

文章编号: 1006-9941(2014)05-0630-05

## 菌群 FYD 降解偏二甲胂的动力学研究

范春华, 王力, 夏本立, 谢珊珊, 李建伟

(总装备部推进剂检测与防护中心, 北京 100101)

**摘要:** 用 Haldane 生长抑制动力学模型模拟了偏二甲胂(UDMH)高效降解菌群(FYD)的生长动力学过程,用 Andrews 非竞争性底物抑制动力学模型模拟了 UDMH 的降解动力学过程,拟合出动力学方程。通过拟合方程计算了比生长速率与比降解速率。结果表明,UDMH 初始浓度为  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时,菌群有最大比生长速率,UDMH 初始浓度为  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时,UDMH 有最大比降解速率,理论值接近于实验值的  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。菌群 FYD 降解 UDMH 的产率系数为 0.229,反映了菌群 FYD 对 UDMH 的耐受性和利用情况。比生长速率与比降解速率的线性关系表明,在菌群 FYD 降解 UDMH 过程中存在物料平衡,细胞生长随 UDMH 浓度的变化存在合理性。

**关键词:** 物理化学;偏二甲胂(UDMH);动力学;生物降解;高效菌群

**中图分类号:** TJ55;TQ85<sup>+</sup>.4;O64

**文献标志码:** A

**DOI:** 10.3969/j.issn.1006-9941.2014.05.010

### 1 引言

偏二甲胂( $(\text{CH}_3)_2\text{NNH}_2$ ,UDMH)是目前被广泛应用的液体推进剂。偏二甲胂属于高毒物质,易通过吸入、接触和误食等引起中毒。长期接触低浓度偏二甲胂,会出现注意力不集中、记忆力减退、食欲不振、肝功能异常等症状<sup>[1-2]</sup>。在偏二甲胂的生产使用过程中会产生大量的废水,偏二甲胂废水为难降解有毒废水,废水成分复杂,主要污染物有二甲胺、偏胂、亚硝基二甲胺、二甲基二氮烯、四甲基四氮烯、乙醛二甲胂等十几种组分,其中亚硝基二甲胺是强致癌物质<sup>[3-4]</sup>。

偏二甲胂废水的传统处理方法,如活性炭吸附法、离子交换法、化学焚烧法、臭氧氧化法、氯化法等,存在运行成本高、安全系数低等问题<sup>[5]</sup>。本课题组从驯化的活性污泥中分离筛选出偏二甲胂高效降解菌,并以此构建了偏二甲胂高效降解菌群(FYD),利用 FYD 处理偏二甲胂废水,取得了理想效果<sup>[6]</sup>。

为深入了解微生物复杂的代谢本质,本研究用 Haldane 生长抑制动力学模型模拟菌群 FYD 的生长动力学过程,用 Andrews 非竞争性底物抑制动力学模型模拟偏二甲胂的降解动力学过程,拟合出动力学方

程,通过对模型的分析得出微生物新陈代谢与偏二甲胂浓度的变化关系,对于偏二甲胂废水的生物处理具有指导意义。

### 2 模型建立

#### 2.1 模型建立原则

微生物降解动力学行为表现为以下几个方面:一是细胞生长消耗,用以合成新的细胞;二是细胞维持基本生命活动的基质消耗;三是用于合成代谢产物的基质消耗<sup>[7]</sup>。故降解动力学模型一般由三部分组成:(1)生长模型;(2)产物生成模型;(3)基质消耗模型。按建模方式将动力学分为三类:(1)机制模型;(2)数学拟合模型;(3)正规模型。微生物反应过程非常复杂,建立机制模型几乎不可能。而数学拟合模型建模较为简便,便于分析验证,易实现计算机自动化,因此应用最为广泛。通过建模可更深刻了解微生物复杂的代谢本质,寻找最合适的操作条件,实现降解过程的最优化控制。

