

抗酸化微生物复合菌系对餐厨垃圾堆肥腐殖质组分光谱学性质的影响

宋彩红^{1,2}, 张亚丽³, 李鸣晓², 齐辉¹, 夏训峰², 王丽君², 席北斗^{2*}

1. 聊城大学生命科学学院, 山东 聊城 252000

2. 中国环境科学研究院环境基准与风险评估国家重点实验室, 北京 100012

3. 中国科学院地理科学与资源研究所, 北京 100101

摘要 抗酸化微生物复合菌系(AAMC)通过多种耐酸、嗜酸微生物的协同作用,在克服由于酸化抑制导致的餐厨垃圾堆肥发酵崩溃问题方面效果显著,接种 AAMC 可明显加速有机物质降解。然而生物堆肥存在有机物彻底降解和碳重新固定(形成稳定的腐殖质类物质)两种途径,有机质降解与腐殖质形成具有互动关系,为腐殖质形成提供原材料。为探究接种 AAMC 对餐厨垃圾堆肥腐殖质品质的影响,采用树脂柱法进行腐殖质分组,分别研究接种 AAMC 对富里酸、亲水性组分和胡敏酸 3 个组分分子结构复杂度和稳定性的影响。设接种组(AAMC)、加碱组(MgO 和 K_2HPO_4)和自然堆肥组 3 个处理,采用三维荧光技术(EEM)结合两种定量表征方法区域体积积分(FRI)和平行因子分析(PARAFAC),实现对富里酸、亲水性组分和胡敏酸 3 个组分光谱学性质定量表征的准确性和完整性。FRI 结果显示,堆肥结束后 3 个腐殖质组分中表征简单分子结构组分例如羧基或蛋白源结构区域的 $P_{i,j}$ 值均降低,接种组降低幅度显著大于对照组,降低幅度大小排序为:接种组>加碱组>对照组。表征高芳香度和缩聚程度的胡敏酸类物质区域的 $P_{i,j}$ 值均上升,且接种组上升幅度显著高于其他两处理,上升幅度排序也为:接种组>加碱组>对照组。PARAFAC 结果显示,富里酸和胡敏酸组分又可分成短波长胡敏酸、长波长胡敏酸和色氨酸或类蛋白类物质 3 个组分,亲水性组分又可分为短波长胡敏酸、色氨酸和酪氨酸 3 个组分。堆肥结束后,表征短波胡敏酸和长波胡敏酸组分的 F_{max} 升高,而表征色氨酸等类蛋白类物质组分的 F_{max} 降低,升高或降低的幅度接种组最高,显著高于加碱组和对照组。综上结果说明接种 AAMC 可明显促进腐殖质组分分子结构复杂化、稳定化,提高腐殖质组分高芳香度和缩聚程度,改善餐厨垃圾堆肥腐殖质品质,利于施用堆肥土壤保水保肥。这可能与 AAMC 具有高的小分子有机酸降解、转化能力,可规避酸累积对堆肥微生物活性的抑制导致的堆肥腐殖化效率低的问题密切相关。添加化学缓冲剂也能一定程度促进腐殖质组分稳定化、结构复杂化和提高堆肥腐殖化程度。这可能与堆料 pH 的改善,使得小分子有机酸可被持续降解和转化,有利于堆肥腐殖化进程有关。

关键词 堆肥;餐厨垃圾;抗酸化;腐殖质组分;平行因子分析

中图分类号: S132 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2019)11-3533-07

引言

餐厨垃圾堆肥初期易出现酸化问题、堆温延滞上升,造成堆肥效率低下、堆肥产品质量差^[1]。添加化学缓冲剂被证实是克服酸化抑制的有效方法,但对大型堆肥厂来说,此方式成本可能较高。Nakasaki 等^[2]发现接种单一微生物菌剂

*Pichia kudriavzevii*RB1 可克服酸化抑制现象,但可能由于单一种类微生物对堆肥环境适应能力较差,因此方式对缩短堆肥周期、提高腐殖化效率效果不明显。本研究从餐厨垃圾堆肥酸化抑制期筛选、构建抗酸化微生物复合菌系(AAMC),提高接种剂对堆肥环境的适应能力,同时有效避免接种微生物与土著微生物产生拮抗,且由于复合菌系菌株间的协同作用,能保证菌剂效果的长期稳定性。

收稿日期: 2018-09-26, 修订日期: 2019-01-30

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07103-007-03)资助

作者简介: 宋彩红, 1986 年生, 聊城大学生命科学学院讲师 e-mail: caihong_061999@163.com

* 通讯联系人 e-mail: xibeidou@263.net

堆肥过程是腐殖质合成的过程,腐殖质的数量和化学结构也经常用来评估堆肥的稳定性和腐熟程度^[3]。三维荧光技术(EEM)应用于研究腐殖质结构特性以反映堆肥进程和腐熟度具有简便性和科学性,已被广大学者接受。此外,EEM技术结合数学方法,例如区域体积分(FRI)^[4]、平行因子分析(PARAFAC)^[5]、投影寻踪分类^[6]已实现堆肥腐熟度的定量表征。本研究把腐殖质分成胡敏酸、富里酸和亲水性组分3个组分。采用EEM技术结合FRI和PARAFAC定量表征3种腐殖质组分特性,以揭示接种AAMC对餐厨垃圾堆肥腐殖质化进程影响,为AAMC的应用提供理论基础。

