



许书林, 徐润钰, 王馨悦, 白宏宇, 刘宇, 陈春虹, 王小芬. 农用酵素对人粪尿肥料转化的影响及微生物群落响应机制[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(06): 129-136.

XU Shulin, XU Runyu, WANG Xinyue, BAI Hongyu, LIU Yu, CHEN Chunhong, WANG Xiaofen. Effects of agricultural Jiaosu on human excrement transformation and microbial community response mechanism[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(06): 129-136.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.06.14

农用酵素对人粪尿肥料转化的影响及微生物群落响应机制

许书林^{1,2} 徐润钰² 王馨悦² 白宏宇³ 刘宇² 陈春虹⁴ 王小芬^{1,2*}

(1. 中国农业大学 三亚研究院, 海南 三亚 572000;

2. 中国农业大学 农学院, 北京 100193;

3. 西北农林科技大学 草业与草原学院, 陕西 杨凌 712100;

4. 义源(上海)节能环保科技有限公司, 上海 200083)

摘要 为研究农用酵素对化粪池微生物群落和出水肥料价值的影响, 以农村户用式三格化粪池为反应器, 设置添加0.2% (V:V) 酵素(AJ)和不添加农用酵素(CK)处理, 测定化粪池三池出水的pH、铵态氮、游离氨、硝态氮、sCOD和微生物多样性等指标, 以及AJ和CK出水灌溉的小白菜植株根长、株高、叶面积、干重和鲜重等指标, 并利用共现性网络和线性判别效应量分析(LEfSe)对微生物信息进行注释并推测中心类群。结果表明, 添加农用酵素改变了化粪池出水细菌中除*Fastidiosipila*外的优势类群和所有中心类群, AJ中嗜蛋白菌属(*Proteiniphilum*)和脱硫微杆菌属(*Desulfomicrobium*)的丰度相比CK分别提升7.04%和10.14% ($P < 0.05$)。而在CK中, 泰氏菌属(*Tissierella*)同时是优势类群和中心类群, 在AJ中丰度下降5.62% ($P < 0.05$)。农用酵素的添加可减少人粪尿发酵过程中对植物生长有害成分的含量, AJ出水的游离氨和sCOD分别比CK降低24.5%和27.5% ($P < 0.05$)。施用AJ出水可使小白菜的成活率和产量比CK分别升高17%和34%。综上, 在人粪尿发酵过程中添加农用酵素可提升有益土壤或植物生长的细菌丰度, 提高有机物代谢速率, 并降低对作物生长有害成分的含量, 提升了出水的肥料价值。

关键词 农用酵素; 微生物多样性; 关键类群; 人粪尿肥料化

中图分类号 X712

文章编号 1007-4333(2024)06-0129-08

文献标志码 A

Effects of agricultural Jiaosu on human excrement transformation and microbial community response mechanism

XU Shulin^{1,2}, XU Runyu², WANG Xinyue², BAI Hongyu³, LIU Yu²,

CHEN Chunhong⁴, WANG Xiaofen^{1,2*}

(1. Sanya Institute of China Agricultural University, Sanya 572000, China;

2. College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;

3. College of Grassland Agriculture, Northwest A & F University, Yangling 712100, China;

4. Yiyuan (Shanghai) Energy Conservation and Environmental Protection Technology Co., Ltd., Shanghai 200083, China)

Abstract To investigate the effects of agricultural Jiaosu on microbial community and fertilizer value of effluent of septic tank, a rural household three-chamber septic tank was utilized as a reactor. Two treatments were established: One with the addition of 0.2% agricultural Jiaosu (AJ) and another without

收稿日期: 2023-12-10

基金项目: 十四五重点研发计划(2021YFD1901103); 三亚崖州湾科技城博士研究生科研创新基金(HSPHDSRF-2023-05-014)

第一作者: 许书林(ORCID:0009-0005-5300-9003), 博士研究生, E-mail: S20193010106@cau.edu.cn

通讯作者: 王小芬(ORCID:0000-0003-3543-1073), 教授, 主要从事物质资源农用转化的研究, E-mail: wxiaofen@cau.edu.cn

agricultural Jiaosu (CK). Various parameters including pH, ammonium nitrogen, free ammonia, nitrate nitrogen, sCOD, and microbial diversity of the effluent from the three chambers of the septic tank were measured. Additionally, the effects of different treatments on root length, plant height, leaf area, dry weight, and fresh weight of pakchoi were determined. Co-occurrence networks and Linear Discriminant Effect Size analysis (LEfSe) were employed to annotate microbial information and infer central taxa. The results indicate that the addition of agricultural Jiaosu altered the dominant taxa except *Fastidiosipila* and all central taxa among the bacteria in the septic tank effluent. Compared to CK, the abundance of *Proteiniphilum* and *Desulfomicrobium* in AJ increased by 7.04% and 10.14%, respectively ($P < 0.05$). *Tissierella* was both a dominant taxon and a central taxon in CK, but its abundance decreased by 5.62% in AJ ($P < 0.05$). In terms of chemical properties, the addition of agricultural Jiaosu helped reduce the content of harmful components for plant growth during the fermentation of human excrement. Compared with CK, the free ammonia and sCOD in AJ effluent decreased by 24.5% and 27.5%, respectively ($P < 0.05$). Application of AJ effluent increased the survival rate and yield of pakchoi by an average of 17% and 34% compared to CK. In conclusion, the addition of agricultural Jiaosu during the fermentation of human excrement the abundance of bacteria beneficial to soil or plants, improves the rate of organic matter metabolism, and enhances effluent application effectiveness by reducing the content of harmful components for crop growth.

