

不同来源接种物对不同原料产氢烷潜力的影响及微生物群落结构分析

李 凯, 赵素晓, 刘思雨, 张欣蕾, 李禄恩, 梅宝帆, 井琳琳, 孙雅雅, 袁海荣*

(北京化工大学 化工资源有效利用国家重点实验室, 环境科学与工程系, 北京 100029)

摘 要: 接种物的特性关系到能否正常启动厌氧消化系统, 是厌氧消化系统启动成败的关键所在。以牛粪(NF)、秸秆厌氧消化液(ZY)和餐厨干发酵物出料(CN)3种接种物为研究对象, 研究了不同接种物对不同原料产氢烷潜力的影响及其微生物群落结构特性。结果表明: 厨余-CN和玉米秸秆-NF组的最高产甲烷和产氢速率分别为42.4和26.5 mL·g⁻¹VS·d⁻¹。玉米秸秆-NF组的累积甲烷产量最高为80.9 mL·g⁻¹VS, 分别比其它实验组累积产甲烷量高出18.1%~255.4%。玉米秸秆-NF组在产甲烷和产氢气方面均为最优, 其次是厨余-CN组。*Proteiniphilum*(16.2%)、*Turicibacter*(12.6%)和*Methanocorpusculum*(80.5%)、*Methanobrevibacter*(18.6%)是NF接种物在属水平上的优势细菌和古菌。因此, 不同微生物样本的微生物群落结构存在较大显著性差异, 不同原料的产氢烷潜力均受不同接种物中的多种微生物种类和丰度的影响, 牛粪接种物消化玉米秸秆原料的产氢产甲烷潜力最优。

关键词: 接种物; 微生物; 厌氧消化; 群落结构

中图分类号: X705; X712 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-1166(2023)04-0031-09

DOI: 10.20022/j.cnki.1000-1166.2023040031

Investigation of Hydrogen and Methane Productions Potential for Different Raw Materials and Analysis of Microbial Community Structure for Different Substrates Inocula / LI Kai, ZHAO Wenxiaoyun, LIU Siyu, ZHANG Xinlei, LI Luen, MEI Baofan, JING Linlin, SUN Yaya, YUAN Hairong* / (State Key Laboratory of Chemical Resource Engineering, Department of Environmental Science and Engineering, Beijing University of Chemical Technology, Beijing 100029, China)

Abstract: The characteristics of the inoculum are related to the normal start of the anaerobic digestion (AD) system, which is the key of the success or failure of AD startup. In this study, three kinds inocula of cow manure (NF), liquid fraction of straw digestate (ZY) and residues of food waste AD (CN) were used. The effect of different substrates inocula on hydrogen and methane productions potential of different substrates were investigated and microbial community structure was analyzed. The results showed that the highest methane production and hydrogen production rates of the kitchen waste-CN and corn stover-NF groups were 42.4 and 26.5 mL·g⁻¹VS·d⁻¹, respectively. The highest cumulative methane yield for corn straw-NF group was 80.9 mL·g⁻¹VS, which was 18.1%~255.4% higher than that of the other experimental groups. The corn stover-NF group was optimal in methane production and hydrogen production, followed by the kitchen waste-CN group. *Proteiniphilum* (16.2%), *Turicibacter* (12.6%), *Fermentimonas* (10.4%), *Lysinibacillus* (9.0%) and *Methanocorpusculum* (80.5%), *Methanobrevibacter* (18.6%) are the predominant bacteria and archaea for the NF inoculum at the genus level. Therefore, there were significant differences for the microbial community structure of different microbial samples. The hydrogen and methane production potential of different substrates were influenced by multiple microbial species and abundances in different inocula. The hydrogen and methane production potential were optimal for corn stover-NF groups.

Key words: inoculum; microbial; anaerobic digestion; community structure

厌氧消化是一种很好的处理有机废物并产生氢
烷的能源转化技术。厌氧消化系统的启动都离不

开良好的接种物, 接种物的优劣是影响厌氧消化启
动成败的关键。影响厌氧消化的因素有很多^[1], 研

收稿日期: 2022-10-14 修回日期: 2022-12-13

项目来源: 国家重点研发计划项目(2019YFC1904104)

作者简介: 李 凯(2002-), 男, 黑龙江大庆人, 本科, 研究方向为固体废物资源化与高值利用, E-mail: 19106418082@163.com

通信作者: 袁海荣, E-mail: yuanhairong75@163.com

研究者的关注点主要集中在温度^[2]、pH 值^[3]、有机负荷^[4]等因素对厌氧消化性能的影响上,对单纯接种物的研究相对较少。

接种物是影响厌氧消化的主要参数之一。Hossain^[4]等研究了温度、接种物类型和接种比对干式厌氧消化沼气产量的影响,发现厌氧污泥和牛粪混合比为 1:2 的混合物作为接种物时,城市有机固体废物的甲烷产量最高,但没有对接种物中的微生物进行分析。Li^[5]等对比了北郎中养猪厂的中温厌氧消化沼液、北京城市污水处理厂的废活性污泥和顺义酿酒厂的活性颗粒污泥 3 种接种物对牛粪、玉米秸秆和蕃茄秧共消化的影响,发现猪粪沼液作为接种物时混合物的产甲烷量最高,活性颗粒污泥作为接种物时混合物的挥发性脂肪酸浓度较高,并对 3 种接种物进行了简单的微生物群落结构分析,但未对比 3 种不同接种物之间的差异性。Aarle^[6]等研究了厌氧污泥、颗粒污泥和产酸发酵液 3 种接种物分别对 3 种复杂的木质纤维素原料酸化产挥发性脂肪酸的影响。刘伟^[7]等对比了 5 种接种物对牛粪高温厌氧消化产气性能的影响,发现接种物为沼液底物和二沉污泥的混合物时牛粪厌氧产气效果最好。