#### 2.2 菌群 FYD 生长动力学模型建立

研究表明由于偏二甲胂的毒性,复合菌群 FYD 的停滞期随着偏二甲胂浓度的升高而延长。累计降解率随偏二甲胂初始浓度的升高,先上升后下降<sup>[6]</sup>。从出水水质的检测结果可以看出,亚硝基二甲胺等有害降解产物浓度很低,因此设定偏二甲胂为菌群生长单一限制基质,并假设在反应过程中培养基中的溶解氧是

收稿日期:2014-01-13;修回日期:2014-02-24

基金项目:总装备部后勤部 2009 年度资助(ZH2009045)

作者简介:范春华(1987-),男,工程师,主要从事液体推进剂检测、防护及特种污染治理研究。e-mail: chunhua.fan@163.com

充足的,并为一常数。因此本研究应用 Haldane 生长抑制动力学模型来模拟菌群 FYD 的生长动力学过程<sup>[8-9]</sup>:

$$\mu = \frac{\mu_{\max} S}{S + K_{s\mu} + \frac{S^2}{K_{i\mu}}} \quad (1)$$

式中,  $\mu$  为细菌比生长速率,  $\text{h}^{-1}$ ;  $S$  为偏二甲肼的初始浓度,  $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ;  $\mu_{\max}$  为最大比降解速率,  $\text{h}^{-1}$ ;  $K_{s\mu}$ 、 $K_{i\mu}$  分别为底物半饱和常数和底物抑制常数,  $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

### 2.3 偏二甲肼降解动力学模型建立

在复合菌群 FYD 降解偏二甲肼过程中,一部分偏二甲肼用于新细胞的增殖,另一部分则转化为降解产物,并产生维持细胞各项正常生理功能和生命活动所需能量<sup>[10]</sup>。对于一定量的偏二甲肼,转化为新细胞的比例是一定的,因此,偏二甲肼降解速率和菌群增长率之间有如下关系:

$$\frac{dX}{dt} = y_0 \frac{dS}{dt} \quad (2)$$

式中,  $X$  为细菌质量浓度, %;  $y_0$  为产率系数, 表示降解单位质量偏二甲肼所产生的菌群细菌数量。因此

$$\mu = \frac{1}{X} \frac{dX}{dt} = -y_0 \frac{1}{X} \frac{dS}{dt} \quad (3)$$

$$\text{令 } -\frac{1}{X} \frac{dS}{dt} = q, \text{ 则}$$

$$\mu = y_0 q \quad (4)$$

结合式(1), 复合菌群降解偏二甲肼的动力学可用 Andrews 方程描述<sup>[11-12]</sup>:

$$q = \frac{q_{\max} S}{S + K_{sq} + \frac{S^2}{K_{iq}}} \quad (5)$$

式中,  $q$  为偏二甲肼比降解速率,  $\text{h}^{-1}$ ;  $S$  为偏二甲肼的初始浓度,  $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ;  $q_{\max}$  为最大比降解速率,  $\text{h}^{-1}$ ;  $K_{sq}$ 、 $K_{iq}$  分别为底物饱和常数和底物抑制常数,  $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

## 3 模型的求解

### 3.1 菌群生长曲线

#### 3.1.1 菌群生长曲线的测定

将菌群接种到肉汤培养基中,  $35\text{ }^\circ\text{C}$ 、 $140\text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$  振荡培养。每 2 h 取样测定菌液在 600 nm 处的吸光度 ( $\text{OD}_{600}$ ), 绘制菌群生长曲线, 如图 1 所示。

#### 3.1.2 菌体质量的测定

细胞的质量采用恒重干燥法测定, 具体方法: 将耐高温的离心管放置于  $60\text{ }^\circ\text{C}$  恒温干燥箱中干燥至恒

重, 并记录。取一定体积不同生理时期菌液, 离心, 倾去上清液。用无菌水冲洗细胞, 反复洗涤三次, 弃上清液, 然后将离心管和菌体放置于  $60\text{ }^\circ\text{C}$  恒温干燥箱中干燥 12 h, 称量至恒重, 称量记录<sup>[13]</sup>。