Keywords agricultural Jiaosu; microbial diversity; keystone taxa; human excrement fertilization

生活污水处理是水资源循环的重要环节,厕所污水仅占生活污水体积约2%,却含有生活污水中90%以上的氮、磷和50%以上的钾^[1]。在常规模式下,去除这些成分会对污水处理系统造成很大负担^[1],但它们是作物生长必须的营养元素。因此,在厕所污水无害化的过程中保留其中养分,不仅可以大幅减少处理成本,也能大大增加处理后出水的肥料价值,为农业生产提供优质的有机肥^[2]。肥料化研究对于化粪池污水处理降本增效具有重要意义。

自“厕所革命”以来,三格化粪池作为农村厕改的主流工艺,在分散污水的治理工艺中发挥着重要作用,具有成本低廉,管理方便,卫生条件好等优势^[3]。化粪池的出水常被用于农业灌溉,但是已有研究大多侧重于评估化粪池的养分去除效率和环境影响^[4-5],对于其出水的肥料价值研究较少。人粪尿处理过程的微生物群落与施用效果密切相关^[6],研究微生物群落的变化有助于进一步探究发酵过程中的代谢途径和物质变化规律^[7],但是目前对化粪池污水微生物的研究也较少且多是关注特定的优势类群^[5,8],缺乏对于微生物间互作和群落变化规律的研究。此外,一些非优势类群也可能对发酵系统的微生物结构和功能具有不可或缺的影响^[9-11]。

近年来,节水便器和污水源分离技术的普及为人粪尿的养分浓缩带来了便利,但也使病原菌和抑制植物生长的物质得以富集而使厕所污水的处理

更具挑战^[12]。农用酵素是一种由废弃果蔬发酵而成的酸性产物,因其成本低,设备简易和操作方便等优势,已经在栽培和发酵领域得到了广泛应用^[13-15],添加农用酵素能改善沼液处理过程的微生物群落和代谢从而提高人粪尿沼液的肥料价值^[6]。化粪池的工作原理与沼液处理类似,因此有望通过添加农用酵素调控化粪池中微生物发酵的代谢过程,从而提升出水的肥料价值。但是目前关于施用农用酵素对化粪池微生物群落结构调控机制及出水的肥料价值研究尚未见报道。本研究以连接节水便器的化粪池污水为研究对象,通过对出水微生物群落、化学性质和施用效果的综合评估,旨在探究农用酵素对化粪池微生物群落和出水肥料价值的影响,以为农村分散式污水的低成本高效循环利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验的化粪池为山西省运城市五曹村(35.02°N, 110.59°E)某农户的三格化粪池,该户有3人,平均每人每日小便4次,大便1次,使用的高效节水便器每次冲水量约为1 L,在常规化粪池污水处理过程中,其在三池中总水力停留时间约为30 d,三池的体积比为2:1:3,依次在三池中的停留时间约为10、5和15 d,据此计算,第1—3池样品的

平均水力停留时间依次为5.0、12.5和22.5 d。

农用酵素按照以下方法制备:从运城市某农贸市场收集废弃的桃、苹果和橘子各1 kg,将这些水果切成1~2 cm的小块后,与红糖和水按照质量比为3:1:10混合置于15 L发酵罐中,(25±2)℃避光厌氧发酵90 d,发酵结束后取上清液于室温下避光厌氧保存。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计

化粪池正常运行30 d(2022年6月17—7月16日,平均气温29.35℃),作为CK;发酵结束后清掏重新运行,在运行过程中每天向第1池加入100 mL农用酵素原液,运行30 d,总计添加酵素量为3 L,作为AJ处理(2022年7月17—8月15日,平均气温28.73℃)。每次发酵结束时,依次对化粪池的第1—3池进行取样,以确定5.0(A)、12.5(B)和22.5(C) d的发酵效果,这些样品分别命名为CK_A、CK_B、CK_C、AJ_A、AJ_B、AJ_C,取样方法参考詹铭志^[16]的研究,每个取样点取样3次,每次取样量150 mL,于-20℃保存用于后续测定。

盆栽试验通过如下方式进行:将200 g土壤分别与50 mL CK_A、CK_B、CK_C、AJ_A、AJ_B、AJ_C的样品混合,另取200 g土壤分别与50 mL清水(W)和50 mL 0.2%(V:V)酵素水溶液(J)。所有处理重复4次(盆)。小白菜种子用3%(w:V) NaClO浸泡2 min,在无菌蒸馏水中洗涤5次^[17]。处理结束后,向每盆中均匀撒入3粒种子,将花盆随机放置在28℃,相对湿度60%的日光温室中,通过每天在土壤表面添加清水,让土壤含水量保持在持水能力的60%,30 d后整株收获^[6]。将小白菜用清水清洗后去除附着的土壤,并用消毒的滤纸擦干后用于测定,每个处理选取长势均一的4株,按照Gao等^[14]的方法测定株高、根长和叶面积,并测定成活植株的总干重和鲜重作为产量。综合评价指数按照Xu等^[6]的方法计算:

$$[ISQ] = \frac{1}{n} \left(\sum_{i=0}^n \frac{X_i - X_{i_{\min}}}{X_{i_{\max}} - X_{i_{\min}}} \right)$$