综上所述,研究者们以不同原料为基质,采用了多种不同接种物进行厌氧消化实验,主要研究了不

同接种物对不同基质的产气性能方面的影响,很少有人关注不同接种物之间微生物群落结构变化和不同接种物之间微生物的差异性。由于在厌氧消化过程中,真正对厌氧消化起作用的是接种物里面的微生物,因此,探明不同接种物的群落结构特性及其差异性,关系到能否正常启动厌氧消化系统,是厌氧消化系统启动成败的关键所在。所以,研究不同接种物对不同原料的产气潜力及其微生物群落结构及差异性非常有必要。

1 材料与方法

1.1 实验原料

为了评价不同来源的接种物是否适合作为厌氧消化的接种物,3 种发酵原料被采用,分别为玉米秸秆、青稞秆和厨余垃圾,分别取自北京市延庆区、西藏拉萨市和北京化工大学学生食堂。秸秆经风干粉碎至 20 目后备用,厨余垃圾除杂后用垃圾粉碎机粉碎后备用。实验选取 3 种接种物,分别为牛粪、秸秆厌氧消化液和餐厨干发酵出料,为表述方便,分别命名为 NF、ZY、CN,3 种接种物分别取自北京大兴区金银岛牧场、三河市盈盈生物有限公司和北京化工大学固废实验室。原料和接种物的基本性质如表 1 所示。

表 1 原料及接种物基本性质*

名 称	玉米秸秆	青稞秆	厨余垃圾	NF	ZY	CN
TS ^a /%	93.90 ± 0.46	94.85 ± 0.27	10.46 ± 0.42	11.32 ± 0.15	5.95 ± 0.10	20.10 ± 0.37
VS ^a /%	85.82 ± 0.99	89.21 ± 0.10	9.48 ± 0.44	8.71 ± 0.14	3.75 ± 0.05	8.89 ± 0.17
氨氮 ^a /(mg·L ⁻¹)	—	—	153 ± 12	1550 ± 14	1210 ± 25	1355 ± 10
碱度 ^a /(mg·L ⁻¹)	—	—	1800 ± 73	11350 ± 108	6663 ± 38	4250 ± 250
pH 值 ^a	—	—	4.18 ± 0.10	7.69 ± 0.04	8.45 ± 0.04	8.77 ± 0.07
TVFA/(mg·L ⁻¹)	—	—	487.17 ± 53.05	940.06 ± 29.55	1220.08 ± 68.48	634.02 ± 76.54

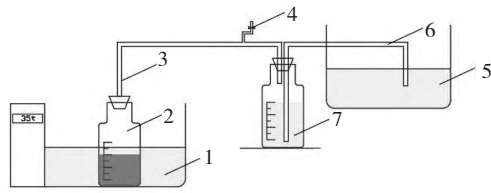
注:a 为新鲜物质的含量;—为未测定;* 为 3 平行样品的平均值。

1.2 实验方法

产甲烷潜力实验采用批式厌氧消化方式。实验装置由 500 mL 蓝盖瓶(有效体积为 400 mL)、集气瓶、乳胶管、三通等组成(见图 1)。将 ZY、NF 和 CN 分别作为消化青稞秆、玉米秸秆和厨余垃圾的接种物,并考察其产氢和产甲烷潜力。将 3 种实验原料分别与不同接种物按干物质比 1:2 混合放入蓝盖瓶,加入去离子水至有效体积,充分搅拌均匀后封盖,然后置于恒温水浴箱中,保持反应器内温度为

35 ℃ ± 1 ℃,每天定时手动摇动发酵瓶两次,采用排水集气法收集所产生的气体,每天记录气体产量并用气相色谱仪测定气体中氢气、甲烷和二氧化碳等气体成分,计算氢气出和甲烷的产量。每个反应瓶加入 20 gTS 原料,为了考察不同接种物是否能快速且正常启动厌氧消化反应系统并顺利进入甲烷化阶段,厌氧消化时间设定为 10 天。同时设置纯 ZY、NF 和 CN 接种物作为空白对照,实验结果均扣除接种物空白产气量,每组实验设置 3 个平行样,实验结

果为 3 平行样的平均值。



1.水浴箱; 2.发酵瓶; 3.导气管; 4.止水夹; 5.集水箱; 6.排水管; 7.排水集气瓶

图1 实验装置示意图

1.3 分析方法

样品的总固体含量 (TS) 和挥发性固体含量 (VS) 采用国标法进行测定。碱度采用溴甲酚绿-甲基红指示剂滴定; 氨氮含量采用 HI83206 高精度实验室多参数测定仪进行测定; pH 值、总挥发性脂肪酸 (TVFA) 和气体含量分别采用 pH 计、气相色谱仪 (岛津 GC-2014) 和气相色谱仪 (SP-2100) 进行测定。选取 NF、ZY 和 CN 这 3 种接种物样品送至上海美吉生物公司进行微生物测定, 细菌和古菌 PCR 的引物分别为 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAG-CAG-3')、806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 和 524F10ext (5'-TGTCAGCCGCCGCGGTAA-3')、Arch958Rmod (5'-YCCGGCGTTGAVTC-CAATT-3')。基于 16S rDNA 高通量测序技术对样品中的微生物群落进行分析。并根据 Illumina MiSeq 平台上的标准操作规程进行测序, 相关微生物图通过上海美吉生物云平台进行在线作图。