1 实验部分

1.1 堆肥原料

餐厨垃圾取自中国环境科学研究院职工食堂,麸皮取自顺义实验基地附近农户,餐厨垃圾预处理方法及堆肥原料基本性质详见本研究前期报道^[7]。

1.2 堆肥试验设计及样品采集

将餐厨垃圾与麸皮人工混匀得到的堆肥混合物基本理化参数如下:C/N:25.08;含水率:55.7%。设3个堆肥处理:接种组(Inoculation)在堆肥混合物中以1.25 mL对数期菌液/kg干物质的接种量添加结构稳定的抗酸化微生物复合菌系(菌浓度为 1×10^8 CFU \cdot mL⁻¹,AAMC的筛选和构建参见前期报道^[7]);加碱组(AC)在堆肥混合物中添加化学缓冲剂MgO和K₂HPO₄,添加比例为0.05 mol \cdot L⁻¹ MgO/kg干物质和0.1 mol \cdot L⁻¹ K₂HPO₄/kg干物质;另设自然堆肥为对照组(C)。堆肥过程中控制通气量为0.5 L \cdot min⁻¹ \cdot kg⁻¹,每12 h监测堆温,堆肥过程定期翻堆,调整堆肥含水率在50%~60%。

堆肥周期为47 d,于堆肥0,3,8,13,19,35和47 d取样,检测堆肥pH和小分子有机酸,堆肥光谱学分析采用0和47 d的样品。每次取样前人工混匀堆料,于堆心不同深度取多个样品混合成一个样品(约200 g),其中100 g用于pH、小分子有机酸等指标检测,另100 g冻干、研磨用于三维荧光分析。

1.3 理化项目及方法

温度由堆肥反应器在线测定;C/N采用元素分析仪测定;有机质采用马弗炉测定;含水率测定采用差重法^[7];pH采用pH计测定,小分子有机酸采用高效液相色谱测定,具体测定方法参见前期研究^[7]。

1.4 腐殖酸的提取及分组

腐殖质提取采用Na₂P₂O₇+NaOH法,腐殖质分组采用树脂柱进行,具体方法参照本研究前期报道^[8]。分离的三种腐殖质组分胡敏酸(HA)、富里酸(FA)和亲水性组分(HyD)冻干备用。

1.5 荧光光谱测定

荧光光谱测定采用仪器为日立F-7000荧光光谱仪。扫描光谱进行仪器自动校正,扫描前将所测定样品浓度调整一致。扫描参数:富里酸三维荧光光谱:激发光谱波长Ex=200~500 nm,发射光谱波长Em=250~550 nm;亲水性组

分三维荧光光谱:激发光谱波长Ex=200~450 nm,发射光谱波长Em=300~550 nm;胡敏酸三维荧光光谱:激发光谱波长Ex=200~500 nm,发射光谱波长Em=250~550 nm。扫描速率:2 400 nm \cdot min⁻¹。进行三维荧光扫描时用纯水作为空白对照。

1.6 数据处理

采用matlab 7.8.0软件对3D-EEM图预处理,除去拉曼和瑞利散射,并进行区域体积分和平行因子分析。

2 结果与讨论

2.1 餐厨垃圾堆肥效率

研究前期结果^[7]显示接种AAMC可避免餐厨垃圾堆肥常出现的温度延滞上升现象。pH和小分子有机酸检测结果证实,接种AAMC可迅速降解堆肥初期密集产生的小分子有机酸,故接种组堆肥初期并未产生由于小分子有机酸累积对堆肥微生物活性的毒害作用和堆肥pH的急速下降,这也解释了接种组未出现温度延滞上升问题的原因,因而,接种组堆肥效率显著高于出现小分子有机酸累积现象的对照组。温度结果显示加碱组也未出现温度延滞上升现象,从小分子有机酸分析结果可见堆肥过程加碱组小分子有机酸持续降解,并未导致堆料小分子有机酸累积,但小分子有机酸降解速率低于接种组。以上结果可见,与对照组相比,加碱组堆肥效率也较高,但低于接种组。

2.2 腐殖质组分光谱学性质

2.2.1 富里酸

由于具有较小的分子量和高的羧基含量,富里酸具有强的离子螯合能力,对植物生长具有促进作用。富里酸的数量和化学结构被广泛用于堆肥稳定性和腐熟度的表征。由图1(a)可见,堆肥原料EEM图展示了4个荧光峰,根据Xi等^[3]的报道,峰T1和T2属于类蛋白质,例如色氨酸和酪氨酸。峰a和c分别属于类富里酸物质和类胡敏酸物质。堆肥结束后,由于微生物对类蛋白质的降解作用,3个处理堆肥峰T1和T2均消失。接种组堆肥展示了与其他两处理类似的EEM图,但峰a和c强度明显高于其他两处理,尤其高于对照组,此二峰强度的增加与高的腐殖化程度和腐熟度有关^[8]。与对照组相比接种组堆肥展示了更高级的腐殖化状态,加碱组腐殖化水平虽然低于接种组,但与对照组相比,其腐殖化程度也较高。