式中:[ISQ],综合评价指数; n 为指标数,本研究测量了株高、根长、叶面积、鲜重和干重5个指标,因此 $n=5$;对于每个指标, X_i 是处理的测量值, $X_{i_{\max}}$ 是所有处理中的最大值, $X_{i_{\min}}$ 是所有处理中的最小值。

1.2.2 分析和测试

使用DNA试剂盒(美国佐治亚州诺克斯 Omega Bio-tek公司)提取DNA。对V3-V4区采用Zheng等^[18]的方法进行PCR扩增(美国马萨诸塞州沃尔瑟姆 Applied Biosystems公司的GeneAmp 9700)。使用Zheng等^[18]的引物和PCR进行扩增,并进行回收、纯化、洗脱和检测。纯化的扩增子在上海派森诺生物的Illumina MiSeq平台上测序并对分类单元进行整合和注释。

使用便携式pH计(上海三信公司的SX-610)测定pH;铵态氮(NH₄⁺-N)和硝态氮(NO₃⁻-N)含量使用AA3流动分析仪测定(德国SEAL公司),取12 000转/min离心10 min的发酵上清液,用去离子水稀释至合适倍数后上机测量;可溶性化学需氧量(sCOD)采用Zheng等^[18]的测量方法。游离氨(FAN)通过下面公式计算^[6]:

$$[FAN] = [TAN] \times \left(1 + \frac{10^{-pH}}{10^{-\left(0.09018 + \frac{2.729.92}{T}\right)}} \right)^{-1}$$

式中:[FAN],游离氨含量,mg/L;[TAN],铵态氮含量,mg/L; T ,开尔文温度,K。

1.2.3 LEfSe分析和中心类群确定

LEfSe分析(Linear discriminant analysis Effect Size)被用于确定潜在的生物标记^[19],采用非参数Kruskal-Wallis检验和秩检验确定不同处理间差异显著($P < 0.05$)的类群并进行标记。度中心性通过下面公式计算:

$$DC_i = d_i / (N - 1)$$

式中:DC_{*i*},节点的度中心性; d_i ,节点的度; N ,节点总数。

1.3 统计分析

对原始数据使用Excel 2021进行分析整理,通过SPSS 25.0进行Pearson相关性分析、单因素方差分析和Duncan多重比较, $P < 0.05$ 表示差异显著,数据以平均值±标准差表示。由Cytoscape v3.8.0基于相关性数据绘制共现网络。

