

三组微生物菌群分解油菜秸秆的消化液性质比较

吕育财^{1,2}, 崔宗均^{2*}, 王小芬², 李宁³, 龚大春¹

(1. 三峡大学艾伦麦克德尔米德再生能源研究所, 宜昌 443002; 2. 中国农业大学农学与生物技术学院, 北京 100193;
3. 三峡大学 水利与环境学院, 宜昌 443002)

摘要: 利用微生物对秸秆进行酸化前处理能够有效提高秸秆甲烷发酵效率。该文以探索不同微生物菌群对秸秆消化过程的影响为目的, 利用 3 组不同的菌群 (纤维素分解菌群 MC1、纤维素分解菌群 WDC2 以及牛粪菌群 (CD)) 消化油菜秸秆, 通过监测消化液的性质变化, 评价不同菌群对油菜秸秆酸化前处理的效果。结果表明, 菌群 WDC2、MC1、CD 均能有效地提高油菜秸秆消化效率 (油菜秸秆分解率分别为 46.77%、44.28% 和 43.40%), 相比于未加入外源菌的对照处理, 分解率提高 12.21%~15.58%。WDC2 和 MC1 能有效地提高消化液中的化学需氧量 (COD), 在分解的 48 h, 2 组菌群的 COD 比未加入外源菌群处理分别提高 9.13% 和 7.83%。CD 不能提高培养液中的 COD 含量。此外, 相比与 MC1 与 CD, WDC2 能够更好的维持培养液内的可溶性糖含量。可见, 3 组菌群均能够促进油菜秸秆消化分解, 纤维素分解菌群 WDC2 具有更好的油菜秸秆分解活性和 COD 溶出能力, 优于其他 2 组菌群。

关键词: 农业废弃物, 发酵, 沼气, 菌群, 油菜秸秆, 消化

doi: 10.3969/j.issn.1002-6819.2012.03.036

中图分类号: Q939.9

文献标志码: A

文章编号: 1002-6819(2012)-03-0210-05

吕育财, 崔宗均, 王小芬, 等. 三组微生物菌群分解油菜秸秆的消化液性质比较[J]. 农业工程学报, 2012, 28(3): 210-214.

Lü Yucai, Cui Zongjun, Wang Xiaofen, et al. Properties of digestive solution during anaerobic degrading rape straw by three different microbial communities[J]. Transactions of the CSAE, 2012, 28(3): 210-214. (in Chinese with English abstract)

0 引言

油菜是中国重要的农作物之一, 2009 年播种面积达到 718 万 hm^2 , 油菜秸秆产量约为 1 500~1 800 万 $\text{t}^{[1]}$ 。目前, 中国对油菜秸秆的处理方式仍以焚烧为主要手段, 不仅造成资源的浪费, 而且对环境构成了严重的威胁。在石化资源日益紧缺、全球气候不断恶化趋势下, 生物质能源的开发和转化已成为当前能源领域的研究热点。而油菜秸秆资源的能源转化 (甲烷) 技术的开发不仅能够解决环境问题, 同时也为能源开发开辟了新的途径^[2]。

油菜秸秆主要由木质纤维素等成分构成, 因其结构致密, 性质稳定, 所以秸秆在自然状态下进行的沼气发酵, 存在启动慢、产气率低、浮渣结壳严重等问题^[3]。目前, 秸秆沼气的生产通常采用两段发酵^[4-5], 即在秸秆进行甲烷发酵前, 利用产酸微生物进行酸化处理。使纤维素、可溶性糖等成分转化为小分子物质, 从而加速产甲烷微生物对底物的甲烷转化效率^[6-8]。万楚钧等报道, 利用微生物处理的油菜秸秆, 甲烷累积产气率可提高