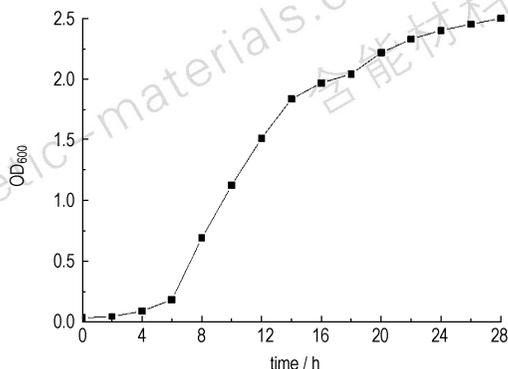


图 1 菌群 FYD 生长曲线

Fig. 1 Growth curve of flora FYD

通过分析,  $\text{OD}_{600}$  和细胞干重 ( $X$ ) 呈线性关系 (如图 2 所示)。拟合方程式为:

$$X = 0.725 \times \text{OD}_{600} + 0.007 \quad (6)$$

$R^2 = 0.965$ , 拟合方程线性良好。

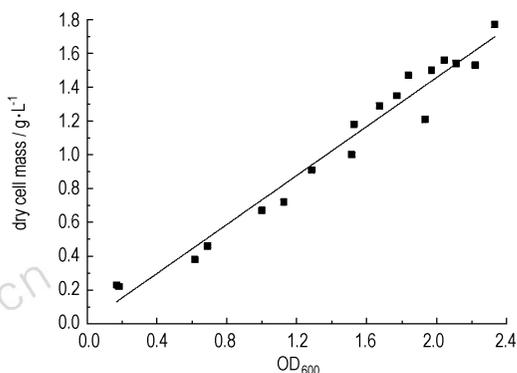


图 2  $\text{OD}_{600}$  与细胞干重相关性

Fig. 2 The correlation between  $\text{OD}_{600}$  and dry cell mass

### 3.2 生长动力学模拟方程求解

将复合菌群 FYD 种子液适度稀释, 使  $\text{OD}_{600} = 1.0 \pm 0.1$ , 分别接种到装有上述不同偏二甲肼初始浓度 ( $30$ 、 $50$ 、 $80$ 、 $100$ 、 $120\text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 的培养基中,  $35\text{ }^\circ\text{C}$  振荡培养, 4 h 取样一次, 分别测量  $\text{OD}_{600}$  和残余偏二甲肼浓度。

细菌在单一底物中的生长可用(7)式和(8)式表示:

$$\mu = \frac{1}{X} \frac{dX}{dt} \quad (7)$$

在对数生长期时,

$$\mu = \frac{d \ln X}{dt} \quad (8)$$

根据偏二甲肼初始浓度从  $30 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  到  $120 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 在对数期的菌体浓度, 可以由一阶模型动力学方程 (9) 式表示:

$$\ln X = \mu t + \ln X_0 \quad (9)$$

式中,  $X_0$  为停滞期时的菌体质量,  $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ;  $t$  为对数生长期的时间,  $\text{h}$ 。

实验中对每一偏二甲肼初始浓度  $S_0$ , 由式 (9) 计算出其比生长速率  $\mu$ , 结果见表 1。

表 1 不同偏二甲肼初始浓度中的生长动力学模拟方程

Table 1 Simulated equations of growth kinetics in different initial concentration of UDMH

$S_0 / \text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	equation	$\mu / \text{h}^{-1}$	$R^2$
30	$\ln X = 0.159t + 2.615$	0.159	0.989
50	$\ln X = 0.168t + 2.261$	0.168	0.990
80	$\ln X = 0.155t + 2.338$	0.155	0.991
100	$\ln X = 0.128t + 2.723$	0.128	0.981
120	$\ln X = 0.115t + 2.434$	0.114	0.987

Note:  $S_0$  is the initial concentration of UDMH,  $\mu$  is ratio growth rate,  $R$  is correlation coefficient.