2 结果与讨论

2.1 产甲烷潜力分析

产甲烷速率和产甲烷潜力是评价接种物优劣的两个重要指标, 不同接种物中加入青稞秆、玉米秸秆和厨余垃圾后其产甲烷速率和产甲烷潜力如图 2 ~ 图 4 所示。由图 2 可以看出: 在厌氧发酵的第 1 天, 厨余-CN 组产甲烷速率最高, 达到 $42.4 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1} \text{VS} \cdot \text{d}^{-1}$, 然后产甲烷速率迅速下降, 从第 4 天开始产气几乎为 0。青稞秆-ZY 和玉米秸秆-NF 组产甲烷速率逐渐缓慢上升, 到第 10 天时, 日甲烷产量分别达到 11.4 和 $14.4 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1} \text{VS} \cdot \text{d}^{-1}$ 。厨余-ZY 组在 10 天的发酵周期内几乎未产甲烷。在厌氧发酵的前 2 天, 玉米秸秆-NF 和厨余-ZY 组表现出良好的产氢气优势, 最大日产氢气速率分别为 26.5 和 $15.8 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1} \text{VS} \cdot \text{d}^{-1}$, 最大氢气含量分别为 39.5% 和 21.0% (见图 3)。从气体含量来看 (见图 3), 不同实验

组中 (厨余-ZY 组除外) 甲烷含量均呈快速上升趋势, 从第 3 ~ 4 天开始, 甲烷含量均已超过 30% , 到第 10 天时, 不同实验组的甲烷含量为 $56.7\% \sim 70.9\%$, 玉米秸秆-NF 组从第 4 天开始甲烷含量达到 $61.4\% \sim 71.6\%$ 。由图 4 可知, 玉米秸秆-NF 组在 10 天的厌氧消化周期内累积甲烷产量最高, 为 $80.9 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1} \text{VS}$, 分别高出青稞秆-ZY、青稞秆-CN 和厨余-CN 组 54.5% 、 255.4% 和 18.1% , 这说明 NF 接种物更适合消化秸秆。同时玉米秸秆-NF 组和厨余-ZY 组的累积氢气产量分别为 33.9 和 $27.1 \text{ mL} \cdot \text{g}^{-1} \text{VS}$ 。因此, 玉米秸秆-NF 组在产甲烷和产氢气方面均为最优, 其次是厨余-CN 组。这说明接种物消化同源原料更容易, 也就是 NF 接种物更适合消化秸秆, 而 CN 接种物更适合消化厨余垃圾, 这个现象与之前用不同来源沼液作为预处理剂后厌氧产甲烷的结果相似^[3]。