17.8%^[2]。微生物菌群对秸秆进行酸化前处理, 能够促进甲烷的发酵进程。

能够酸化秸秆的微生物来源广泛, 通常可用禽畜粪便进行处理。目前也有研究者利用富集的微生物菌株或菌群作为酸化菌剂, 促进秸秆酸化进程^[9]。笔者所在研究室, 在前期的工作中, 成功的构建了纤维素分解能力的纤维素分解菌群 MC1^[10]和纤维素分解菌群 WDC2^[11], 具有良好的秸秆纤维素分解能力及酸化效果。本研究, 通过比较牛粪菌群 (CD)、MC1、WDC2 在消化油菜秸秆过程中, 消化液的 pH 值、质量减少、化学需氧量 (COD)、可溶性糖等性质的变化。评价不同菌群对油菜秸秆酸化前处理的效果, 为进一步开展油菜秸秆快速沼气发酵提供前期基础研究。

1 材料与方法

1.1 微生物培养及油菜秸秆材料处理

菌源: 纤维素分解菌群 MC1、WDC2 来自本研究室。牛粪菌群 (CD) 来自于牛的新鲜粪便, 过滤残渣, 收集液体后, 4℃ 冰箱保存。油菜秸秆: 取盛花期油菜秸秆, 粉碎, 60℃ 烘干, 保存。培养条件: 准确称取 4 g 干燥的油菜秸秆, 200 mL 去离子水, 加入到 300 mL 三角瓶中, 加入 0.3g $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 。将牛粪、MC1、WDC2 菌群溶液 15 mL, 离心 (8 000 r/min, 20 min), 去上清, 收集菌体, 用 0.5 mmol/L PBS 缓冲液洗涤 3 次, 最后用去离子水分别定容至 15 mL, 做为菌群接种至油菜秸秆培养液中培养。每个处理 3 次重复。

收稿日期: 2011-01-09 修订日期: 2011-11-16

基金项目: 十一五支撑计划重大项目“新型高效规模化沼气工程” (2008BAD4B01, 2008BAD4B17)。

作者简介: 吕育财 (1977-), 男, 吉林省吉林市人, 博士, 主要从事环境微生物功能及生物质能源研究。宜昌 三峡大学 艾伦麦克德尔米德再生能源研究所, 443002。Email: lv_yucai@ctgu.edu.cn

*通信作者: 崔宗均 (1957-), 教授, 博士生导师, 研究方向为生物质资源的有效利用与微生物分子生态学。北京 中国农业大学农学与生物技术学院, 100193。Email: acuijzj@cau.edu.cn

1.2 pH 值测定

取待测液 0.5 mL, 用日本 HORIBA B2212 型微量 pH 计 (CompactpH meter, model B-212, Japan) 测定 pH 值。

1.3 质量损失测定

过滤用滤纸 60℃ 烘干至恒质量, 记录滤纸质量。将培养液同分解残渣用滤纸过滤, 过滤残渣连同滤纸 60℃ 烘干至恒质量, 去除滤纸质量后得到分解残渣质量, 同时做无菌对照。

1.4 纤维素, 半纤维素, 木质素成分测定^[12]

将秸秆分解残渣粉碎, 过 1 mm 筛, 准确称取 0.5 g, 装入 F57 专用袋中。用 ANKOM220 型纤维分析仪 (北京和众视野科技有限公司, 北京) 测定纤维素、半纤维素、木质素含量。操作过程按说明书。

1.5 水溶性糖的测定

吸取待测液 1 mL (糖浓度最适在 20~80 mg/L 之间) 放入试管中, 沿瓶壁缓缓注入蒽酮试剂 (0.1%, W/V) 5 mL, 小心摇动半分钟, 放入沸水浴中加热 10 min, 取出放入冷水中迅速冷却, 10 min 显色稳定后进行比色。比色光谱波长 620 nm。同时做标准曲线。标准曲线的绘制: 吸取系列标准糖液各 1 mL, 分别放入 5 只试管中, 按上述步骤同样显色后比色。

1.6 化学需氧量 (COD) 的测定^[13]