实验中偏二甲肼是唯一抑制性底物, 经过短暂的停滞期后, 复合菌群呈线性生长 ( $R^2 > 0.981$ )。将在不同的偏二甲肼初始浓度中获得的实验数据拟合的比生长速率  $\mu$ , 用来估计菌体生长的动力学参数。

比生长速率与偏二甲肼初始浓度的关系见图 3。从图 3 中可以看出, 比生长速率的实验值随着偏二甲肼初始浓度的升高先升高后降低。偏二甲肼初始浓度为  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比生长速率达到最大值  $0.168 \text{ h}^{-1}$ 。偏二甲肼初始浓度大于  $80 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比生长速率迅速下降。研究结果表明在偏二甲肼浓度高于  $80 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 底物对菌体的生长抑制作用明显。从图 3 可以看出, Haldane 模型和实验值拟合较好, 这说明回归曲线和实验数据吻合良好。

通过 Matlab 软件处理实验数据  $\mu-S$ , 按照方程 (1) 对实验数值进行非线性最小二乘曲线拟合及其函数 lsqcurvefit 的调用, 可得  $\mu_{\max} = 0.8041 \text{ h}^{-1}$ ,  $K_{\text{sp}} = 85.6768 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  和  $K_{\text{iq}} = 22.2874 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  ( $\text{Resnorm} = 8.4775 \times 10^{-5}$ )。因此, 复合菌群 FYD 在偏二甲肼废水中的生长动力学方程为:

$$\mu = \frac{0.8041 S}{85.6768 + S + \frac{S^2}{22.2874}} \quad (10)$$

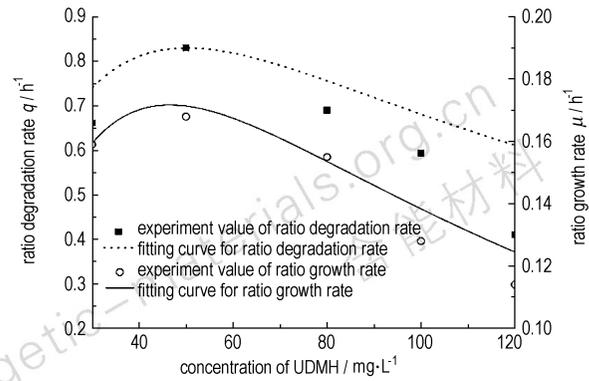


图 3 菌群 FYD 生长动力学与 UDMH 降解动力学拟合曲线

Fig. 3 The fitting curves for growth kinetics of flora FYD and degradation kinetics of UDMH

### 3.3 降解动力学模拟方程求解

对应偏二甲肼初始浓度  $S_0$ , 比降解速率  $q$  由式 (11) 拟合得到。

$$q = - \frac{1}{X_i} \frac{dS}{dt} \quad (11)$$

因为偏二甲肼存在挥发和自然氧化, 式中  $dS = (S_t + S_{\text{kt}}) - S_0$ ,  $S_{\text{kt}}$  为  $t$  时刻空白中偏二甲肼的减少量。但不同底物浓度对于菌体生长的影响仍用  $S_0$  代表。

比降解速率与偏二甲肼初始浓度的关系见图 3。当偏二甲肼初始浓度低于  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 实验值  $q$  随偏二甲肼初始浓度的升高迅速增大。当偏二甲肼初始浓度高于  $80 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 偏二甲肼的抑制作用开始变得明显。在高浓度下, 偏二甲肼表现出来的抑制作用确实存在。按照 Andrews 方程对实验数值进行非线性最小二乘曲线拟合及其函数 lsqcurvefit 的调用, 可得  $q_{\max} = 7.2646 \text{ h}^{-1}$ ,  $K_{\text{sq}} = 194.5688 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  和  $K_{\text{iq}} = 12.9654 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  ( $\text{Resnorm} = 0.0689$ )。