2.2 微生物群落结构分析

2.2.1 细菌和古菌群落结构

细菌在门水平和属水平上的相对丰度如图 5 ~ 图 7。不同接种物中的细菌在 12 个门和 57 个属上

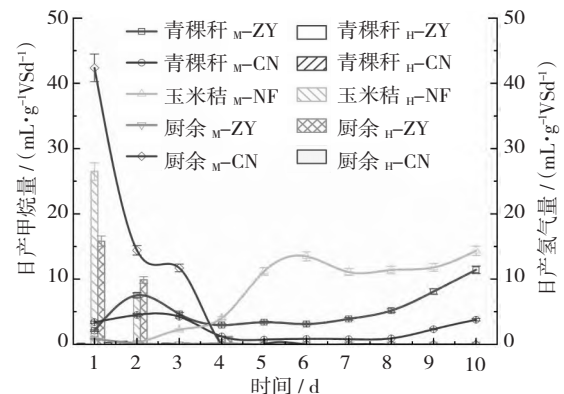


图2 不同接种物条件下日产气甲烷和氢气速率

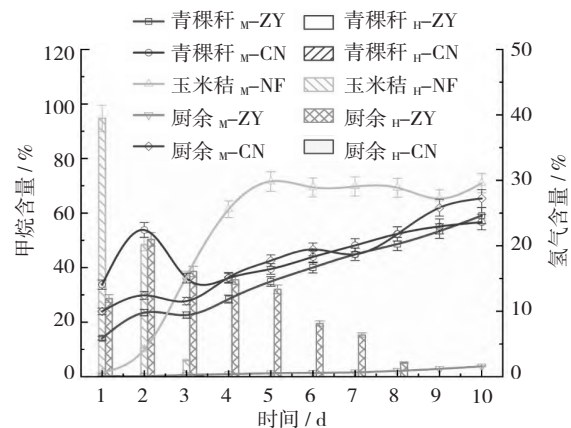


图3 不同接种物条件下甲烷和氢气含量的变化

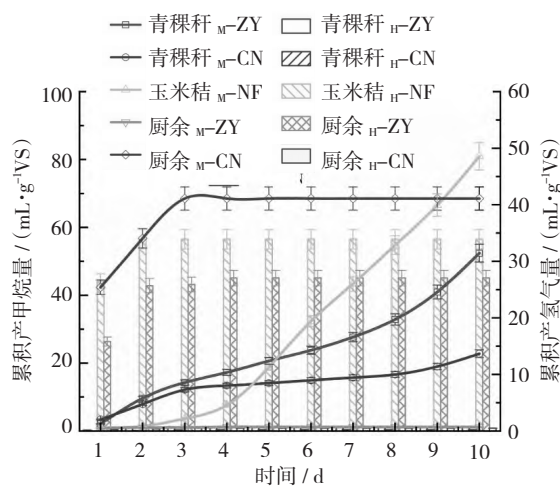


图4 不同接种物条件下累积甲烷产量和氢气产量

相对丰度较高。其中厚壁菌门 (*Firmicutes*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 在 3 种接种物中相对丰度占绝对优势, 分别为 35.3% ~ 53.2% 和 11.6% ~ 36.5% (见图 5)。 *Firmicutes* 和 *Bacteroidota* 是厌氧发酵中最常见的两个门, 其中 *Firmicutes* 的主要作用是产生纤维素酶、蛋白酶和各种胞外酶来降解各种复杂有机物, 其中部分 *Firmicutes* 具有降解纤维素的能力; *Bacteroidetes* 的主要作用是将大分子有机物降解成小分子的酸类物质^[8]。在 NF 接种物中, *Firmicutes* 和 *Bacteroidota* 的相丰度均为最高, 这说明 NF 接种物的水解酸化能力最强, 可以很快将原料降解成小分子物质, 这与玉米秸秆-NF 组产甲烷和产氢气的能力均为最强相对应。在属水平上 (见图 7), CN 接种物中优势菌种为未分类的多伊卡菌门 *g_norank_f_norank_o_norank_c_Dojkabacteria* (19.20%), 属于 *Bacteroidota* 门类, 该类细菌主要与碳水化合物降解有关, 能够适应极端环境^[9]。这就是 pH 值为 4.2 的厨余垃圾 (见表 1) 在 CN 接种物条件下也能很好地厌氧消化产甲烷而厨余-ZY 组则产气不佳的主要原因, 因为 ZY 接种物中缺少大量适应极端环境的细菌。在 ZY 接种物中, 相对丰度最高的是 *Candidatus_Caldatibacterium* (10.2%)。NF 接种物中, 优势菌种为紫单胞菌 (*Proteiniphilum*)、热杆菌 (*Turicibacter*)、发酵单胞菌 (*Fermentimonas*) 和赖氨酸芽胞杆菌 (*Lysinibacillus*), 相对丰度分别为 16.2%、12.6%、10.4% 和 9.0%。 *Fermentimonas* 和 *Proteiniphilum* 能够利用不同类型的碳水化合物和纤维素产生氢气、VFA 和 CO₂ 以及利用含 N 类物质作为能源产生乙酸^[10], *Turicibacter* 主要参与糖类发酵物质

的代谢, 其代谢产物主要为乳酸^[11]。因此, NF 接种物以玉米秸为原料时, 能够既产生甲烷, 也能够产生氢气。总体来说, 上述细菌大都属于 *Firmicutes*、*Bacteroidota* 和 *Proteobacteria* 菌门, 对促进厌氧消化底物的水解起重要作用。

在甲烷化阶段, 不同的古菌对产甲烷起到重要的作用, 在门水平和属水平的相对丰度如图 6、图 8。广古菌门 (*Euryarchaeota*) 和卤杆菌门 (*Halobacterota*) 在门水平上的相对丰度占据绝对优势, 两者的相对丰度之和占门水平总相对丰度的 96.95% ~ 99.95% (见图 6)。其中 ZY 接种物中 *Euryarchaeota* 和 *Halobacterota* 的相对丰度分别为 52.9% 和 44.0%。NF 和 CN 接种物中相对优势菌门为 *Halobacterota* (80.9%) 和 *Euryarchaeota* (98.6%)。在属水平上, 3 种接种物之间有明显区别 (图 8)。 *Methanospaera* 是 CN 接种物中的优势菌种, 相对丰度占 98.2%。在 NF 接种物中, 优势菌种为 *Methanocorpusculum* 和 *Methanobrevibacter*, 其相对丰度分别为 80.5% 和 18.6%。ZY 接种物中的甲烷菌多样性比 NF 和 CN 接种物中的优势甲烷菌种类丰富得多, 相对丰度大

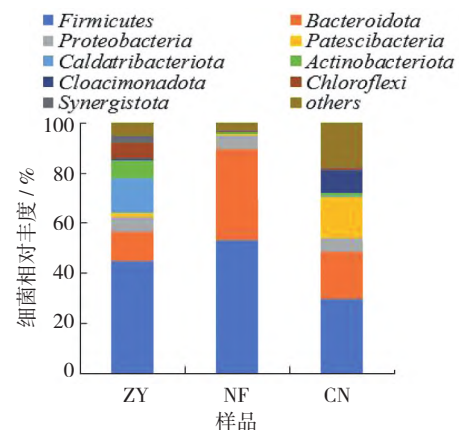


图5 细菌在门水平上的相对丰度

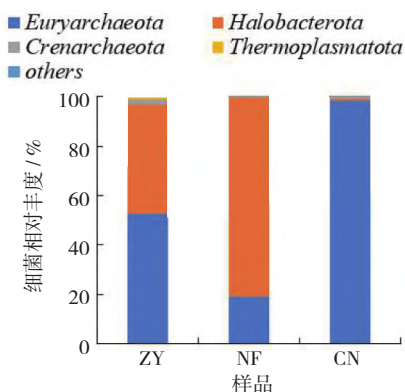


图6 古菌在门水平上的相对丰度

于1%的甲烷菌有8种,其中优势菌种为甲烷鬃毛菌(*Methanosaeta*)、甲烷杆菌(*Methanobacterium*)和甲烷短杆菌(*Methanobrevibacter*),其相对丰度分别为41.7%、31.2%和16.4%。*Methanosaeta*的主要作用是能够利用不同种类的底物,它可以将甲基胺或甲醇转化为甲烷和二氧化碳,或者将氢气、二氧化碳和乙酸转化成甲烷^[12]。*Methanospaera*、*Methanocorpusculum*和*Methanobrevibacter*属于氢营养型产甲烷菌,氢营养型产甲烷古菌利用氢气、甲酸盐等电子供体还原二氧化碳产生甲烷^[8]。由于厨余垃圾易

酸化,在CN接种物中其水解酸化过程产生的氢气很容易被氢营养型产甲烷菌*Methanospaera*所利用,因此,CN接种物中加入厨余垃圾更适合产甲烷。而在厨余-ZY组,由于ZY接种物中缺少*Methanospaera*(1.9%),而能利用氢气产甲烷的*Methanobrevibacter*丰度仅为16.4%,远低于在CN接种物中98.2%丰度的*Methanospaera*,故厨余-ZY组的产氢量高,而产甲烷量最低。由于NF接种物中含有极其丰富的氢营养型产甲烷菌和产氢产酸细菌,因此,NF接种物组产氢和产甲烷效果均最佳。