图2展示了图1(a)中不同荧光区域体积分所占比例,根据He等^[9]的报道,堆肥富里酸3D-EEM图可被划分为5个区域[图1(a)]。区域I,II,III,IV,V分别表征酪氨酸物质、色氨酸物质、富里酸类物质、可溶性微生物副产物和胡敏酸类物质,每个区域对应的 $P_{i,n}$ 值可反映其对应物质的相对含量。由图2可见,与堆肥初始物料相比,3个处理堆肥 $P_{V,n}$ 均升高,升高的幅度排序为:接种组(40.99%)>加碱组(29.18%)>对照组(18.08%)。与堆肥初始物料相比,3个处理堆肥 $P_{I,n}$ 、 $P_{II,n}$ 和 $P_{IV,n}$ 均下降,3个参数下降幅度的总和排序为接种组(226.30%)>加碱组(185.05%)>对照组(150.19%)。与堆肥初始物料相比,3个处理堆肥 $P_{III,n}$ 变

化不明显。综合对比上述 $P_{I,n}$, $P_{II,n}$, $P_{III,n}$, $P_{IV,n}$ 和 $P_{V,n}$ 5 个参数不同处理堆肥前后变化可得出结论: 接种 AAMC 和添加化学缓冲剂均能促进餐厨垃圾堆肥过程类蛋白物质的降

解和腐殖质类物质尤其是类胡敏酸类物质的生物合成, 但接种菌剂的效果优于添加化学缓冲剂。

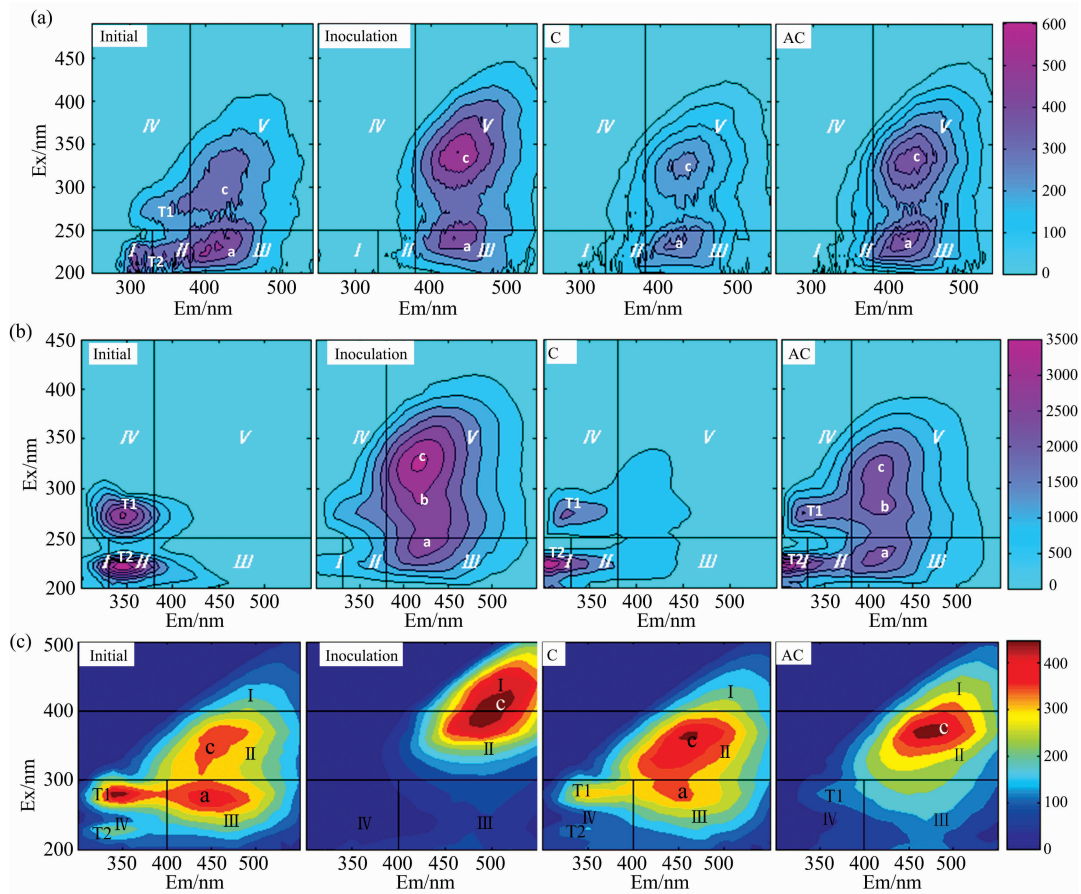


图 1 不同处理堆肥前后富里酸(a)、亲水性组分(b)和胡敏酸(c)EEM 图

Fig. 1 EEM spectra of FA (a), HyI (b) and HA (c) extracted from the raw material and compost from different composting treatments