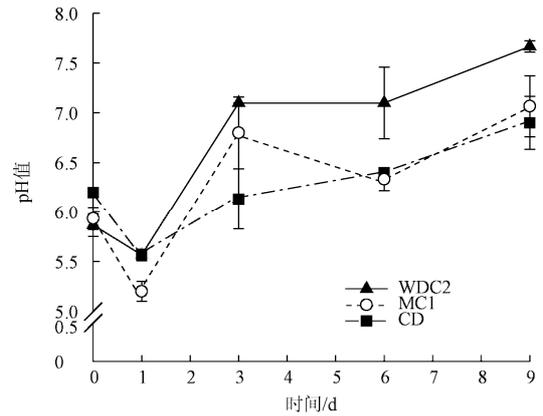
0.25 mmol/L $K_2Cr_2O_7$ 溶液与 Ag_2SO_4 溶液 (Ag_2SO_4 /浓 $H_2SO_4=1/100$ (W/V)) 按 1:3 (V/V) 混合, 记为溶液 A。取 2 mL 待测样品、3 mL 溶液 A、少许 $HgSO_4$ (屏蔽 Cl^-), 加入 10 mL 消解管中, 在消解仪上消解 (150℃) 2 h。消解的样品冷却后利用分光光度计测定样品 COD 值。空白控制使用蒸馏水替代样品溶液。

2 结果与分析

2.1 pH 值变化

3 组菌群在消化油菜秸秆过程中 pH 值的变化如图 1 所示。3 组菌群的消化液 pH 值均在 24 h 内迅速下降, 其中, MC1 的 pH 值最低, 为 5.20, WDC2 与 CD 的 pH 值相同, 均为 5.57。此后 pH 值的变化趋势呈现不同的趋势。CD 的 pH 值在 24 h 后缓慢上升, 在培养结束时 (9 d) 为 6.90, 达到中性。MC1 与 WDC2 两组菌群 pH 值在培养 24 h 后呈快速上升趋势, 在培养的 3 d 以后, pH 值停止上升。其中 MC1 的 pH 值呈现下降趋势, 在培养的 6 d pH 值下降到 6.33。6 d 后, 2 组菌群的 pH 值继续上升, 并在培养结束时 (9 d) 分别达到 7.07 和 7.67。

pH 值能够反应培养液中有机酸含量的变化^[14]。图 1 结果表明 3 组菌群在培养的 24 h 内均能够有效提高培养液中的有机酸含量。与 CD 相比, MC1 与 WDC2 2 组菌群 pH 值的降低效果更为显著。在培养的 1~6 d, 纤维素分解菌群 WDC2 与 MC1 的 pH 值存在波动, 与 CD 处理显著不同。因 MC1 与 WDC2 均为有效分解纤维素的菌群, 所以, pH 值的波动可能为 2 组菌群快速分解纤维素成分, 再次提高培养液中的有机酸含量, 导致培养液的 pH 值停止上升。

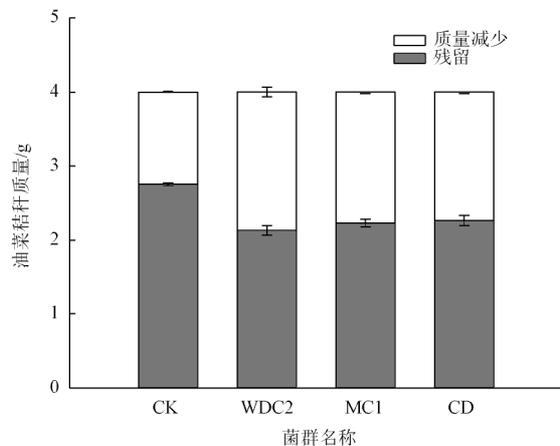


注: WDC2、MC1 为纤维素分解菌群, CD 为牛粪菌群, 下同。

图 1 不同菌群厌氧消化油菜秸秆过程中 pH 值的变化
Fig.1 Changes of pH value in the digestive solutions during anaerobic degrading rape straw by different communities