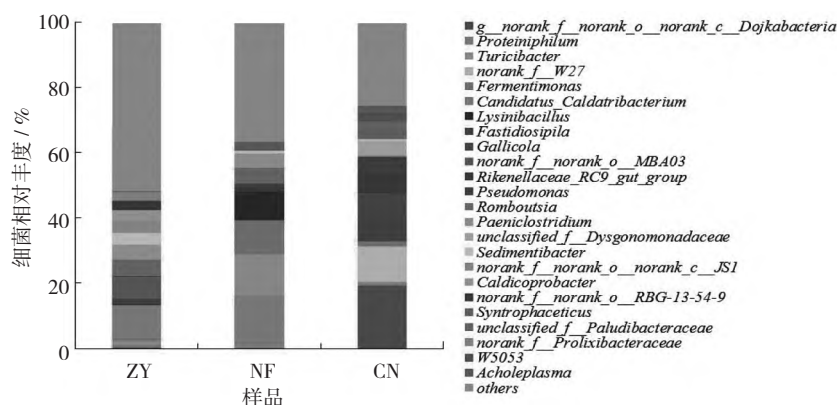


图7 细菌在属水平上的相对丰度

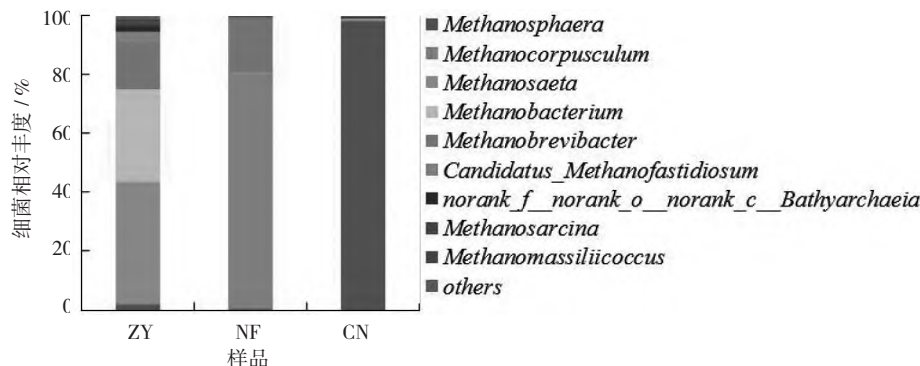


图8 古菌在属水平上的相对丰度

2.2.2 微生物差异性分析

为了进一步分析不同接种物之间微生物的不同,对不同接种物进行了属水平上的组间差异性分析(见图9、图10)。由图可知,不同接种物之间在细菌和古菌上的差异性非常明显。NF接种物与CN和ZY接种物相比,NF接种物中的*Proteiniphilum*、*Turicibacter*、*Fermentimonas*和*Lysinibacillus*的相对丰度与接种物CN和ZY中相应地细菌在相对丰度上存在显著性差异((9.0%~15.3%)*, $p \leq 0.001$)和((8.8%~15.6%)*, $p \leq 0.001$),*Dojobacteria*和*norank_f_W27*在NF和CN接种物中也

存在明显差异(-11.0%~-19.2%)*, $p \leq 0.001$)(见图9)。在古菌属水平上,NF接种物中的古菌*Methanospaera*、*Methanocorpusculum*和*Methanobrevibacter*的相对丰度与CN接种物中相应古菌的相对丰度存在显著性差异(-97.8%*, 18.5%~80.5%*, $p \leq 0.001$),NF与ZY接种物中的*Methanocorpusculum*、*Methanosaeta*和*Methanobacterium*的相对丰度也存在显著性差异(80.5%*, -41.7%*和-31.1%*, $p \leq 0.001$)(见图10)。这说明不同接种物之间在属水平上的细菌和古菌均存在较大显著性差异。这可以很好地解释出不

