firmicute 是主要的菌属, Chloroflexi 为 SAFR 中最丰富的菌属, 占 30.1%^[22]. 为了进一步确定检测的细菌在污泥发酵过程所起的作用, 又从 genus 水平上对 Illumina Miseq 测序结果进行分析, 见表 4. 水解细菌——*Alcaligenes* (3.47%) 和 *Anaerolinea* (3.34%)、产酸细菌——*Erysipelothrix* (7.31%), *Paludibacter* (4.96%) 和 *Tissierella* (3.59%) 分别得到富集^[22].

因此, 综合 SAFR 反应器稳定的产酸性及富有水解菌和产酸菌, 其发酵污泥可用作种泥.

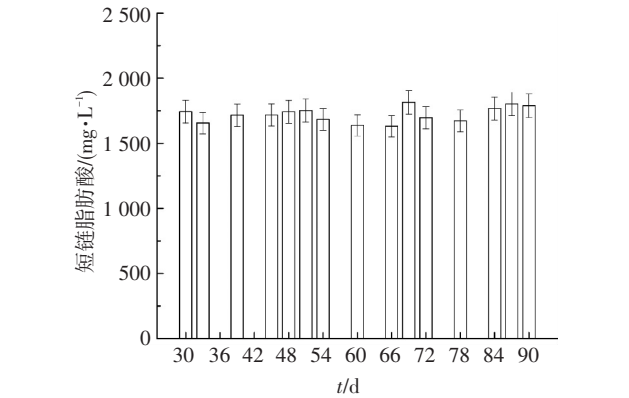


图 1 SAFR 中随时间变化的产酸量

Fig.1 SCFAs production from excess sludge with the fermentation time

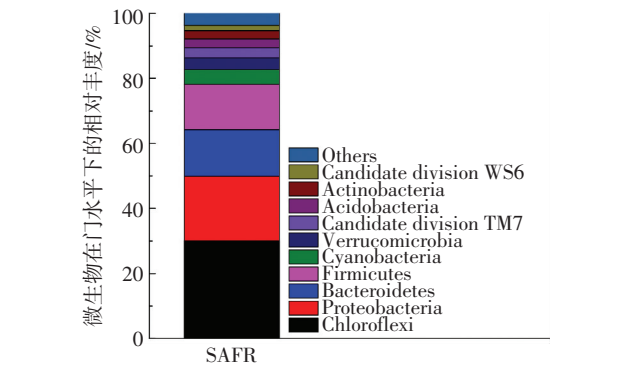


图 2 SAFR 中微生物在门水平上的相对丰度

Fig.2 Distribution of bacterial community in SAFR

表 4 SAFR 中 16 s rRNA 基因序列的系统分类 (属的水平, 相对丰度>1%)

Tab.4 Phylogenetic classification of the 16 s rRNA gene sequences (relative abundance>1% at genus level) at SAFR

Phylum	Genus	SAFR/%
Firmicutes	<i>Erysipelothrix</i>	7.31
Bacteroidetes	<i>Paludibacter</i>	4.96
Firmicutes	<i>Tissierella</i>	3.59
Verrucomicrobia	<i>Prostheco bacter</i>	3.57
Proteobacteria	<i>Alcaligenes</i>	3.47
Chloroflexi	<i>Anaerolinea</i>	3.34
Chloroflexi	<i>Leptolinea</i>	1.08
Proteobacteria	<i>Thauera</i>	8.97

2.2 剩余污泥厌氧发酵产生的 SCFAs

图 3 表明新鲜剩余污泥在不同条件下产短链脂肪酸 (SCFAs) 的情况. 发酵前期, 1# (1~9 d)、2# (1~9 d)、3# (1~10 d)、4# (1~6 d) 反应器的产酸量均呈现增长的趋势. 而反应后期, 1#、2#、4# 呈下降趋势, 3# 则趋于稳定. 这是因为 1#、2# 反应器的 pH 均是中性, 随着发酵时间的进行, 产甲烷菌出现, 消耗了 SCFAs. 而 3# 反应器的碱性条件短时间内抑制了产甲烷菌的生长, 4# 反应器虽然是碱性条件, 但是接种的厌氧发酵种泥中含有极少量的产甲烷菌^[17, 22], 待适应了厌

氧发酵环境后便消耗 SCFAs.因此,为了获取不同条件下的最大产酸量,需要控制各自的 SRT,即 1#~9 d、2#~9 d、3#~10 d、4#~6 d.