2.2 油菜秸秆质量变化

4 g 油菜秸秆 (干物质) 分别在 3 种菌群的作用下分解消化 9 d, 油菜秸秆的质量变化如图 2 所示。在未加入外源菌群的对照处理中, 油菜秸秆经过 9 d 的培养, 残留 2.75 g, 油菜秸秆质量分数损失 31.19%。质量减少部分, 推测主要为秸秆中水溶性物质。WDC2 处理油菜秸秆的质量减少最多, 经过 9 d 的培养, 残留油菜秸秆 2.13 g, 质量减少 46.77%。MC1 与 CD 对油菜秸秆分解的效果相似, 质量减少分别为 44.28% 和 43.40%。



注: CK 为未添加任何外源菌群, 下同。

图 2 不同菌群 9 d 消化油菜的质量减少比较
Fig.2 Comparison of weight loss in digestive solutions during anaerobic degrading rape straby different communities in 9 days of culture

可见, 相比于油菜秸秆自然发酵, WDC2、MC1、CD 的加入, 能够有效的提高油菜秸秆的分解消化, 分解率提高 12.21%~15.58%, 其中 WDC2 的秸秆质量减少最显著。此外, 3 组菌群消化油菜秸秆的质量减少 (或分解率) 与油菜秸秆消化液的最终 pH 值具有很好的正相关性, 油菜秸秆分解率高的处理, 消化液 pH 值相对较高。推测, 油菜秸秆分解量越大, 总生物量越大, 由微生物保留于消化液中的碱性物质 (如蛋白、氨等) 越多。生

物死亡,生物碱性物质释放,促使最终 pH 值升高。分解率和消化液 pH 值特性都显示,在 3 组菌群中,WDC2 的消化活性更具有优势,能够有效的溶解油菜秸秆干物质。

2.3 油菜秸秆消化残渣成分变化

为了进一步考察不同菌群对油菜秸秆各成分的分解程度,测定油菜秸秆残渣中的各成分的含量,结果如图 3 所示。对照油菜秸秆残渣的 2 753.8 mg 干物质中(结果 2.2 的消化残渣),水溶性物质质量为 714.46 mg,纤维素为 884.17 mg,半纤维素质量为 494.10 mg,木质素质量为 642.90 mg,灰分最少,为 18.16 mg。3 组菌群对可溶性物质都有明显的消化作用,经过 9 d 的消化,WDC2 和 MC1 的水溶性物质残留量分别为:328.68 mg 和 322.31 mg,消化率分别为 54.00%、54.89%。CD 的可溶性物质残留量为 432.20 mg,消化率为 39.51%。纤维素素成分的减少量也比较明显,培养 9d 后,WDC2 与 MC1 体系中的残留量分别为:685.49,685.81 mg,CD 的残留量较高,为 702.96 mg。3 组菌群对秸秆纤维素的分解率分别为:22.47%、22.44%、20.50%。3 组菌源对半纤维素的分解以 WDC2 最高,分解率达 9.16%,而 MC1 与牛粪的消化率仅为 0.65%和 4.59%。菌群对油菜秸秆中木质素和灰分的影响并不大,基本保持不变。