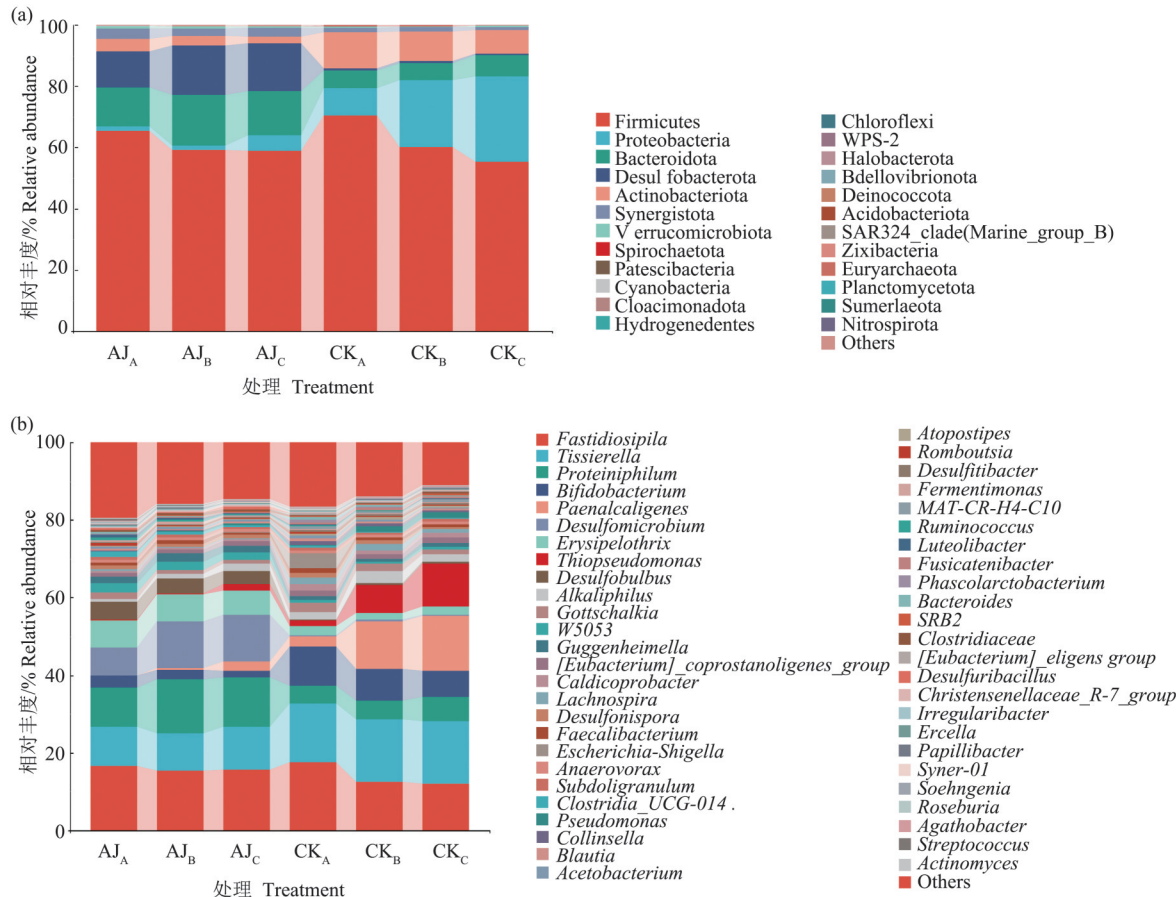
2 结果与分析

2.1 农用酵素对化粪池微生物群落的影响

由图1可知,在门水平上,化粪池出水的微生物中厚壁菌门(Firmicutes)是所有处理丰度最高的门,AJ和CK间差异不显著($P > 0.05$)。在CK中,变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteriota)

丰度显著高于AJ($P<0.05$);而添加酵素后拟杆菌门(Bacteroidota)和脱硫菌门(Desulfobacterota)丰度显著升高($P<0.05$)。在属水平上,所有处理都以*Fastidiosipila*和泰氏菌属(*Tissierella*)为主要的属,不同处理间差异较小(图1(b))。而在丰度更小

的属上,AJ组和CK组展现出更大的差异,AJ的嗜蛋白菌属(*Proteiniphilum*)和脱硫微杆菌属(*Desulfomicrobium*)丰度显著提升($P<0.05$),而比菲德氏菌属(*Bifidobacterium*)和产碱菌属(*Paenalcaligenes*)的丰度则显著降低($P<0.05$)。



AJ和CK分别为添加和不添加酵素处理。A、B、C分别为化粪池第1(平均水力停留时间为5.0 d)、第2(12.5 d)、第3池(22.5 d)出水。下同。
AJ and CK were treatment with and without the addition of 0.2% agricultural Jiaosu, respectively. A, B, C were effluent of the 1st (the average hydraulic retention time was 5.0 d), 2nd (12.5 d), 3rd (22.5 d) chambers of the septic tank, respectively. The same below.

图1 不同处理下水微生物门(a)和属(b)水平的群落结构
Fig. 1 Microbial community structure on phylum (a) and genus (b) level under different treatments

用相对丰度前50的属构建了共现网络,保留相关性绝对值($|R| \geq 0.75$)且 $P < 0.5$ 的边,正相关关系用红色表示,负相关关系用绿色,根据相关性将网络分成 M_1 和 M_2 2个区域。将LEfSe中具有显著差异的类群(标记类群)标记在网络中(图2)。 M_1 和 M_2 的节点数量接近,但 M_1 中节点间红色边更多。AJ和CK的标记属分别分布在 M_1 和 M_2 中。在网络中,度中心性最高的5个属分别是丹毒丝菌属(*Erysipelothrix*),W5053,脱硫球茎菌属

(*Desulfobulbus*),融拟厚壁菌属(*Fusicatenibacter*)和泰氏菌属,它们的度中心性分别为0.52,0.46,0.43,0.43,0.43。其中丹毒丝菌属,W5053和脱硫球茎菌属位于 M_1 ,融拟厚壁菌属和泰氏菌属位于 M_2 ,这5个属均是相应处理的标记类群。

2.2 酵素对化粪池出水化学性质的影响

由表1可知,AJ和CK组的pH都持续升高,但两处理在相同时期的出水差异均不显著。两处理的初始铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)和硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)含量接近。随着发酵进行,在第2池和第3池中,AJ组的这

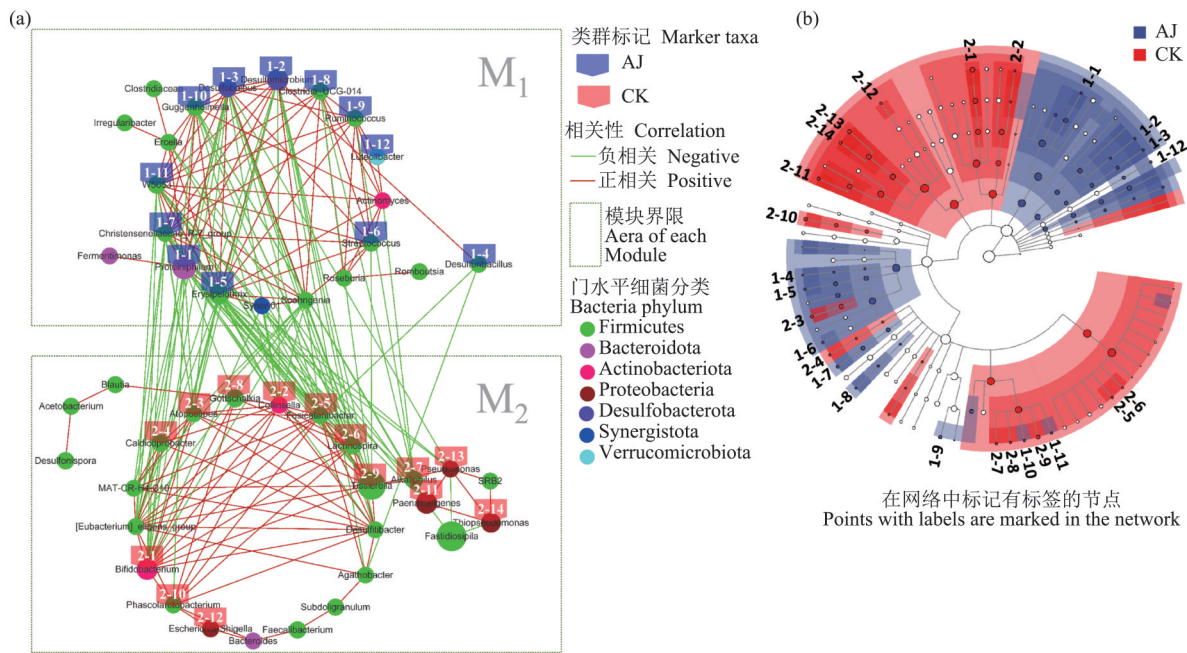


图 2 模块化微生物共现网络 (a) 和 LefSe 进化分支标记 (b)