从图 3 还可以看出,在发酵第 6 天,4#反应器(控制 pH=10±0.2,并接种厌氧发酵种泥)产酸量达 187.2 mg/g VSS,而 1#、2#、3#反应器的最大产酸量分别是 36.1 (9 d)、41.0 (9 d)和 170.8 mg/g VSS (10 d).这是因为碱性条件利于剩余污泥发酵产酸^[14-15],其次接种的厌氧发酵种泥引入了产酸菌,提高了产酸效率,将最大产酸量的时间提前了 3~4 d.另外,在 pH 不控的条件下,投加种泥的最大产酸量(2#)较不投加种泥的最大产酸量(1#)提高了 4.9 mg/g VSS(显著性 $P<0.05$);在碱性条件下,投加种泥(4#)较不投加种泥的最大产酸量(3#)提高了 16.4 mg/g VSS.这说明投加发酵种泥可提高新鲜剩余污泥厌氧发酵过程中 SCFAs 的产生效率,并且碱性条件及厌氧发酵种泥对剩余污泥厌氧发酵产酸具有协同促进作用.由于碱性条件利于剩余污泥发酵产酸^[14-15],均接种发酵污泥的剩余污泥在 pH=10±0.2下的最大产酸量较 pH=7.4±0.2 的高 146.2 mg/g VSS.此外,相对于 2#反应器,3#反应器的最大产酸量提高了 129.8 mg/g VSS,这表明碱性条件较厌氧发酵种泥对新鲜剩余污泥厌氧发酵产酸更具促进作用.

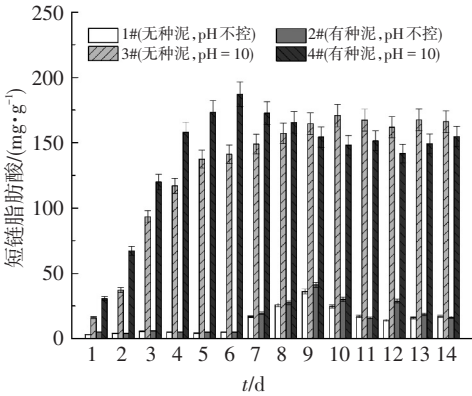


图 3 4 组反应器中短链脂肪酸产量

Fig.3 SCFAs production from excess sludge (ES) at four reactors

2.3 剩余污泥厌氧发酵产生的溶解性蛋白质和多糖

污泥胞外聚合物(extracellular polymeric substances, EPS)是附着于微生物细胞壁上的大分子有机多聚物,主要来源为进水基质、微生物新陈代谢和细胞自溶,是产生 SCFAs 所需要的主要基质.EPS 具有复杂的化学组成,占总量 70%~80%的蛋白质和多糖是最主要的 2 种成分,而核酸、腐殖质、糖醛酸、脂类和氨基酸等的含量相对较低^[23].因此,本文主要研究了溶解性蛋白质和多糖,从产酸所需的基质进一步分析剩余污泥在不同条件下产酸量不同的原因.

图 4、5 表明,溶解性的多糖浓度低于蛋白质的浓度,这与污泥中蛋白质含量高于多糖有关.另外,溶解性的多糖浓度变化较蛋白质的波动大.相对于中性条件,溶解性蛋白质在碱性条件下的溶出量较高,这是因为碱性导致 EPS 中的酸性基团分离,使得带负电的 EPS 相互排斥,进而增加蛋白质和多糖的溶解性^[24].然而接种了厌氧发酵种泥的 4#反应器又比 3#的溶解性蛋白质高,这是因为接种种泥引入了水解菌,这些细菌会释放胞外酶^[23],进而促进了蛋白质、多糖的释放.