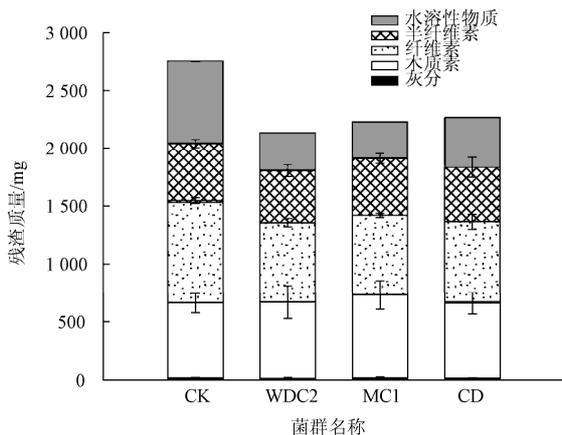


图 3 油菜秸秆消化残渣成分变化

Fig.3 Content change of digested rape straw residues

可见,3 组菌群都能够有效的消化油菜中的可溶性物质及纤维素成分,实现对油菜的分解。而对半纤维素的分解量较低,且不均衡,WDC2 分解量最多,MC1 最少。

2.4 消化液内 COD 变化

3 组菌群分解油菜秸秆过程中,消化液内的 COD 变化如图 4 所示。3 组菌群消化油菜秸秆过程中,消化液内的 COD 变化趋势不同。其中 WDC2 与 MC1 菌群在培养的前 3 d 变化趋势相似,在培养的 24 h 内,COD 上升,分别为 4 206.67 mg/L,4 093.33 mg/L。之后 COD 下降。培养 3 d 以后,WDC2 与 MC1 菌群的 COD 变化趋势呈现差异。MC1 培养液中的 COD 持续下降,并在培养结束时(9 d) COD 为 3 253.33 mg/L。而 WDC2 的 COD 值呈现波动趋势,COD 上升而后下降,在培养结束时 COD 为 3 710.00 mg/L。CD 菌群的 COD 初始值为 3 910.00 mg/L,在培养过程中 COD 持续下降,在培养结束时 COD 为

2 230.00 mg/L。

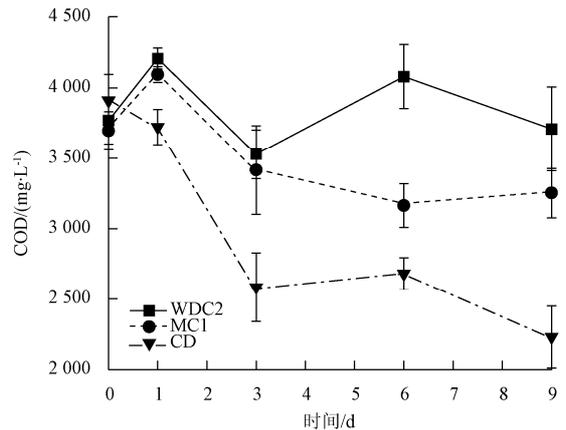


图 4 油菜秸秆消化过程中消化液 COD 的变化

Fig.4 Changes of COD in digestive solutions during anaerobic degrading rape straw by different communities

3 组菌群处理在消化油菜秸秆过程中,消化液内的 COD 变化区别显著,在全部分解消化过程中 WDC2 菌群的 COD 值最高,MC1 其次,而 CD 在培养期间,消化液内的 COD 值始终低于其他 2 组菌群。COD 能够反应培养溶液中的有机质含量。而在酸化处理中,消化液中的 COD 越高越有利于油菜秸秆等物料的甲烷发酵。3 组菌群相比较,WDC2 菌群更适合进行油菜秸秆的酸化处理。CD 则不能够有效保蓄消化液内的 COD,这与 CD 对秸秆分解率低,以及菌群大量产气菌株(如产甲烷菌等)而导致消化液内的有机酸被消耗有关^[15]。

为了进一步了解 3 组菌群在培养的前期 COD 的变化趋势,按照 2.4 的试验条件再次进行培养,并分别在 60 h 内,每间隔 12 h 取样一次,检测培养体系的 COD 变化。结果见图 5。图中,未添加任何外源菌群的对照处理(control),分别在 12 h 和 48 h 存在 2 个峰值,之后 COD 值下降。添加 WDC2 与 MC1 的油菜秸秆培养液中的 COD 变化趋势与对照相似,同样在 12 h 和 48 h 出现 COD 的峰值。不同之处为菌群 WDC2 与 MC1 的峰值 COD 比对照显著增高,特别是在 48 h 更为明显,COD 比未加入外源菌群处理提高 9.13%和 7.83%。并且 2 组菌群的峰谷均出现在培养的 24 h,而对照的最低峰谷出现在 36 h。CD (Cattle Dung) 与对照比较,变化趋势差别较大,12 h 的 COD 很低,推测 CD 菌群在此期间大量消耗消化液中的有机质,或转化为气体,或转化为微生物菌体。CD 菌群的 COD 峰值出现在 36 h,并持续到 48 h,这同其他 2 组菌群存在区别。COD 的升高可能与 CD 菌群分解油菜秸秆中的可溶性物质或纤维素、半纤维素成分有关。3 组菌群及对照均在培养的 48 h 后,COD 下降。