同接种物在产氢烷方面的能力是不同的。

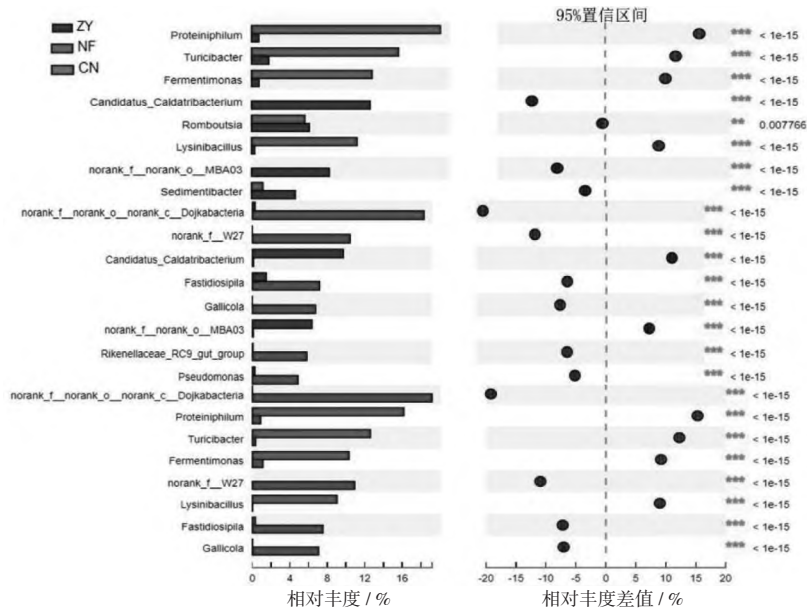


图9 细菌在属水平上的差异

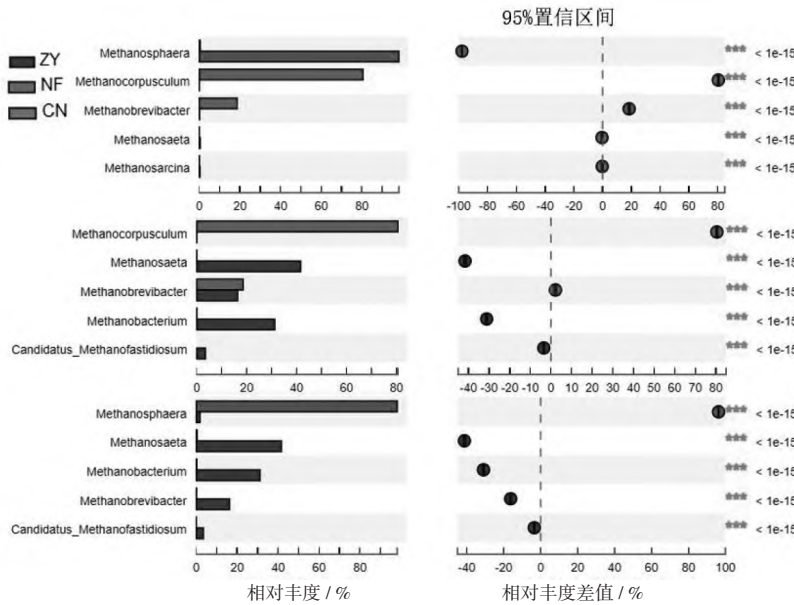


图10 古菌在属水平上的差异

2.2.3 微生物群落与接种物特性的相关性分析

接种物中的 pH 值、氮氮、碱度和 TVFA 等基本特性会直接影响接种物中微生物群落结构,最终影响接种物环境下的原料产氢气和产甲烷的能力。因此,明确接种物基本特性与接种物中微生物群落结构的相关性,有助于分析原料的产气潜力。不同接种物特性与微生物群落结构的相关性如图 11 ~ 图 14 所示。由图 11 可知:接种物中的 pH 值和 TVFA 分别与 *Fastidiosipila*、*norank_f_norank_o_norank_c*

Dojkabacteria、*norank_f_W27* 和 *Sedimentibacter*、*Romboutsia*、*Paeniclostridium* 呈现出显著的正相关性 ($R = 1.0^{***}$),与 *Turicibacter*、*Lysinibacillus* 和 *Gallicola*、*Pseudomonas*、*Rikenellaceae_RC9_gut_group* 表现出显著的负相关性 ($R = -1.0^{***}$)。碱度和氮氮分别与 *Turicibacter*、*Lysinibacillus* 和 *Proteiniphilum*、*Fermentimonas*、*Acholeplasma* 表现出显著性正相关性,而与 *norank_f_norank_o_norank_c_Dojkabacteria*、*norank_f_W27*、*Fastidiosipila* 和 *Candidatus*

Caldatribacterium、*norank_f__norank_o__MBA03*、*Christensenellaceae_R-7_group*、*Caldicoprobacter*、*norank_f__norank_o__norank_c__JS1* 表现出强烈地负相关。产氢潜力与接种物中碱度和微生物的相关性相似,而产甲烷潜力与接种物中氨氮与微生物的相关性一致。同时分析图 12 可知,接种物中的碱度和产氢能力与 *Methanobrevibacter* 正相关 ($R = 1^{***}$),pH 值与 *Methanobrevibacter* 显示出极强的负

相关性 ($R = -1^{***}$)。 *Methanosphaera* 与 pH 值呈现出正相关性,与碱度和氢气产量呈现出负相关性。 *Methanocorpusculum* 与氨氮和甲烷产量呈现出极强的正相关性 ($R = 1^{***}$)。这表明 *norank_f__norank_o__norank_c__Dojkabacteria*、*norank_f__W27*、*Fastidiosipila* 的丰度与产氢能力呈现正相关, *Methanocorpusculum* 的相对丰度与产甲烷能力呈现正相关。综合图 11、12 可说明,接种物中的细菌和古菌微生物