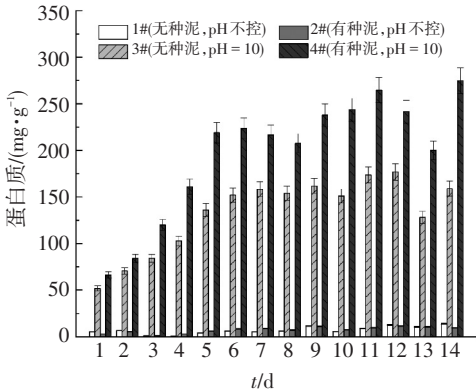


图 4 4 组反应器中溶解性蛋白质的释放量

Fig.4 Soluble protein release from ES at four reactors

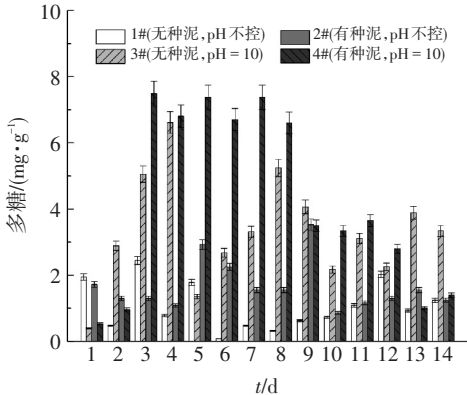


图 5 4 组反应器中溶解性多糖的释放量

Fig.5 Soluble carbohydrate release from ES at four reactors

短链脂肪酸是产酸菌利用溶解性蛋白质和多糖的水解产物(氨基酸、单糖)生成的,而蛋白质的水解伴随有 NH_4^+-N 的生成.因此,发酵液中 NH_4^+-N 的释放可以表征溶解性蛋白质的水解作用^[25].由图 6 可以看出,随着发酵时间不断增加,4 组反应器发酵液中的 NH_4^+-N 含量逐步升高,这表明溶解性有机物不断水解生成小分子有机物,为产酸菌发酵产酸提供了所需的基质.4 组反应器的 NH_4^+-N 含量高低顺序为 4#>3#>2#>1#.显然 4#反应器的产酸基质最充足,这与产酸量最多相吻合.另外,碱性条件抑制产甲烷菌的活性,也造就了 SCFAs 的积累.因此,接入的产酸菌、足够的发酵产酸所需基质以及产甲烷过程受抑制是 4#反应器产酸效率高的原因.

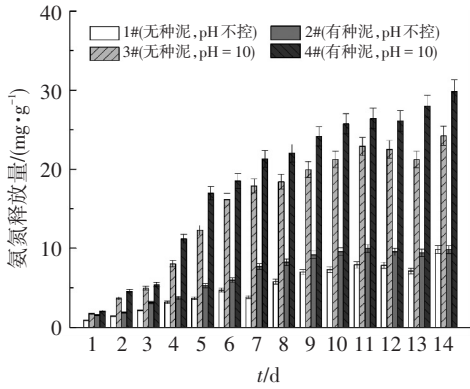


图 6 4 组反应器中氨氮(NH_4^+-N)的释放量

Fig.6 NH_4^+-N release from ES at four reactors

3 结 论

1) 投加厌氧发酵种泥提高了剩余污泥厌氧发酵产短链脂肪酸的效率. 在 pH 不控的条件下, 投加种泥的产酸量较不投加提高了 4.9 mg/g VSS; 在碱性 pH 条件下, 投加种泥较不投加种泥的产酸量提高了 16.4 mg /g VSS. 接入的产酸菌以及足够的发酵产酸所需基质是产酸效率高的原因.

2) 种泥的投加与碱性条件对剩余污泥发酵产酸具有协同促进作用.

3) 碱性条件比投加种泥对剩余污泥发酵产酸更具促进作用.

参考文献

[1] WEI Yuansong, VAN-HOUTEN R T, BORGER A R, et al. Minimization of excess sludge production for biological wastewater treatment [J]. Water Research, 2003, 37(18):4453-4467.

[2] FOLADORI P, ANDREOTTOLA G, ZIGLIO G. Sludge reduction technologies in wastewater treatment plants [M]. London: IWA Publishing, 2010.

[3] ZHANG Dong, CHEN Yinguang, ZHAO Yuxiao, et al. New sludge pretreatment method to improve methane production in waste activated sludge digestion [J]. Environmental Science and Technology, 2010, 44 (12):4802-4808.

[4] CARRÈRE H, DUMAS C, BATTIMELLI A, et al. Pretreatment methods to improve sludge anaerobic degradability: a review [J]. Journal of Hazardous Materials, 2010, 183(1/2/3):1-15.

[5] YAN Yuanyuan, CHEN Hanlong, XU Wenying, et al. Enhancement of biochemical methane potential from excess sludge with low organic content by mild thermal pretreatment [J]. Biochemical Engineering Journal, 2013, 70:127-134.

[6] GUO Liang, LI Xiaoming, ZENG Guangming, et al. Effective hydrogen production using waste sludge and its filtrate [J]. Energy, 2010, 35(9): 3557-3562.