图 5 再次反映了不同菌源处理油菜秸秆,培养液中的 COD 变化趋势并不相同,牛粪在培养过程中不能有效的提高培养液中的 COD 含量。WDC2 与 MC1 相比于未加入菌源处理,能够有效的在初期提高培养液中的 COD 含量,这种效果在培养的 48 h 更为显著。

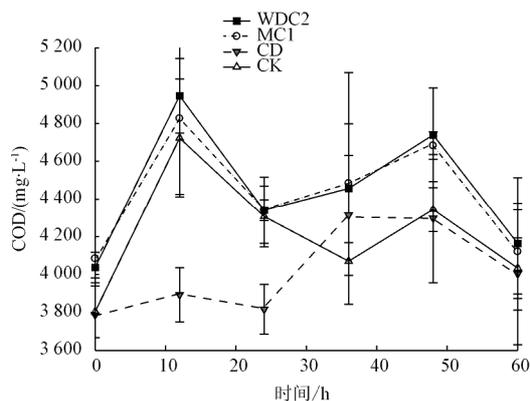


图5 60 h内各菌群消化液的COD变化趋势比较。

Fig.5 Comparison of COD changing trends in digestive solutions in 60 h of culture

2.5 可溶性糖变化

3组菌在分解消化油菜秸秆过程中,培养液中可溶性糖的变化如图6所示。在培养的起始阶段,培养液中的糖浓度均较高,WDC2、MC1、CD培养液中糖的浓度分别为:799.23、722.98、814.47 mg/L。随着培养时间的延长,培养液中的糖含量下降,MC1与CD菌群的糖含量变化趋势相似,在培养的24 h迅速下降,并在培养的3d分别达到187.66和94.36 mg/L,之后2组菌群内的培养液中的糖变化平稳,在培养结束时(9 d)糖含量分别为159.61和86.61 mg/L。而WDC2的糖含量下降缓慢,在培养的3~6 d培养液中可溶性糖的变化稳定,6 d后再次下降,并在培养结束时407.00 mg/L。

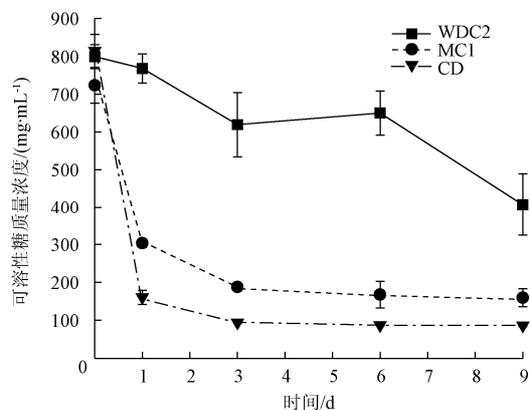


图6 不同菌群消化油菜秸秆的消化液可溶性糖的变化

Fig.6 Changes of soluble sugar in digestive solutions during anaerobic degrading rape straw by different communities

在消化过程中,与MC1和CD相比,WDC2消化液中糖含量缓慢下降,并在培养期间,糖含量均处于较高水平。这可能与菌群持续分解油菜秸秆释放糖有关。MC1和CD的糖含量很低,在3 d后含量基本没有变化。可见,WDC2能够维持培养体系糖的含量,为微生物生长提供了丰富的碳源。有利于发酵的持续进行。

3 结论

本研究利用3组菌群,纤维素分解菌群MC1、WDC2

以及CD处理油菜秸秆。探讨油菜秸秆在不同菌群消化的作用下,消化液的性质的变化。结果显示:

1) 纤维素分解菌群MC1、纤维素分解菌群WDC2、牛粪菌群CD都能有效分解油菜秸秆中的可溶性物质和纤维素成分而提高油菜秸秆消化效率,相比于未加入外源菌的自然发酵处理,油菜秸秆分解率可提高12.21%~15.58%。

2) WDC2和MC1能提高消化液中的化学需氧量(COD),相比于未加入外源菌群处理,消化48h,COD值分别提高9.13%和7.83%。而牛粪菌群CD不能提高培养液中的COD含量。

3) 纤维素分解菌群WDC2对菜秸秆的分解率达到46.77%,消化液中COD质量浓度最高达4206.67 mg/L,且具有保持消化液中COD含量的能力。因此,纤维素分解菌群WDC2比纤维素分解菌群MC1和牛粪菌群具有更好的油菜秸秆消化效果和COD溶出能力。在秸秆甲烷发酵中具有较好的应用前景。

[参考文献]

- [1] 殷艳,王汉中,廖星. 2009年我国油菜产业发展形势分析及对策建议[J]. 中国油料作物学报, 2009, 31(2): 259-262.
Yin Yan, Wang Hanzhong, Liao Xin. Analysis and strategy for 2009 rapeseed industry development in China [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2009, 31(2): 259-262. (in Chinese with English abstract)
- [2] 万楚筠,黄凤洪,刘睿,等. 微生物预处理油菜秸秆对提高沼气产量的影响[J]. 农业工程学报, 2010, 26(6): 267-271.
Wan Chuyun, Huang Fenghong, Liu Rui, et al. Effect on increasing biogas production using rape straw by microbiological pretreatment [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2010, 26(6): 267-271. (in Chinese with English abstract)
- [3] 中华人民共和国农业部. 农业和农村节能减排十大技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [4] Ghosh S, Klass D L. Two-phase anaerobic digestion [J]. process Biochemistry, 2001, 19(1): 11-15.
- [5] 凡广生,李多松. 两相厌氧消化工艺的研究进展及其应用[J]. 水科学与工程学报, 2006, 2: 7-9.
Fan Guangsheng, Li Duosong. Research development and its application of two phase anaerobic digestion technology [J]. Water Sciences and Engineering Technology, 2006, 2: 7-9. (in Chinese with English abstract)
- [6] Ojumu T V, Ogunkunle O A. Production of glucose from lignocellulosic under extremely low acid and high temperature in batch process, auto-hydrolysis approach [J]. Journal of Applied Sciences, 2005, 5(1): 15-17.
- [7] Martinez A T, Speranza M, Ruiz-Duenas F J, et al. Biodegradation of lignocellulosics: Microbial, chemical, and enzymatic aspects of the fungal attack of lignin [J]. Int Microbiol, 2005, 8(3): 195-204.
- [8] Kato S, Haruta S, Cui Z, et al. Effective cellulose degradation by a mixed-culture system composed of a cellulolytic clostridium and aerobic non-cellulolytic bacteria [J]. FEMS Microbiology