Fig. 2 Modularity of the microbial co-occurrence network (a) and LefSe evolutionary branch marking (b)

2个指标下降,而CK上升,在试验结束时与初始值均有显著差异($P<0.05$)。随处理时间延长,两处理的游离氨含量均显著上升,试验开始时,AJ的游离氨含量更高,在第2池和第3池中,AJ的游离氨显著低于

CK($P<0.05$)。两处理的sCOD整体均呈下降趋势,CK在第2有所下降,但在第3池回升,CK_C与CK_A差异不显著($P>0.05$),AJ的sCOD在试验过程中持续下降,第3池显著低于第1池($P<0.05$)。

表 1 不同处理下的粪池出水的化学性质

Table 1 Chemical properties of manure effluent under different treatments

处理 Treatment	pH	NH ₄ ⁺ -N 含量/(g/L) NH ₄ ⁺ -N concentration	游离氨/(g/L) Free ammonia nitrogen	NO ₃ ⁻ -N 含量/(mg/L) NO ₃ ⁻ -N concentration	可溶性化学需氧量/ (g/L) sCOD
CK _A	8.20±0.10 a	1.623±0.043 b	132.6±3.5 a	0.649±0.004 c	5.150±0.066 d
CK _B	8.30±0.00 ab	2.034±0.050 c	204.7±5.0 d	0.721±0.006 d	4.330±0.235 c
CK _C	8.60±0.10 c	1.980±0.038 c	361.5±6.9 f	0.718±0.004 d	4.950±0.182 d
AJ _A	8.23±0.12 a	1.659±0.053 b	145.3±4.7 b	0.659±0.004 c	3.803±0.055 b
AJ _B	8.43±0.06 b	1.286±0.011 a	169.9±1.5 c	0.587±0.015 b	3.586±0.142 b
AJ _C	8.67±0.06 c	1.246±0.018 a	257.4±2.3 e	0.554±0.007 a	3.143±0.190 a

注: 同列中不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: In the same row, different lowercase letters mean significant differences ($P<0.05$). The same blow.

2.3 酵素对化粪池出水肥料价值的影响

由表 2 可知,相比施用 0.2% 酵素(J)和清水(W),AJ和CK各项指标和综合评价指数均有所提高。AJ组的单株小白菜的根长、株高、叶面积整体略高于CK组,但在不同处理间基本无显著差异

($P>0.05$)。AJ组的小白菜具有更高的成活率,因而干重和鲜重的产量都高于CK组。综合评价指数由高到低依次是:AJ_B、AJ_C、CK_C、AJ_A、CK_A、CK_B、J、W。可见,施用酵素处理降低化粪池出水对作物生长有害成分的含量,提升了出水的肥料价值。

表2 农用酵素处理后化粪池出水灌溉的小白菜生理指标

Table 2 Physiological indexes of pakchoi irrigated with effluent from septic tank after agricultural Jiaosu treatment

处理 Treatment	根长/cm Root length	株高/cm Plant height	叶面积/cm ² Leaf area	成活率/% Surviving rate	产量(鲜重)/g Yield (fresh weight)	产量 (干重)/g Yield (dry weight)	综合评价指数 Index of seedling quality
CK _A	14.58±2.60 ab	10.94±0.86 b	25.05±8.16 b	91.7	27.49	2.729	0.663 8
CK _B	17.78±1.97 bc	12.09±0.83 bcd	21.77±10.51 ab	75.0	19.99	1.516	0.569 8
CK _C	18.05±3.35 bc	12.80±2.95 bcd	35.06±18.98 b	75.0	24.50	2.117	0.834 3
W	14.30±1.30 ab	8.39±0.97 a	10.14±8.16 a	66.7	12.20	0.866	0.046 3
AJ _A	17.38±1.85 bc	11.25±1.22 bc	28.66±4.68 b	91.7	26.16	2.383	0.753 2
AJ _B	18.45±1.96 c	14.04±2.18 d	29.66±3.10 b	83.3	27.69	2.719	0.955 6
AJ _C	16.65±3.1 abc	13.97±1.18 cd	27.46±5.29 b	91.7	26.97	2.584	0.845 2
J	13.05±3.71 a	12.03±3.04 bcd	26.88±16.11 b	91.7	20.94	1.823	0.478 7

注:W,清水;J,0.2%农用酵素。每个处理重复4次。
Note: W, distilled water; J, 0.2% agricultural Jiaosu. Every treatment is repeated four times.