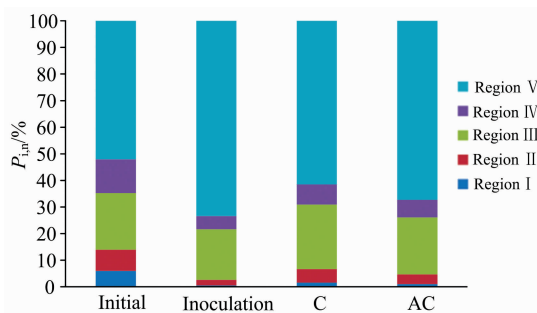


图 2 不同处理堆肥前后富里酸三维荧光光谱区域体积积分比例

Fig. 2 The volumetric fluorescence distribution of FA extracted from the raw material and compost products from different composting treatments

平行因子分析能把三维荧光数据分解成单个的荧光组分, 有效避免荧光峰之间的重叠, 在定量表征方面更具科学性^[10]。图 3(a)为平行因子分析识别的 3 个富里酸组分 EEM

图, 组分 1 有两个荧光峰, 根据 Wu 等^[11]报道组分 1 代表微生物源短波长长胡敏酸物质。组分 2 存在 4 个荧光峰, 根据 He 等^[12]报道组分 2 代表长波长胡敏酸物质。组分 3 有两个荧光峰, 根据 Guo 等^[10]报道组分 3 代表色氨酸类物质。平行因子分析识别的每个荧光组分代表一类物质, 每个组分的得分可代表这类物质的相对含量^[13]。图 4(a)显示, 堆肥原料中 F_{max3} 占主要比例(48.51%), 其次是 F_{max1} (37.31%), F_{max2} 所占比例最低, 仅为 14.18%。堆肥结束后, 3 个处理堆肥 F_{max1} 和 F_{max2} 所占比例均明显升高, F_{max3} 所占比例均显著降低, 这与堆肥有机质演化的一般规律(堆肥是一个易降解的蛋白质类等物质逐渐被降解和腐殖质类物质不断被合成的过程)是相符的。比较 3 个处理堆肥不同富里酸组分所占比例发现: F_{max1} 所占比例加碱组最高(55.04%), 接种组(54.18%)与加碱组无显著差异, 对照组最低(50.87%)。接种组 F_{max2} 所占比例(39.70%)明显高于加碱组(27.67%)和对照组(22.40%), 而 F_{max3} 所占比例(6.13%)显著低于加碱组(17.29%)和对照组(26.73%), 此结果也说明接种 AAMC 能显著促进色氨酸类物质降解和腐殖质类物质(尤其是长波长胡敏酸)的合成。