- Ecology, 2006, 51(1): 133–142.
- [9] 李文哲, 王忠江, 王丽丽, 等. 牛粪高浓度水解酸化过程丙酸含量的影响因素研究[J]. 农业环境科学学报, 2008, 27(1): 363–367.
Li Wenzhe, Wang Zhongjiang, Wang Lili, et al. Influencing factors of propionic acid content in the process of high-concentration hydrolysis and acidogenesis of cow manure[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2008, 27(1): 363–367. (in Chinese with English abstract)
- [10] 崔宗均, 李美丹, 朴哲, 等. 一组高效稳定纤维素分解菌复合系 MC1 的筛选及功能. 环境科学, 2002, 23(3): 36–39.
Cui Zongjun, Li Meidan, Piao Zhe, et al. Selection of a composite microbial system MC1 with efficient and stability cellulose degradation bacteria and its function [J]. Chinese Journal of Environmental Science, 2002, 23(3): 36–39. (in Chinese with English abstract)
- [11] 吕育财, 朱万斌, 崔宗均, 等. 纤维素分解菌复合系 WDC2 分解小麦秸秆的特性及菌群多样性. 中国农业大学学报, 2009, 14(5): 40–46.
Lü Yucal, Zhu Wanbin, Cui Zongjun, et al. Characterization and community diversity of cellulose-degrading microflora WDC2 during degrading wheat straw [J]. Journal of China Agricultural University, 2009, 14(5): 40–46. (in Chinese with English abstract)
- [12] 吕育财, 王小芬, 朱万斌, 等. 木薯加工废弃物堆肥化中氰化物的降解及腐熟度的研究[J]. 环境科学, 2009, 30(5): 1556–1560.
Lü Yucal, Wang Xiaofen, Zhu Wanbin, et al. Degradation of cyanide and maturity in cassava processing wastes composting [J]. Environmental Science, 2009, 30(5): 1556–1560. (in Chinese with English abstract)
- [13] 林长松, 袁旭峰, 王小芬, 等. 固定床厌氧反应器处理高浓度糖蜜废水[J]. 农业工程学报, 2009, 25(7): 195–200.
Lin Changsong, Yuan Xufeng, Wang Xiaofen, et al. Treatment of high strength molasses wastewater with anaerobic fixed-bed reactor [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2009, 25(7): 195–200. (in Chinese with English abstract)
- [14] Kato S, Haruta S, Cui Z, et al. Effective cellulose degradation by a mixed-culture system composed of a cellulolytic Clostridium and aerobic non-cellulolytic bacteria [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2004, 51(1): 133–142.
- [15] 刘开朗, 王加启, 卜登攀. 2008–2009 年反刍动物营养研究进展 I. 瘤胃微生物多样性与功能[J]. 中国畜牧兽医, 2010, 37(2): 5–14.
Liu Kailang, Wang Jiaqi, Bu Dengpan. Annual review of ruminant nutrition in 2008–2009 I. diversity and functionality of rumen microflora [J]. China Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2010, 37(2): 5–14. (in Chinese with English abstract)

Properties of digestive solution during anaerobic degrading rape straw by three different microbial communities

Lü Yucal^{1,2}, Cui Zongjun^{2*}, Wang Xiaofen², Li Ning³, Gong Dachun¹

(1. Alan G. Macdiarmid Research Institute of Renewable Energy, China Three Gorges University, Yichang 443002, China;

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

3. College of Hydraulic and Environmental Engineering, China Three Gorges University, Yichang 443002, China)

Abstract: Straw acidification pre-treatment by microorganisms can improve efficiency of methane fermentation. In order to explore the effect of different microbial communities on digestion of straw, three different microbial communities (cellulose-degrading community MC1, cellulose-degrading community WDC2 and cattle dung microbial community (CD)) were used to acidify rape straw. Effect of acidification pre-treatment on rape straw was evaluated by detecting properties changing of digestive solution during digestion process of rape straw. The results indicated that community MC1, WDC2 and CD could improve the efficiency of rape straw digestion effectively (degradation rates of rape straw were 46.77%, 44.28% and 43.40% respectively), and degradation rate increased by 12.21%-15.58% comparing with control treatments of no adding exogenous bacteria. Community MC1 and WDC2 could effectively improve COD content in the digestive solution. In 48h of digestion, COD content in solution digested by the two communities increased by 9.13% and 7.83%, respectively compared with treatments without adding exogenous bacteria. Cow manure microbial community had no capability of improving COD content in the digestive solution. In addition, compared with community MC1 and cow manure, community WDC2 could better maintain soluble sugar content in the digestive solution. Therefore, three microbial communities are cable to digest rape straw, cellulose-degrading community WDC2 has better digestion activity of rape straw and COD-producing capability comparing with community MC1 and CD.

Key words: agricultural wastes, fermentation, biogas, microbial community, rape straw, digestion