因此, 复合菌群 FYD 降解偏二甲肼的动力学方程为:

$$q = \frac{7.2646 S}{194.5688 + S + \frac{S^2}{12.9654}} \quad (12)$$

由图 3 可见, 实验数据与模型拟合良好。  $q_{\max}$  为偏二甲肼废水的生物处理工艺化提供了重要的参考条件。

比较图 3 中比生长速率  $\mu$  和比降解速率  $q$  的拟合曲线, 可以看出比生长速率  $\mu$  和比降解速率  $q$  的变化趋势相似。比生长速率  $\mu$  和比降解速率  $q$  出现最大值时偏二甲肼初始浓度都在  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  附近, 与实验数据相符。以  $\mu$  对  $q$  作图, 拟合得到一直线, 如图 4 所示。

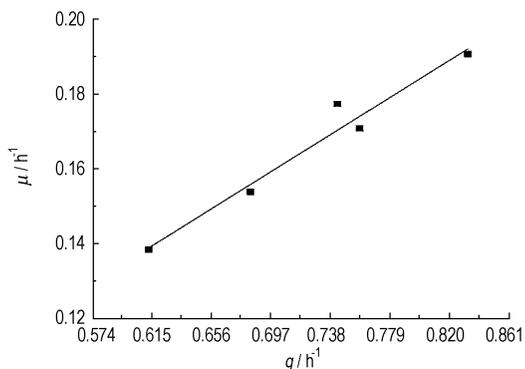


图 4 比生长速率与比降解速率相关性

Fig. 4 Correlation between the ratio growth rate and the ratio degradation rate

拟合直线方程为： $\mu = 0.229q$ ,  $R^2 = 0.957$ 。结合式(4), 菌群 FYD 降解偏二甲胂的产率系数为 0.229。最大比生长速率与最大降解速率的线性关系表明在菌群 FYD 降解偏二甲胂过程中存在物料平衡, 细胞生长随着偏二甲胂浓度的变化存在合理性, 在不同的偏二甲胂浓度中  $q_{\max}$  和  $\mu_{\max}$  存在一种积极的关系。实验结果也同时证明了偏二甲胂的降解动力学可用 Andrews 方程来描述。

#### 4 模型的讨论

在以上三个动力学常数中, 抑制常数  $K_i$  表明抑制底物的抑制灵敏度。 $K_s$  为半饱和常数, 定义为当比生长速率为最大生长速率的一半时底物的浓度, 也是比降解速率为最大降解速率的一半时底物的浓度。当  $K_s$  越小时, 即底物的浓度越低时, 比生长速率越接近于最大生长速率的一半, 或比降解速率越接近于最大降解速率的一半。 $K_s$  的值还可表明微生物对底物的亲和力。然而, 如果底物对微生物的生长有抑制作用时, 很难监测到实际的  $\mu_{\max}$  和  $q_{\max}$ 。因此  $K_s$  只是一个理论值<sup>[12]</sup>。对方程(1)作变换, 得到式(13):

$$\mu = \frac{\mu_{\max}}{1 + \frac{K_{s\mu}}{S} + \frac{S}{K_{i\mu}}} \quad (13)$$

$$\mu \leq \frac{\mu_{\max}}{1 + 2\sqrt{\frac{K_{s\mu} S}{S K_{i\mu}}}} \quad (14)$$

当  $\frac{K_{s\mu}}{S} = \frac{S}{K_{i\mu}}$ , 即  $S = \sqrt{K_{s\mu} K_{i\mu}}$  时比生长速率  $\mu$  取得最大值。从方程(14)可以看出底物的抑制浓度由  $K_{s\mu}$  和