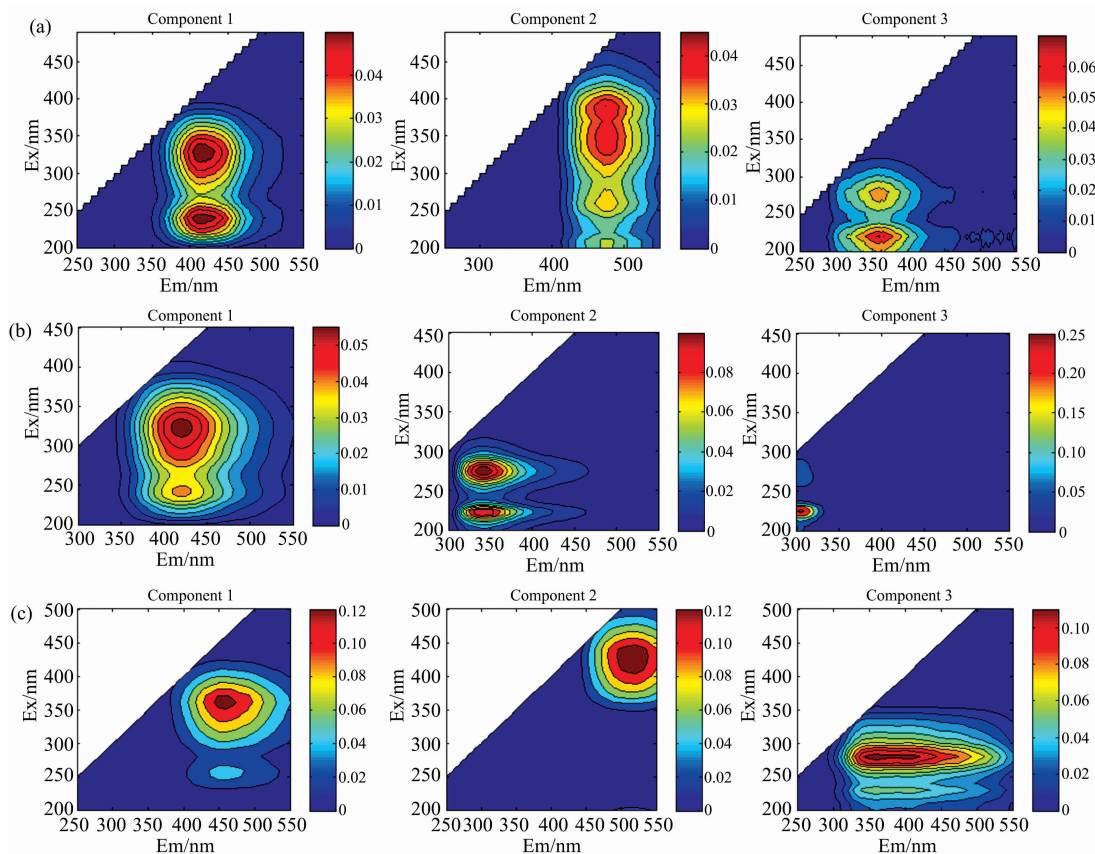


图 3 平行因子模型识别的富里酸(a)、亲水性组分(b)和胡敏酸(c)荧光组分 EEM 图

Fig. 3 EEM spectra of fluorescent components of FA (a), HyI (b) and HA (c) identified by the PARAFAC model

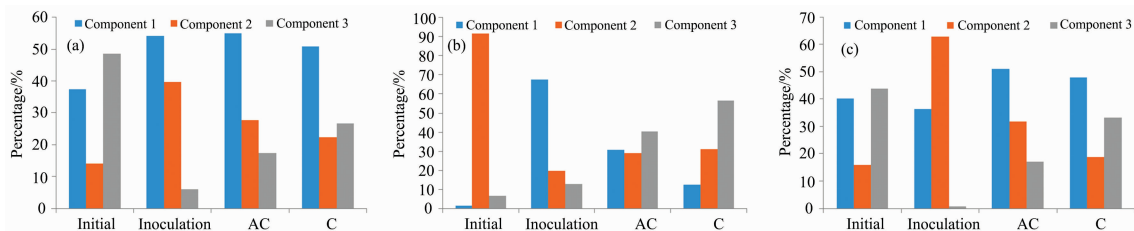


图 4 富里酸(a)、亲水性组分(b)和胡敏酸(c)荧光组分 F_{\max} 比例

Fig. 4 The F_{\max} distribution of fluorescent components of FA (a), HyI (b) and HA (c)

与对照组相比,加碱组对色氨酸类物质降解和腐殖质类物质合成也具有较明显的促进作用。

2.2.2 亲水性组分

亲水性组分是典型的非均质性化合物,其结构和性质在不同堆肥阶段具有明显区别,在餐厨垃圾堆肥过程中对亲水性组分荧光特性的定性或定量表征很少。由图 1(b)可见,堆肥原料 EEM 图展示了 T1 和 T2 两个荧光峰,此二峰分别代表可溶性微生物副产物和芳香性蛋白质类物质^[8],堆肥结束后,对比于堆肥原料对照组和加碱组 T1 峰强度明显降低,而 T2 峰强度变化不大,但值得注意的是,T2 峰位置发生了明显的蓝移现象,此时 T2 代表酪氨酸物质,出现上述现象的可能原因是堆肥原料 T1 和 T2 高的峰强度掩盖了原本就存在的酪氨酸峰(约位于 Em: 300 nm),随着堆肥进程色氨酸

酸等蛋白(峰位于 Em: 350 nm)逐渐被降解,酪氨酸峰被暴露出来。在接种组,T1 和 T2 已经变为肩峰,峰强度大幅降低,说明此时易降解的蛋白类物质几乎被降解殆尽。接种组和加碱组还检测到 a, b 和 c 3 个荧光峰,而对照组不存在典型的 a, b, c 峰。根据 He 等^[9]报道,峰 a 是类富里酸荧光峰,峰 b 和 c 是类胡敏酸荧光峰。与加碱组相比,接种组峰 c (腐殖化程度最高)荧光强度明显升高,且峰 a 和 b 已转为肩峰,正朝着峰 c 演化。

根据 He 等^[9]堆肥亲水性组分 EEM 图也被划分为 5 个区域[图 1(b)],不同区域表征物质见富里酸部分。由图 5 可见,堆肥原料 5 个分区的 $P_{i,n}$ 值分布比较均匀,堆肥结束后 3 个处理堆肥 $P_{i,n}$ 值分布均发生了较明显变化,主要表现为 $P_{V,n}$ 的升高与 $P_{II,n}$ 和 $P_{IV,n}$ 的降低。 $P_{V,n}$ 升高幅度排序为:

接种组 (265.75%) > 加碱组 (183.40%) > 对照组 (110.10%), P_{II} 和 P_{IV} 降低幅度总和排序为: 接种组 (154.66%) > 加碱组 (124.26%) > 对照组 (86.75%)。与堆肥原料相比, 除对照组 P_{I} 升高外, 接种组与对照组 P_{I} 都降低。以上结果佐证了富里酸部分结果, 接种 AAMC 显著促进酪氨酸、色氨酸和可溶性微生物副产物等易降解物质的降解和胡敏酸类物质的合成。与富里酸类似, P_{III} 在 3 个处理堆肥前后变化不太明显, 原因可能是富里酸是生成胡敏酸的过渡物质, 其不断被生成和转化, 通常处在一个动态平衡的状态。