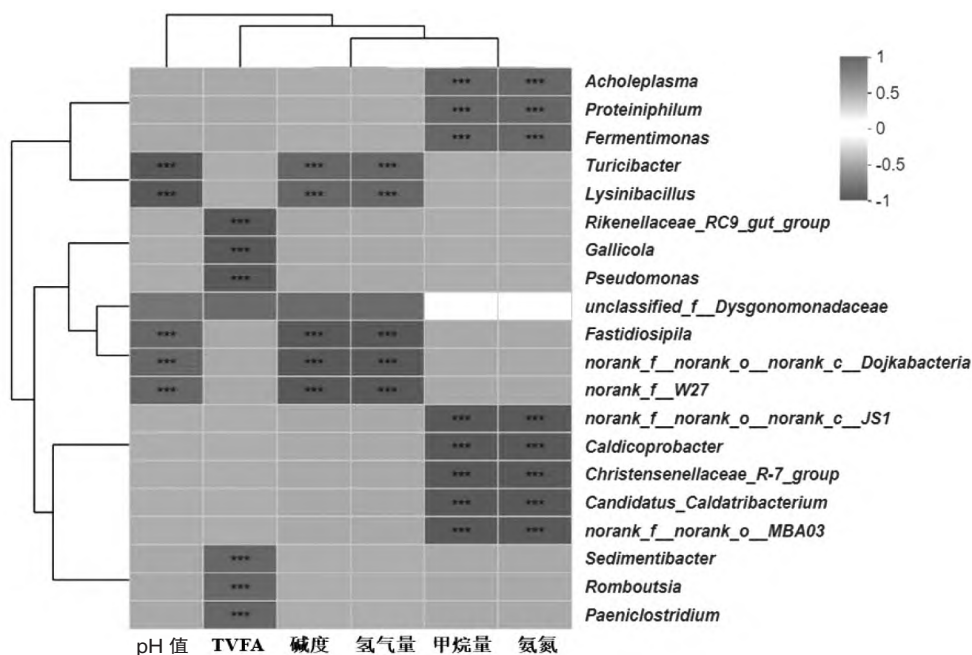


图 11 细菌与接种物特性相关性热图

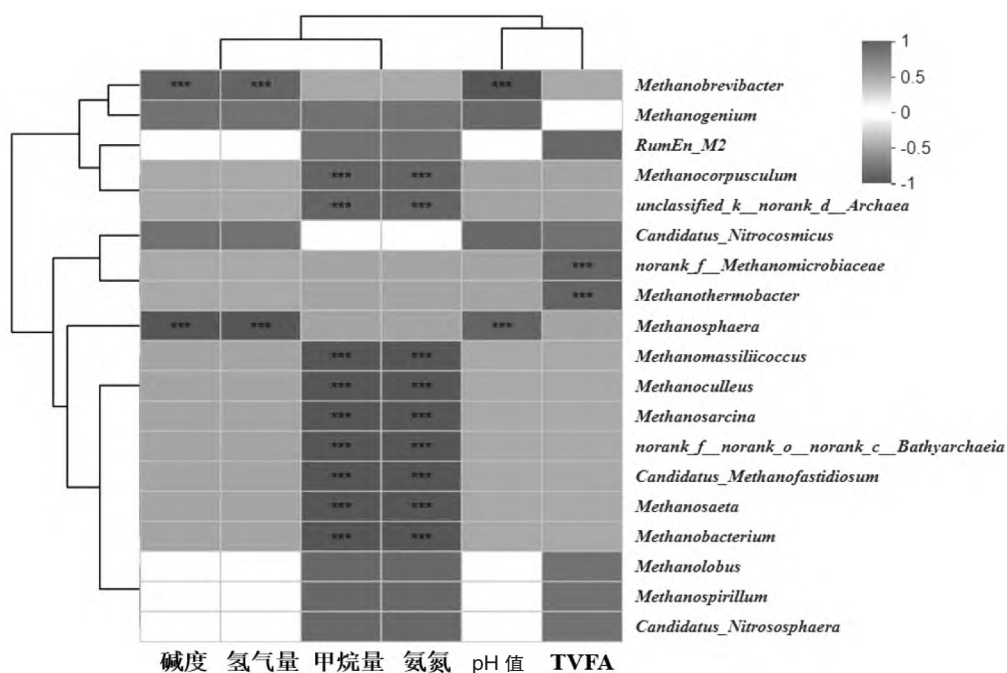


图 12 古菌与接种物特性相关性热图

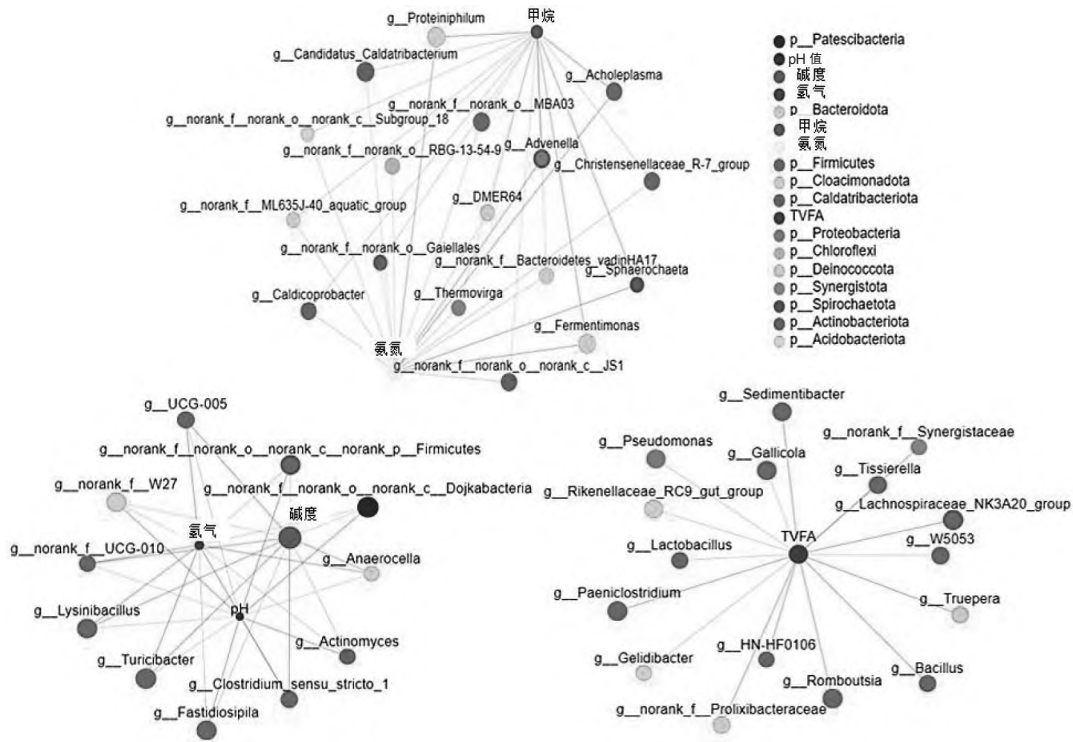


图 13 细菌网络

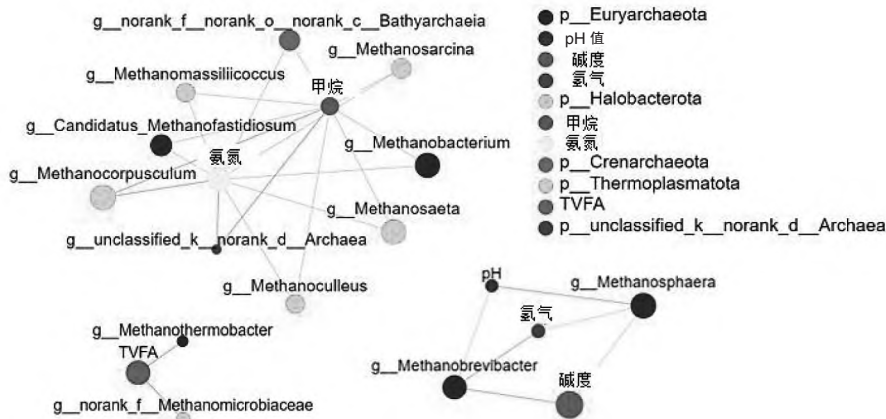


图 14 古菌网络

与原料的产氢和产甲烷潜力有关系。由细菌和古菌在属水平上的网络关系图 13、14 可以进一步直观地看出微生物与接种物的基本特性之间的关系。厌氧消化系统中 TVFA 影响厌氧消化过程中 *Gallicola* 等 19 种细菌和 *Methanothermobacter* 等 2 种古菌的丰度,产氢潜力与 *Turicibacter* 等 10 种细菌和 *Methanospaera* 等 2 种古菌丰度的有关。产甲烷潜力受 *Proteiniphilum* 等 17 种细菌和 *Methanocorpusculum* 等 9 种古菌的影响。这说明接种物中有多种的细菌和古菌共同分工协作,对加入到接种物系统中的原料的产氢和产甲烷潜力共同起作用。

3 结论

不同接种物中加入不同原料后其产氢速率和产氢潜力有明显不同,接种物消化同源原料效果更好。厨余-CN 和玉米秸秆-NF 组的最高产甲烷和产氢速率分别为 42.4 和 26.5 mL·g⁻¹ VS·d⁻¹。玉米秸秆-NF 组的累积甲烷产量最高,为 80.9 mL·g⁻¹ VS,分别比青稞秆-ZY、青稞秆-CN 和厨余-CN 组高出 54.5%、255.4% 和 18.1%。玉米秸秆-NF 组在产甲烷和产氢气方面均为最优,其次是厨余-CN 组。

细菌 *Firmicutes* 和 *Bacteroidota* 在门水平上的相

对丰度分别为 35.3% ~ 53.2% 和 11.6% ~ 36.5%。NF 接种物属水平上的优势细菌种为 *Proteiniphilum*、*Turicibacter*、*Fermentimonas* 和 *Lysinibacillus*, 相对丰度分别为 16.2%、12.6%、10.4% 和 9.0%。*Euryarchaeota* 和 *Halobacterota* 在门水平上的相对丰度占总相对丰度的 96.95% ~ 99.95%。*Methanospaera* 和 *Methanocorpusculum*、*Methanobrevibacter* 是 CN 和 NF 接种物中的优势菌种, 相对丰度分别为 98.2% 和 80.5%、18.6%。

不同接种物在属水平上的细菌和古菌之间均存在较大显著性差异。产氢潜力受 *Turicibacter* 等 10 种细菌和 *Methanospaera* 等 2 种古菌丰度的影响。产甲烷潜力与 *Proteiniphilum* 等 17 种细菌和 *Methanocorpusculum* 等 9 种古菌的相关。

参考文献:

- [1] Wang K, Yin J, Shen D, et al. Anaerobic digestion of food waste for volatile fatty acids (VFAs) production with different types of inoculum: Effect of pH[J]. *Bioresource Technology*, 2014, 161: 395–401.
- [2] Guan R, Yuan H, Yuan S, et al. Current development and perspectives of anaerobic bioconversion of crop stalks to Biogas: A review[J]. *Bioresource Technology*, 2022, 349:126615