3 讨 论

微生物是人粪尿发酵过程中促使无害化和肥料化转化的主要因素,优势类群是微生物群落中丰度较高的类群,它们往往能主导微生物群落的主要代谢途径,因而在微生物群落中发挥重要作用^[20]。在优势类群中,嗜蛋白菌属(*Proteiniphilum*)和脱硫微杆菌属(*Desulfomicrobium*)在AJ中具有显著更高的相对丰度($P<0.05$)(图1)。已有研究表明,嗜蛋白菌属能调控根系的有机物和脂肪酸^[21],而脱硫微杆菌属可去除污水中硫酸盐和重金属^[22]。

在共现网络中,CK和AJ的标记类群分别分布于2个模块,正相关关系基本出现在模块内,负相关关系基本出现在模块间,这说明添加酵素促使微生物形成了新的互营群落^[6]。此外,微生物的影响并不完全取决于其丰度,一些数量上不具优势的类群也能通过其特有的代谢过程对微生物群落的结构和功能产生关键影响,这往往会使其成为网络中的高连接节点^[20,23]。在度中心性高的节点中,泰氏菌属(*Tissierella*)也是相对丰度第二的优势类群和LEfSe中CK的标记类群,这种重合说明该属在微生物群落中可能具有更关键的地位^[24],这可能与其较强的水解能力有关^[25],但是食用该属污染的食品可能造成人的器官感染和菌血症^[26-28]。本试验表明农用酵素的添加可显著降低泰氏菌属的丰度($P<0.05$)。

铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)和硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)是有机肥中与植物生长关联最紧密的氮组分^[12],本研究中,

$\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度始终较低,对提升出水的肥料价值较为有限。而所有处理的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量均较高,过高的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 对植物生长是有害的,游离氨是施肥不当导致危害植物生长的主要因素^[29]。Lencioni等^[30]在沼液对家独苣荬菜(*Lepidium sativum*)生长毒性的测试中发现,当游离氨浓度超过58.8 mg/L时对植株生长构成了明显抑制。本试验中所有样品的游离氨浓度均超过该水平,但添加酵素后的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和游离氨更低,已有研究也发现添加酵素能够降低水体中的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 或游离氨^[6,31],表明在氨含量较高的水体中添加酵素可能有助于降低抑制植物生长成分的含量。sCOD是衡量水中有机物污染程度的指标,过高的sCOD可能会抑制植物生长或导致水体污染^[3]。本试验发酵过程中CK的sCOD呈先下降后回升,这可能是由于部分固体溶解,sCOD释放到水中;而AJ的第2和第3池的sCOD相比第一池均有下降,这可能是由于AJ中的微生物对水体中的有机物利用效率更高。

本研究中,从不同处理的出水对小白菜生长的影响看,AJ和CK表现均优于0.2%酵素(J)和清水(W)2组处理,说明人粪尿在农业中的应用潜力,而常规污水处理中试图尽可能去除人粪尿中养分的思路^[4-5]可能会使其施用效果更接近W。CK组的单株小白菜的综合评价指数由高到低为:CK_C>CK_B>CK_A,而AJ组中AJ_B的小白菜具有最高的株高、根长、鲜重和综合评价指数。本研究添加农用酵素处理(AJ_A、AJ_B、AJ_C、J)的出水灌溉小白菜成活率均高

于未添加的处理(CK_A、CK_B、CK_C、W),这可能与添加农用酵素降低了对植物生长有害成分的含量和病原菌丰度有关^[6,14]。由于存活率的升高,添加酵素后小白菜的产量也有所提升。第1—3池污水水力停留时间依次为5.0、12.5和22.5 d,这说明AJ组在更短的时间内达到了最优的施用效果。可见,添加酵素可以缩短化粪池污水处理时间,而且可提升出水的肥料价值。

4 结 论

在人粪尿发酵过程中添加农用酵素可显著提高有益于植物根系和土壤的嗜蛋白菌属(*Proteiniphilum*)和脱硫微杆菌属(*Desulfomicrobium*)等的丰度,降低有致病潜力的泰氏菌属(*Tissierella*)丰度。添加酵素处理(AJ)的出水sCOD比不添加的处理(CK)降低27.5%,游离氨降低24.5%,表明添加酵素有助于提高发酵效率和降低出水中对植物生长有害物质的含量;在发酵过程中添加酵素可提高出水种植小白菜的成活率和产量。此外,酵素处理的人粪尿出水(AJ_A、AJ_B、AJ_C)与清水处理(W)相比可使小白菜的株高和叶面积显著升高,综合评价指数升高。综上,合理添加酵素可提高化粪池的发酵效能,还可提升人粪尿处理后出水的肥料价值。