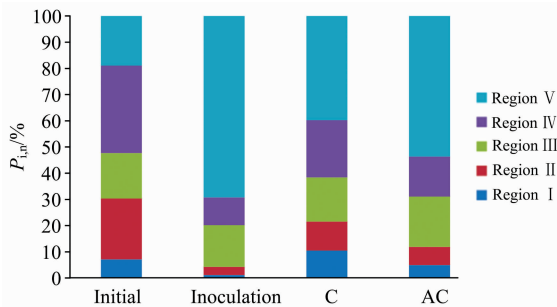


图 5 不同处理堆肥前后亲水性组分三维荧光光谱区域体积积分比例

Fig. 5 The volumetric fluorescence distribution of HyI extracted from the raw material and compost products from different composting treatments

不同处理堆肥亲水性组分 EEM 图通过平行因子分析获得 3 个荧光组分, 见图 3(b)。组分 1, 2 和 3 分别代表短波长胡敏酸物质, 色氨酸类物质和酪氨酸类物质。图 4(b) 展示了不同处理堆肥前后 3 个荧光组分得分所占比例, 堆肥初始原料中, F_{max2} 占主要比例 (91.76%), F_{max1} (1.54%) 和 F_{max3} (6.70%) 所占比例很低, 堆肥结束后, 3 个处理堆肥荧光组分得分所占比例发生了明显变化, 具体表现为 F_{max2} 的降低与 F_{max1} 和 F_{max3} 的升高。堆肥 F_{max2} 降低幅度和 F_{max1} 升高幅度大小排序均为: 接种组 (78.42% 和 4282.62%) > 加碱组 (68.36% 和 1 893.95%) > 对照组 (66.24% 和 707.59%), 上述排序表明了 3 个堆肥处理色氨酸物质降解率和短波长胡敏酸物质合成量的大小排序。组分 3 代表酪氨酸类物质, 与富里酸类物质相似, 堆肥过程中酪氨酸比例一般经历先升高后降低的过程, 堆肥结束后, 3 个处理 F_{max3} 都升高, 而 F_{max3} 升高幅度大小排序为: 接种组 (89.70%) < 加碱组 (500.93%) < 对照组 (744.58%), 说明堆肥结束后接种组处在最高级的堆肥进程, 加碱组次之, 对照组处在较初级的堆肥进程。

2.2.3 胡敏酸

胡敏酸荧光特性的表征被广泛用于堆肥稳定性和腐殖化程度的评估, 由图 1(c) 可见, 堆肥原料 EEM 图展示了 T1, T2, a 和 c 4 个荧光峰。根据 Li 等^[14] 报道, 荧光峰 T1 和 T2 位于芳香族蛋白区, 可能包含色氨酸和 BOD₅, 而峰 a 和 c 分别代表富里酸和胡敏酸类物质。堆肥结束后, 对照组堆肥 T1 和 T2 峰强度明显降低, 且在对照组 T2 变成了肩峰; 在加碱组 T2 消失, T1 变成了肩峰且峰强度显著降低; 在接种组

T1 和 T2 均消失。上述结果说明在堆肥过程中类蛋白类物质逐渐被降解, 而在接种组类蛋白类物质的降解最彻底, 其次是加碱组, 在对照组类蛋白类物质降解效率最低。与堆肥原料相比, 对照组堆肥峰 a 变成了肩峰且峰强度降低, 峰 c 强度增加; 加碱组峰 a 消失, 峰 c 强度明显增加; 接种组峰 a 消失, 峰 c 荧光强度显著增加, 且峰位置出现明显的红移现象。上述现象说明随着堆肥进程胡敏酸组分子量 and 芳构化缩聚程度增加、腐殖化程度提高, 其中接种组腐殖化程度最高、加碱组次之, 对照组最低。

由于接种组堆肥胡敏酸在 EEM 图中类蛋白类物质完全消失, 只存在一个荧光峰且荧光峰主体位于长波长区域, 采用上述 FRI 5 分区法不适宜, 故引进 Song 等^[8] 的 4 分区法, 胡敏酸分区结果见图 1(c)。区域 I 代表高芳香度和缩聚程度的分子结构, 区域 II 代表具有小分子量和低芳构化缩聚程度简单结构组分, 其主要包含电子供体取代基, 例如甲氧基和羟基。区域 III 代表更简单分子结构组分, 其主要包含电子受体取代基, 例如羧基。区域 IV 代表蛋白源结构或可溶性微生物副产物。图 6 展示了不同处理堆肥 P_{i} 值分布情况, 由图 6 可见, 与堆肥原料相比, 除对照组以外, 加碱组和接种组堆肥 P_{i} 值分布表现出明显的变化, 其中接种组 P_{i} 值分布的变化更显著。堆肥结束后, 3 个处理堆肥 P_{I} 均升高, 升高幅度大小排序为: 接种组 (289.11%) > 加碱组 (92.57%) > 对照组 (21.97%), 由此可见接种 AAMC 可显著促进高芳香度和缩聚程度的分子结构形成, 加碱组胡敏酸组分芳香度和缩聚程度也较高; P_{II} 在不同处理堆肥前后变化均不太显著, 在堆肥过程中有所升高; 堆肥结束后 P_{III} 和 P_{IV} 在 3 个不同处理堆肥中均降低, P_{III} 和 P_{IV} 降低幅度总和大小排序为: 接种组 (143.40%) > 加碱组 (83.96%) > 对照组 (36.91%), 上述结果说明接种 AAMC 和添加化学缓冲剂均可显著促进简单分子结构组分, 例如羧基或蛋白源结构的降解, 但接种 AAMC 效果更佳。

