基于 FTIR 分析猪场废水有机物分解过程中组成结构变化

李 磊^{1,2},李忠佩^{1,2*},刘 明¹,吴 萌¹,马晓焉^{1,2},唐晓雪^{1,2}

1. 中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 江苏南京 210008

2. 中国科学院大学,北京 100049

摘 要 猪场废水排放的环境污染问题日益受到重视,研究废水中有机物的组成结构变化将可为制订合理 的污染防治措施提供科学依据。本研究通过设置不同规模化猪场废水的室内培养试验,在培养过程中定期 采样,采用抽滤、冷冻干燥等方法获得可溶性有机物(DOM)固体样品;运用 FTIR 光谱仪采集样品的红外谱 图,研究废水中 DOM 组成结构在有机分解过程中的变化。结果表明,不同猪场来源的废水中 DOM 具有类 似的组成结构,且主要由蛋白质、脂质类、腐殖酸、多糖类和酚类等有机物组成。随着培养天数的增加,与 脂质类、蛋白质和酚类等相关的官能团含量逐渐降低并趋于稳定,而与腐殖酸和多糖类相关的官能团显著 增加直至平稳。与初始样品相比,培养 20 天后样品中 DOM 组成结构以腐殖酸和多糖类为主,表明 DOM 的 腐殖化程度有所提高。此外,与纤维素分子内氢键缔合的羟基(OH)相比,纤维素分子间氢键缔合的羟基降 解速率相对更快,而以前者对微生物的降解更为敏感。废水中 DOM 以酚羟基 C—O 的降解速率更快,随后 是芳香族 COOH、糖类 C—O 和酰胺羰基 C—O ,而糖类 C—O 倾向于优先被微生物所利用。综上所述,废 水中不同的 DOM 组成结构在有机降解过程中的变化存在一定差异。

关键词 规模化猪场;废水;可溶性有机物;组成结构;傅里叶红外光谱 中图分类号:X502 文献标识码:A DOI:10.3964/j.issn.1000-0593(2016)11-3517-06

引 言

自 20 世纪 90 年代以来,我国生猪养殖模式逐渐从零散 式的家庭养殖转变为规模化的集约生产,并逐渐成为世界第 一大猪肉生产和消费国。据统计,2012 年末,我国生猪总存 栏数为 4.75 亿头,出栏量为 6.96 亿头,约占世界生猪总出 栏量的一半。规模化猪场的飞速发展,在极大满足人们对肉 制品消费需求的同时,大量高有机物和养分浓度废水的集中 囤积和无序排放给周边水体和土壤环境造成严重的污染和破 坏^[1]。作为微生物的能量来源,可溶性有机物(dissolved organic matter, DOM)主要参与了水体中的物质循环;有机物 来源、温度和 pH 值等因素,以及有机物光解和微生物降解 等作用均显著影响着水体中 DOM 的组成与结构^[2]。研究发 现,猪场废水中养分以 DOM 为主,其中包括碳水化合物、 腐殖酸、脂肪烃、芳香烃、蛋白质以及多糖类等^[3]。然而,地 域性的气候和地形差异,以及养殖规模、饲料配比和管理方 式等因素,导致猪场废水中 DOM 组成呈现较大的变异 性^[3-4]。此外,水体中 DOM 主要是由芳香族和脂肪族的碳氢 结构组成的复杂混合体,且在其碳氢结构上还吸附有氨基、 羰基、羟基以及酮等一系列的次要官能团^[2]。不同类型的官 能团,在受到微生物的降解作用时,其吸收峰强度变化存在 一定差异。

目前,傅里叶变换红外光谱(FTIR)已被广泛地应用于 研究有机物的组成结构。本研究通过设置室内培养试验,基 于 FTIR 分析猪场废水有机物在降解过程中的红外光谱特 性,研究废水中 DOM 的组成结构变化;此外,结合主成分 和红外二维相关等分析方法,试图揭示猪场废水中 DOM 组 成结构变化的过程机制。

1 实验部分

1.1 试验布置

经过调查,随机选择了江西省余江县五个代表性的规模 化猪场作为试验对象。于 2014 年 6 月,在各猪场废水排放口 采集 7 L 新鲜的猪场废水作为供试样品,冷藏后并于 24 h内

收稿日期: 2015-07-02,修订日期: 2015-11-22

基金项目:国家自然科学基金项目(41171233)和公益性行业(农业)科研专项项目(201203050)资助

作者简介:李 磊,1989年生,中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室博士研究生 e-mail: lilei@issas.ac.cn

^{*} 通讯联系人 e-mail: zhpli@issas. ac. cn

带回实验室。试验前,将预先冷藏的样品充分混匀,取 250 mL 废水若干份,分装进 500 mL 的聚乙烯瓶内,放入恒温培养室(28±2)℃,避光静置好气培养。分别在培养第 0,10, 20,30,40,50,60 天采样,每个处理 3 次重复,并将培养 0 天的样品视为初始样品。