- [3] Wei Y, Lan Y, Li X, et al. Effect of wheat straw pretreated with liquid fraction of digestate from different substrates on anaerobic digestion performance and microbial community characteristics[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 818: 151764
- [4] Hossain M S, Karim T U, Onik M H, et al. Impact of temperature, inoculum flow pattern, inoculum type, and their ratio on dry anaerobic digestion for biogas production [J]. *Scientific reports*, 2022, 12: 6162.
- [5] Li Y, Wang Y, Yu Z, et al. Effect of inoculum and substrate/inoculum ratio on the performance and methanogenic archaeal community structure in solid state anaerobic co-digestion of tomato residues with dairy manure and corn stover[J]. *Waste Management*, 2018, 81:117–127.
- [6] Ingrid M. Van A, Anastasios P, et al. Mixed inoculum origin and lignocellulosic substrate type both influence the production of volatile fatty acids during acidogenic fermentation[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2015, 103:242–249.
- [7] 刘伟, 王欣, 高德玉, 等. 不同接种物对奶牛粪便高温厌氧消化的影响研究[J]. *黑龙江科学*, 2012(5): 37–40.
- [8] 李慧莉, 杨子显, 陈志强, 等. 基质负荷对秸秆与污泥厌氧消化微生物群落结构的影响[J]. *哈尔滨工业大学学报*, 2020, 52(11): 18–25.
- [9] Jiang N, He J, Zhang A, et al. Synergistic improvement of short-chain fatty acid production from waste activated sludge via anaerobic fermentation by combined plasma-calcium peroxide process[J]. *Bioresource Technology*, 2022, 361: 127754
- [10] Guan R, Yuan H, Zhang L, et al. Combined pretreatment using CaO and liquid fraction of digestate of rice straw: Anaerobic digestion performance and electron transfer[J]. *Chinese Journal of Chemical Engineering*, 2021, 36(08): 223–232.
- [11] 罗玉虹, 刘自营, 王腾, 等. 河流型水牛和沼泽型水牛肠道微生物菌群结构比较研究[J]. *基因组学与应用生物学*, 2022, 41(04): 699–709.
- [12] 李旭, 冯磊, 甄箫斐, 等. 基于 CSTR 反应器鸡粪秸秆共消化产甲烷特性及菌群变化研究[J]. *环境科学学报*, 2021, 41(08): 3312–3323.