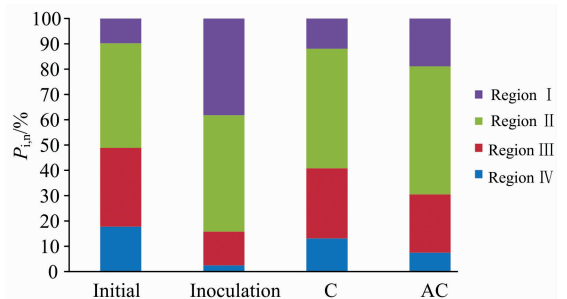


图 6 不同处理堆肥前后胡敏酸三维荧光光谱区域体积积分比例

Fig. 6 The volumetric fluorescence distribution of HA extracted from the raw material and compost products from different composting treatments

不同处理堆肥胡敏酸 EEM 图通过平行因子分析获得 3 个荧光组分, 见图 3(c)。组分 1 和 2 分别代表较短和较长波长的胡敏酸类物质, 组分 1 主要来源于富里酸物质, 组分 3 代表结构较简单的类蛋白类物质。由图 4(c) 可见, 堆肥原料

中 $F_{\max 1}$ (40.13%) 和 $F_{\max 3}$ (43.86%) 占主要比例, $F_{\max 2}$ (16.02%) 占较低比例。堆肥结束后, 3 个处理堆肥荧光组分得分所占比例有了显著变化, 这些变化主要表现在 $F_{\max 2}$ 的升高和 $F_{\max 3}$ 的降低, 说明堆肥是一个结构简单的易降解蛋白质类物质逐渐被降解和结构复杂、腐殖化程度高的胡敏酸物质不断被合成的过程。升高和降低幅度在不同处理堆肥大小排序为: 接种组 (292.70% 和 98.24%) > 加碱组 (98.02% 和 61.01%) > 对照组 (17.86% 和 24.23%), 此结果可得出与前述 FA 和 HyI 分析结果一致的结论, 即接种 AAMC 可明显提高腐殖质组分分子量、促进分子结构复杂化、稳定化, 而添加化学缓冲剂也可促进餐厨垃圾堆肥腐殖化程度的提高。 $F_{\max 1}$ 在不同处理堆肥前后变化无规律性, 这可能与组分 1 是长波长胡敏酸的过渡物质有关。

前期研究结果^[7]表明接种 AAMC 可迅速降解小分子有机酸, 避免堆料酸积累对堆肥微生物活性的毒害作用, 克服餐厨垃圾堆温延滞上升问题, 显著提高堆肥效率, 这可能与接种组高的蛋白质降解效率和高的腐殖质组分分子结构复杂度和稳定度密切相关。此外, 加碱组可改善堆料 pH, 有利于微生物对小分子有机酸的降解和转化利用, 也可避免酸积累造成的堆肥效率低下和堆肥腐殖化程度差的问题, 这可能也

解释了加碱组腐殖质组分较高的腐殖化程度和稳定性。

3 结 论

富里酸和亲水性组分 FRI 分析均显示接种 AAMC 显著促进酪氨酸、色氨酸和可溶性微生物副产物等易降解物质的降解和胡敏酸类物质的合成。胡敏酸 FRI 分析接种 AAMC 显著促进高芳香度和缩聚程度的分子结构形成和简单分子结构组分, 例如羧基或蛋白源结构的降解。腐殖质组分平行因子分析显示接种 AAMC 显著促进色氨酸等蛋白质类物质降解和长波胡敏酸物质的合成, 即接种 AAMC 可明显提高腐殖质组分分子量、促进分子结构复杂化、稳定化, 原因可能是 AAMC 具有高的小分子有机酸降解、转化能力, 可规避酸积累对堆肥微生物活性的抑制导致的堆肥腐殖化效率低的问题。添加化学缓冲剂也可一定程度促进腐殖质组分稳定化、结构复杂化和提高堆肥腐殖化程度, 这可能得益于堆料 pH 的改善, 使得小分子有机酸可被持续降解和转化, 有利于堆肥腐殖化进程。堆肥结束后接种组处在最高级的堆肥进程, 加碱组次之, 对照组处在较初级的堆肥进程。