参考文献 References

- [1] 李子富, 王晓希, 王婷婷, 范晓琳, 尹福斌. 城市生态卫生排水系统及其应用[J]. 建设科技, 2010(21): 44-47
Li Z F, Wang X X, Wang T T, Fan X L, Yin F B. Urban ecological sanitation drainage system and its application[J]. *Construction Science and Technology*, 2010(21): 44-47 (in Chinese)
- [2] Wald C. The economy in the toilet[J]. *Nature*, 2017, 549: 146-148
- [3] 李媛, 陈英, 黄洁琼, 孙捷, 程素斌. 分散式生活污水处理设备在苏南某农村应用研究[J]. 中国给水排水, 2023, 39(5): 88-93
Li Y, Chen Y, Huang J Q, Sun J, Cheng S B. Research on the application of decentralized domestic sewage treatment equipment in village in southern Jiangsu Province[J]. *China Water Supply and Wastewater*, 2023, 39(5): 88-93 (in Chinese)
- [4] 何强, 张逸卓, 申海旭, 杜白帆, 曹钰, 皇甫小留. 改性玉米秸秆生物炭对化粪池出水中氨氮的吸附[J]. 水处理技术, 2022, 48(12): 19-23
He Q, Zhang Y Z, Shen H X, Du B F, Cao Y, Huangfu X L. Adsorption of ammonium in septic tank effluent by modified corn stalk biochar[J]. *Technology of Water Treatment Technology*, 2022, 48(12): 19-23 (in Chinese)
- [5] 吴佳璇, 贾懿曼, 王惠惠, 沈玉君, 孟海波, 丁京涛, 范盛远, 周亚文, 杨瑶瑶, 金志帅, 李丹阳, 张爱琴. 组合式土壤渗滤系统处理三格化粪池出水性能及微生物群落变化研究[J]. 环境工程, 2023, 41(S1): 693-700, 627
Wu J X, Jia Y M, Wang H H, Shen Y J, Meng H B, Ding J T, Fan S Y, Zhou Y W, Yang Y Y, Jin Z S, Li D Y, Zhang A Q. Study on the performance and microbial community changes of combined soil infiltration system in treating effluent from three septic tanks and the change of microbial community[J]. *Environmental Engineering*, 2023, 41(S1): 693-700, 627 (in Chinese)
- [6] Xu S L, Gu X H, Wu Q, Gao Y H, Cai Y F, Ma S S, Zheng Z H, Wang X F. An ecological and economic approach to enhancing the agronomic quality of anaerobic digestate: Effects of adding agricultural Jiaosu on metabolism and the microbial community[J/OL]. *Chemical Engineering Journal*, (2023-07-15). DOI:doi.org/10.1016/j.cej.2023.143648
- [7] Cheng Y F, Shi Z J, Shi Y, Zhang Y L, Zhang S C. Biochar promoted microbial iron reduction in competition with methanogenesis in anaerobic digestion[J/OL]. *Bioresource Technology*, (2023-11-01). DOI:doi.org/10.1016/j.biortech.2023.129561
- [8] 王纪爱, 黄俐, 刘兴艳, 姚福泉. 校园化粪池出水人工湿地处理系统微生物的时空分析研究[J]. 玉溪师范学院学报, 2008, 24(8): 11-15
Wang J A, Huang L, Liu X Y, Yao F Q. Distribution of the microbes in the artificial wetland system treating campus septic tank effluent[J]. *Journal of Yuxi Normal University*, 2008, 24(8): 11-15 (in Chinese)
- [9] Yeoh Y K, Dennis P G, Paungfoo-Lonhienne C, Weber L, Brackin R, Ragan M A, Schmidt S, Hugenholtz P. Evolutionary conservation of a core root microbiome across plant phyla along a tropical soil chronosequence[J/OL]. *Nature Communications*, (2017-08-09). DOI:doi.org/10.1038/s41467-017-00262-8
- [10] Vargas García M C, Suárez-Estrella F, López M J, Moreno J. Effect of inoculation in composting processes: Modifications in lignocellulosic fraction[J]. *Waste Management*, 2007, 27(9): 1099-1107
- [11] Röttgers L, Faust K. From hairballs to hypotheses-biological insights from microbial networks[J]. *Fems Microbiology Reviews*, 2018, 42(6): 761-780
- [12] Li X Y, Yang L J, Xu K Q, Bei K, Zheng X Y, Lu S W, An N, Zhao J S, Jin Z. Application of constructed wetlands in treating rural sewage from source separation with high-influent nitrogen load: A review[J/OL]. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, (2021-07-19). DOI:doi.org/10.1093/femsre/fuy030
- [13] Jiang J S, Wang Y, Yu D, Yao X, Han J, Cheng R H, Cui H L, Yan G X, Zhang X, Zhu G F. Garbage enzymes effectively regulated the succession of enzymatic activities and the bacterial community during sewage sludge composting[J/OL]. *Bioresource Technology*, (2021-05-01). DOI:doi.org/10.1016/j.biortech.2021.124792
- [14] Gao Y H, Zhang Y, Cheng X Q, Zheng Z H, Wu X H, Dong X H, Hu Y G, Wang X F. Agricultural Jiaosu: An Eco-friendly and cost-effective control strategy for suppressing fusarium root rot disease in astragalus membranaceus[J/OL]. *Frontiers in Microbiology*, (2022-05-31). DOI:doi.org/10.3389/fmicb.2022.823704
- [15] 薛书雅, 李凤梅, 高云霞. 环保酵素对水中余氯的探索性研究[J]. 绿色科技, 2017(8): 58-59
Xue S Y, Li F M, Gao Y X. Study on garbage Jiaosu on residual chlorine in water[J]. *Journal of Green Science and Technology*, 2017(8): 58-59 (in Chinese)
- [16] 詹铭志. 缓释型CaO₂与复合菌群联用处理农村化粪池污水的研究[D]. 武汉: 华中科技大学, 2022
Zhan Mingzhi. Study on the treatment of rural septic tank sewage in rural areas by combination of slow-release CaO₂ and compound flora[D]. Wuhan: Huazhong University of Science and Technology, 2022 (in Chinese)
- [17] Shi Z M, Zhang P, Liu Y, Zhao Y H, Wang C Y. Accumulation of