[7] LU Lu, XING Defeng, LIU Bingfeng, et al. Enhanced hydrogen production from waste activated sludge by cascade utilization of organic matter in microbial [J]. Water Research, 2012, 46(4): 1015-1026.

[8] JIANG Su, CHEN Yinguang, ZHOU Qi, et al. Biological short-chain fatty acids (SCFAs) production from waste-activated sludge affected by surfactant [J]. Water Research, 2007, 41: 3112-3120.

[9] LIU He, WANG Jin, LIU Xiaoling, et al. Acidogenic fermentation of

proteinaceous sewage sludge: effect of pH [J]. Water Research, 2012, 46(3):799-807.

[10] TONG Juan, CHEN Yinguang. Enhanced biological phosphorus removal driven by short-chain fatty acids produced from waste activated sludge alkaline fermentation [J]. Environmental Science and Technology, 2007, 41(20):7126-7130.

[11] GAO Yongqing, PENG Yongzhen, ZHANG Jingyu, et al. Biological sludge reduction and enhanced nutrient removal in a pilot-scale system with 2-step sludge alkaline fermentation and A(2)O process [J]. Bioresource Technology, 2011, 102(5):4091-4097.

[12] KIM M, GOMEZ C Y, AHN Y, et al. Hydrolysis and acidogenesis of particulate organic material in mesophilic and thermophilic anaerobic digestion [J]. Environmental Technology, 2003, 24(9): 1183-1190.

[13] BOUSKOVA A, DOHANYOS M, SCHMIDT J E, et al. Strategies for changing temperature from mesophilic to thermophilic conditions in anaerobic CSTR reactors treating sewage sludge [J]. Water Research, 2005,39:1481-1488.

[14] CHEN Yinguang, JIANG Su, YUAN Hongying, et al. Hydrolysis and acidification of waste activated sludge at different pHs [J]. Water Research, 2007, 41(3): 683-689.

[15] JIE Weiguang, PENG Yongzhen, REN Nanqi, et al. Volatile fatty acids (VFAs) accumulation and microbial community structure of excess sludge (ES) at different pHs [J]. Bioresource Technology, 2014, 152:124-129.

[16] RIVIERE D, DESVIGNES V, PELLETIER E, et al. Towards the definition of a core of microorganisms involved in anaerobic digestion of sludge [J]. International Society for Microbial Ecology, 2009, 3 (6):700-714.

[17] ZHENG Xiong, SU Yinglong, LI Xiang, et al. Pyrosequencing reveals the key microorganisms involved in sludge alkaline fermentation for efficient short-chain fatty acids production [J]. Environmental Science and Technology, 2013, 47(9):4262-4268.

[18] LI Xiaoling, PENG Yongzhen, REN Nanqi, et al. Effect of temperature on short chain fatty acids (SCFAs) accumulation and microbiological transformation in sludge alkaline fermentation with $\text{Ca}(\text{OH})_2$ adjustment [J].Water Research, 2014, 61:34-45.

[19] JIE Weiguang, PENG Yongzhen, REN Nanqi, et al. Utilization of alkali-tolerant stains in fermentation of excess sludge [J]. Bioresource Technology, 2014, 157:52-59.

[20] DENNIS K L, WANG Y, BLATNER N R, et al. Adenomatous polyps are driven by microbe-instigated focal inflammation and are controlled by IL-10-producing T cells [J]. Cancer Research, 2013, 73(19):5905-5913.

[21] EASTMAN J A, FERGUSON J F. Solubilization of particulate organic carbon during the acid phase of anaerobic digestion [J]. Journal of the Water Pollution Control Federation, 1981, 53(3): 352-366.

[22] YUAN Yue, WANG Shuying, LIU Ye, et al. Long-term effect of pH on short-chain fatty acids accumulation and microbial community in sludge fermentation systems [J]. Bioresource Technology, 2015, 197: 56-63.

[23] FROLUND B, PALMGREN R, KEIDING K, et al. Extraction of extracellular polymers from activated sludge using a cation exchange resin [J]. Water Research, 1996, 30(8):1749-1758.

[24] WINGENDER J, NEU T R, FLEMMING H C. Microbial extracellular polymeric substances: characterisation, structure and function [M]. Berlin:Springer, 1999.

[25] PIJUAN M, WANG Qilin, YE Liu, et al. Improving secondary sludge biodegradability using free nitrous acid treatment [J]. Bioresource Technology, 2012,116: 92-98.