References

- [1] Wang X, Selvam A, Wong J W. *Bioresource Technology*, 2016, 217: 227.
- [2] Nakasaki K, Araya S, Mimoto H. *Bioresource Technology*, 2013, 144: 521.
- [3] Xi B D, He X S, Wei Z M, et al. *Chemosphere*, 2012, 88(6): 744.
- [4] Lv B, Xing M, Yang J, et al. *Bioresource Technology*, 2013, 132: 320.
- [5] He X S, Xi B D, Li X, et al. *Chemosphere*, 2013, 93(9): 2208.
- [6] Wei Z, Zhao X, Zhu C, et al. *Chemosphere*, 2014, 95: 261.
- [7] Song C, Li M, Qi H, et al. *Bioresource Technology*, 2018, 259: 1.
- [8] Song C, Li M, Wei Z, et al. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2016, 91(1): 155.
- [9] He X, Xi B, Wei Z, et al. *Chemosphere*, 2011, 82(4): 541.
- [10] Guo X, He X, Zhang H, et al. *Microchemical Journal*, 2012, 102: 115.
- [11] Wu H, Zhou Z, Zhang Y, et al. *Bioresource Technology*, 2012, 110: 174.
- [12] He X S, Xi B D, Li X, et al. *Chemosphere*, 2013, 93(9): 2208.
- [13] Aftab B, Hur J. *Chemosphere*, 2017, 178: 317.
- [14] Li X, Xing M, Yang J, et al. *Journal of Hazardous Materials*, 2011, 185(2): 740.

Impact of Anti-Acidification Microbial Consortium on Spectral Characteristics of Humic Fractions in Food Waste Compost

SONG Cai-hong^{1, 2}, ZHANG Ya-li³, LI Ming-xiao², QI Hui¹, XIA Xun-feng², WANG Li-jun², XI Bei-dou^{2*}

1. Life Science College, Liaocheng University, Liaocheng 252000, China

2. State Key Laboratory of Environmental Criteria and Risk Assessment, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China

3. Institute of Geographic Sciences and Natural Resources Research, Beijing 100101, China

Abstract Anti-acidification microbial consortium (AAMC) is effective in overcoming inhibition of microbial activity by acidification of composting material and avoiding the collapse of food waste composting under the synergistic action of acid-tolerant and acidophilic microorganisms. The degradation of organic substances could be accelerated by inoculation with AAMC. Complete

degradation of organic matter and carbon refixation (the formation of humic substances) occur simultaneously during composting. Organic matter degradation has an interactive relationship with the formation of humic substances. The former provides raw materials for the latter. In order to explore the effect of inoculating anti-acidification microbial consortium (AAMC) on the quality of humic substances of food waste compost, the humic substances were grouped by resin column method and the influence of inoculating AAMC on molecular structure complexity and stability of the three fractions, such as fulvic acid, hydrophilic fraction and humic acid. In this study, Inoculation group (AAMC, Inoculation), alkaline compound treatment group (MgO and K_2HPO_4 , AC) and natural composting group (C) were set. Three-dimensional fluorescence technology (EEM) was used to realize accurate and complete quantitative characterization of spectral properties of three humic fractions combined with two quantitative characterization methods FRI and PARAFAC. FRI results showed that the $P_{i,n}$ values of those regions, which represented simple molecular structure components, such as carboxyl and protein source structure decreased in all three humic fractions after composting. The degree of reduction in the inoculation group was significantly greater than that in the control group and degree of reduction was in the order Inoculation > AC > C. The $P_{i,n}$ values of those regions, which represented humic acid-like compounds with high aromaticity and polycondensation degree increased in all three humic fractions. The degree of increase in the inoculation group was significantly greater than that in the other two treatments and it was also in the order Inoculation > AC > C. PARAFAC results showed that the fulvic and humic acid fractions could be divided into short-wavelength, long-wavelength humic acids and protein-like substances such as tryptophan. The hydrophilic fraction could be further divided into short-wavelength humic acid, tryptophan and tyrosine components. At the end of composting, the F_{max} of those components which were attributable to short-wavelength and long-wavelength humic acids increased, while the F_{max} of those components which were attributable to protein-like substances such as tryptophan decreased. The increased (decreased) levels were the highest in the inoculation group and they were markedly higher in the inoculation group than those in AC and C groups. In summary, the results exhibited that inoculating of AAMC could significantly promote the complexity and stabilization of molecular structure, improve the aromaticity and polycondensation degree of humic fractions and the quality of humic substances in food waste compost, and facilitate conservation of water and fertilizer after compost was applied to the soil. AAMC has high ability of degrading and transforming small molecular organic acids, which could overcome low humification efficiency problem caused by the inhibition of acid accumulation on composting microbial activity. These might be closely related to high humification degree of inoculation group. Alkaline materials as additives could also promote the stabilization and structural complexity of humic fractions and increase the humification degree of compost to a certain extent. This may be related to the pH improvement of composting material, which enables the continuous degradation and transformation of small molecular organic acids and facilitates the humification process of compost.

Keywords Composting; Food waste; Anti-acidification; Humicfractions; Parallel factor analysis

(Received Sep. 26, 2018; accepted Jan. 30, 2019)

* Corresponding author