- antibiotic resistance genes in pakchoi (*Brassica chinensis* L.) grown in chicken manure-fertilized soil amended with fresh and aged biochars [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2022, 29(26): 39410-39420
- [18] Zheng Z H, Cai Y F, Zhang Y, Zhao Y B, Gao Y H, Cui Z J, Hu Y G, Wang X F. The effects of C/N (10-25) on the relationship of substrates, metabolites, and microorganisms in "inhibited steady-state" of anaerobic digestion[J]. *Water Research*, (2021-01-01). DOI:10.1016/j.watres.2020.116466
- [19] Segata N, Izard J, Waldron L, Gevers D, Miropolsky L, Garrett W S, Huttenhower C. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J/OL]. *Genome Biology*, (2011-6-24). DOI: doi.org/10.1186/gb-2011-12-6-r60
- [20] Banerjee S, Schlaeppi K, van der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, 16(9): 567-576
- [21] Sun L T, Wang Y, Ma D X, Wang L L, Zhang X M, Ding Y Q, Fan K, Xu Z, Yuan C B, Jia H Z, Ren Y L, Ding Z T. Differential responses of the rhizosphere microbiome structure and soil metabolites in tea (*Camellia sinensis*) upon application of cow manure [J/OL]. *Bmc Microbiology*, (2022-02-14). DOI: doi.org/10.1186/s12866-022-02470-9
- [22] Yan S, Cheng K Y, Morris C, Douglas G, Ginige M P, Zheng G, Zhou L, Kaksonen A H. Sequential hydrotalcite precipitation and biological sulfate reduction for acid mine drainage treatment[J/OL]. *Chemosphere*, (2020-08-01). DOI:doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.126570
- [23] Berry D, Widder S. Deciphering microbial interactions and detecting keystone species with co-occurrence networks [J/OL]. *Frontiers in Microbiology*, (2014-05-20). DOI:doi.org/10.3389/fmicb.2014.00219
- [24] Luo J P, Gu S H, Guo X Y, Liu Y K, Tao Q, Zhao H-P, Liang Y C, Banerjee S, Li T Q. Core Microbiota in the Rhizosphere of Heavy Metal Accumulators and Its Contribution to Plant Performance [J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(18): 12975-12987
- [25] Liu X R, Du M T, Yang J N, Wu Y X, Xu Q X, Wang D B, Yang Q, Yang G J, Li X M. Sulfite serving as a pretreatment method for alkaline fermentation to enhance short-chain fatty acid production from waste activated sludge[J/OL]. *Chemical Engineering Journal*, (2020-04-01). DOI:doi.org/10.1016/j.cej.2019.123991
- [26] Camélène F, Pilmis B, Mollo B, Hadj A, Le Monnier A, Mizrahi A. Infections caused by *Tissierella praeacuta*: A report of two cases and literature review[J]. *Anaerobe*, 2016, 40: 15-17
- [27] Chandok T, Kasule S N, Kelly P J, Gonzalez E, Chilimuri S S, Zeana C B. A Rare Case of Septic Ovarian Thrombophlebitis Caused by *Tissierella praeacuta* [J/OL]. *Cureus*, (2023-07-24). DOI: doi.org/10.7759/cureus.42385
- [28] Singh A, Patni N, Kaur A, Sinha A, Khaliq W. *Tissierella praeacuta* Bacteremia Associated With Acute on Chronic Osteomyelitis: A Case Report [J/OL]. *Cureus*, (2023-10-12). DOI: doi.org/10.7759/cureus.44962
- [29] Cao Y, Zhi Y W, Jiang H S, Wang W, Li W, Liu F. Is leaf polarity an accomplice for the phytotoxicity of ammoniacal nitrogen on submerged macrophytes: A preliminary microcosm study? [J]. *Fundamental and Applied Limnology*, 2021, 195(2): 129-142
- [30] Lencioni G, Imperiale D, Cavarani N, Marmiroli N, Marmiroli M. Environmental application and phytotoxicity of anaerobic digestate from pig farming by in vitro and in vivo trials [J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2016, 13(11): 2549-2560
- [31] 荆秀艳, 李吉祥, 王娜, 杨红斌. 环保酵素处理生活废水可行性探讨[J]. *水处理技术*, 2019, 45(1): 98-101
- Jin X Y, Li J X, Wang N, Yang H B. Feasibility study on garbage Jiaosu for domestic wastewater treatment [J]. *Technology of Water Treatment Technology*, 2019, 45(1): 98-101 (in Chinese)

责任编辑: 吕晓梅



第一作者简介: 许书林, 中国农业大学农学院, 2021级博士研究生, 主持地市级科研项目2项, 获得专利授权1项, 以第一作者身份发表SCI论文2篇。



第一作者简介: 王小芬, 博士, 中国农业大学农学院教授, 博导, 研究方向为作物秸秆和畜禽粪便资源化, 中国生物发酵协会酵素分会理事。山东高密市、山西怀仁市等地畜禽粪便整县推进首席科学家。参与国家“十三五”重点研发计划(2019YFC0408700)和国家“十四五”重点研发计划(2021YFD1901103-1), 担任子课题项目负责人。曾获中国城市环境卫生协会科学技术奖, 中国城市环境卫生协会科技进步国家一等奖, 全国农业专业学位研究生教育指导委员会实践教学成果奖, 全国农业专业学位研究生教育指导委员会其他国家一等奖, 发表SCI论文40余篇, 参与编写《农业原理》。