$K_{i\mu}$  的共同决定,  $K_{s\mu} / K_{i\mu}$  的值越小,  $\mu$  越接近  $\mu_{\max}$  的值, 则表示底物对微生物的抑制作用越小<sup>[12]</sup>。将生长动力学参数代入式  $S = \sqrt{K_{s\mu} K_{i\mu}}$ , 得  $S = 43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 此时  $\mu$  取得最大值。同样的方法, 由式(12)计算得  $S = 50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。理论计算结果与实验值接近。

在偏二甲胂初始浓度低于  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比生长速率的理论值随着偏二甲胂浓度的升高而迅速升高, 当偏二甲胂初始浓度高于  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比生长速率的理论值开始逐渐下降。在偏二甲胂初始浓度低于  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比降解速率的理论值随着偏二甲胂浓度的升高而迅速升高, 当偏二甲胂初始浓度高于  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 比降解速率的理论值开始下降。计算结果表明, 偏二甲胂初始浓度为  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 菌群有最大比生长速率; 偏二甲胂初始浓度为  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 偏二甲胂有最大比降解速率, 理论值非常接近于实验值的偏二甲胂浓度  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 模型很好地反映了菌群 FYD 降解偏二甲胂的实际情况。

#### 5 结论

(1) 用 Haldane 生长抑制动力学模型模拟菌群 FYD 的生长动力学过程, 用 Andrews 非竞争性底物抑制动力学模型模拟偏二甲胂的降解动力学过程, 通过 Matlab 软件处理实验数据  $\mu$ - $S$ , 拟合动力学方程分别为:

$$\mu = \frac{0.8041 S}{85.6768 + S + \frac{S^2}{22.2874}}, q = \frac{7.2646 S}{194.5688 + S + \frac{S^2}{12.9654}}$$

回归结果表明, 模型可以较好地描述菌体生长和底物降解的过程。

(2) 通过方程计算, 当偏二甲胂初始浓度为  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 菌群有最大比生长速率, 偏二甲胂初始浓度为  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时, 偏二甲胂有最大比降解速率, 理论值非常接近于实验值  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 模型很好地反映了菌群 FYD 降解偏二甲胂的实际情况。

(3) 菌群 FYD 降解偏二甲胂的产率系数为 0.229, 反映了菌群 FYD 对偏二甲胂的耐受性和利用情况。比生长速率与降解速率的线性关系表明在菌群 FYD 降解偏二甲胂过程中存在物料平衡, 细胞生长随着偏二甲胂浓度的变化存在合理性, 在不同的偏二甲胂浓度中  $q_{\max}$  和  $\mu_{\max}$  存在一种积极的关系。

#### 参考文献:

[1] 王焯军, 刘祥莹, 杨蓉. 液体推进剂分析[M]. 西安: 第二炮兵

- 工程学院, 2002.
- WANG Xuan-jun, LIU Xiang-xuan, YANG Rong. Liquid propellant analysis[M]. Xi'an: The Second Artillery Engineering College, 2002.
- [2] 范春华, 王力, 谢珊珊. 驯化活性污泥对偏二甲肼的降解动力学[C]//酒泉: 中国化学会第六届全国化学推进剂学术会议, 2013: 607-611.
- FAN Chun-hua, WANG Li, XIE Shan-shan. Degradation kinetics of activated sludge degradation of UDMH[C]//The Proceedings of the Six National Rocket Propellant Application Technology Conference, 2013: 607-611.
- [3] Fedorov L A. Liquid missile propellants in the former soviet union[J]. *Environmental Pollution*, 1999, 105(2): 157-161.
- [4] 樊秉安, 任向红. 液体推进剂污染控制与资源回收利用[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2001.
- FAN Bing-an, REN Xiang-hong. Liquid propellant recycling[M]. Beijing: China environmental science press, 2001.
- [5] 夏本立, 范春华, 王焯军, 等. 一种应对偏二甲肼泄露到水体中的生物降解技术[J]. 含能材料, 2012(6): 794-798.
- XIA Ben-li, FAN Chun-hua, WANG Xun-jun, et al. A biodegradation method towards UDMH leaking into water[J]. *Chinese Journal of Energetic Materials(Hanneng Cailiao)*, 2012(6): 794-798.
- [6] 范春华, 夏本立, 王焯军, 等. 降解偏二甲肼污水高效菌群的构建[J]. 化学推进剂与高分子材料, 2012(1): 82-85.
- FAN Chun-hua, XIA Ben-li, WANG Xun-jun, et al. Construction of high efficient bacteria flora for degrading UDMH wastewater[J]. *Chemical Propellants & Polymeric Materials*, 2012(1): 82-85.
- [7] Jiang Y, Wen J P, Bai J, et al. Biodegradation of phenol at high initial concentration by *Alcaligenes faecalis*[J]. *J Hazard Mater*, 2007, 147: 672-676.
- [8] Arutchelvan V, Kanakasabai V, Elangovan R, et al. Kinetics of high strength phenol degradation using *Bacillus brevis*[J]. *J Hazard Mater*, 2006, 129: 216-222.
- [9] 杨柳燕, 肖琳. 环境微生物技术[M]. 北京: 科学出版社, 1984.
- YANG Liu-yan, XIAO Lin. Environmental Engineering Microbiology[M]. Beijing: Science Press, 1984.
- [10] Mayer J G, Gallegos J R, Ordaz N R, et al. Phenol and 4-chloro-Phenol biodegradation by yeast *Candida tropicalis* in a fluidized bed reactor[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2008(38): 147-157.
- [11] 王静, 王竞, 周集体. 固定化混合菌好氧生物降解硝基苯的特性及动力学研究[J]. 上海环境科学, 2008, 27(5): 296-200.
- WANG Jing, WANG Jing, ZHOU Ji-ti. A study on characteristics and kinetics of aerobic biodegradation of Nitrobenzene by immobilized cells of a defined microbial consortium[J]. *Shanghai Environmental Science Press*, 2008, 27(5): 296-200.
- [12] Leslie Grady C P, Daigger G T, Lim H C. Biological wastewater treatment[M]. USA: New York, Marcel Dekker Inc. 1999.
- [13] 周群英, 高廷耀. 环境工程微生物学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2000.
- ZHOU Qun-ying, GAO Ting-yao. Environmental Microbiology[M]. Beijing: High Education Press, 2000.

## Degradation Kinetic Study of UDMH by Flora FYD

FAN Chun-hua, WANG Li, XIA Ben-li, XIE Shan-shan, LI Jian-wei

(Rocket Propellant Detection and Protection Center of P. L. A. General Armament Department, Beijing 100101, China)

**Abstract:** The growth kinetic process of efficient bacteria flora (FYD) for degrading unsymmetrical dimethyl hydrazine (UDMH) was simulated by Haldane kinetic model of growth inhibition. The degradation kinetic process of UDMH was simulated by Andrews noncompetitive kinetic model of substrate inhibition. The kinetic equations were fitted out, and the ratio growth rate and ratio degradation rate were calculated by the fitted equations. Results show that when the initial concentration of UDMH is  $43.6980 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , the flora has maximum ratio growth rate. When the initial concentration of UDMH is  $50.2261 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , the UDMH has maximum ratio degradation rate. The theoretical value is very close to the experimental one as UDMH concentration is  $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ . The yield coefficient that FYD degrades UDMH is 0.229, which reflects the tolerance and utilization ability of FYD to UDMH. The linear relationship between the maximum ratio growth rate and the maximum ratio degradation rate shows a material balance exists in the process of degrading UDMH by flora FYD. The change in cell growth with UDMH concentration exists bacteria rationality.

**Key words:** physical chemistry; unsymmetrical dimethyl hydrazine(UDMH); kinetics; biodegradation; efficient bacteria flora

**CLC number:** TJ55; TQ85+.4; O64

**Document code:** A

**DOI:** 10.3969/j.issn.1006-9941.2014.05.010