1.2 样品制备与光谱测定

采用手提式吸引器对废水样品进行抽滤,过 0.7 μ m GF/F 滤膜(Whatman);量取等体积滤液于 50 mL 清洁的聚 乙烯瓶,并置于-20 ℃低温冷冻后,采用干燥器(LABCON-CO)于-75 ℃下对滤液进行冷冻干燥,得到 DOM 固体颗粒 样品。将约 2 mg 干燥的 DOM 固体样品与 200 mg 干燥的溴 化钾(KBr,光谱纯)混匀磨细,采用压片机制薄片,并以纯 KBr 为空白。运用傅里叶红外光谱仪(Nicolet iS10)进行红外光谱测定,波数采集范围为4 000~400 cm⁻¹,扫描次数 32,分辨率为4 cm⁻¹,采集样品光谱透射率数据。由于重复样品 间误差较小,光谱数据分析中采用各处理平均值。

1.3 数据处理

将样品透射率数据转换为吸光度后,进行基线自动校

正。为提高样品间红外光谱的可比性,采用极差标准归一化 方法对光谱数据进行处理^[5]。根据峰面积计算方法^[6],利用 OMNIC 9 软件对样品谱图进行峰面积计算,利用 Excel 2003 对数据进行整理,并采用 SPSS 20 对光谱数据进行方差分析 (*p*<0.05)。基于 UnscramblerR 9.4 对光谱数据进行主成分 分析,利用 2D shige 软件进行红外二维相关分析。所有图的 绘制均采用 Origin 9.1 完成。

2 结果与讨论

2.1 猪场废水中 DOM 的组成结构特征

在样品红外谱图中,特征吸收峰集中在4000~900 cm⁻¹范围内,因此选定该范围内的红外谱图分析废水中 DOM 的组成结构特征。结果表明,在相同的培养天数,样品 红外谱图吸收峰大体一致,表明不同猪场来源的废水中 DOM 有着类似的组成结构。图1为各培养时期五个猪场废水 DOM 红外谱图的平均值。根据文献资料,对供试样品红外谱图中的 主要特征吸收峰及其所代表的有机物质进行归属(表1)。

	表 1 猪场废水样品红外吸收峰的归属
Table 1	The assignment of infrared absorbance peaks in piggery wastewater

峰(No.)	峰归属	波数/ cm^{-1}	化合物来源
1	糖类 C—OH	3 570~3 050	多糖类、纤维素[6-7]
2	亚甲基 CH ₂ 反对称	2925 ± 5	脂肪和脂质类
3	脂肪族 COOH	$2\ 700 \sim 2\ 500$	脂肪酸
4	酰胺羰基 C——O	1 664	氨基化合物或蛋白质[8]
5	酚羟基 C—O	1 400	酚类化合物[8]
6	芳香族 COOH	$1\ 280 \sim 1\ 150$	富里酸
7	糖类 C—O	$1\ 100\!\sim\!1\ 000$	多糖类
8	芳香酸脂 C—O—C	$1\ 050 \sim 1\ 000$	腐殖酸

峰 1(3 437 和 3 190 cm⁻¹)表征糖类 C—OH 伸缩振动。 由于两波数官能团归属一致,故将其指定为一个峰。峰 2 (2 931 cm⁻¹)表征脂肪族亚甲基 CH₂ 反对称伸缩振动,峰 3 (2 560 cm⁻¹)表征脂肪族 COOH 伸缩振动,峰 4(1 664 cm⁻¹)表征酰胺羰基 C—O 伸缩振动,峰 5(1 399 cm⁻¹)表 征酚类羟基 C—O 伸缩振动,峰 6(1 274 cm⁻¹)表征芳香族 COOH 伸缩振动,峰 7(1 108 cm⁻¹)表征糖类 C—O 伸缩振 动,峰 8(1 010 cm⁻¹)表征芳香酸脂 C—O—C 伸缩振动。可 见,废水中 DOM 主要由蛋白质、腐殖酸、酚类、脂质类及多 糖类等化合物组成,与前人研究相一致。

与培养 0~10 天相比, 培养 20 天的样品 谱图中峰 1 由 培养初期的双峰逐渐变成单峰。由于糖类化合物中存在多个 羟基,因此在 3 570~3 050 cm⁻¹内常会出现多个 OH 伸缩振 动吸收峰^[6]。在果胶多糖的红外谱图中, 3 600~2 400 cm⁻¹ 出现的宽峰与分子内或分子间 OH 伸缩振动有关。通常, 3 460 cm⁻¹左右的红外吸收峰归属于纤维素中的 O(2)H…O (6)分子内氢键缔合的羟基, 3 310~3 230 cm⁻¹的红外吸收 峰为纤维素中的 O(6)H…O(3)分子间氢键缔合的羟基^[7]。 源于饲料的组成成分, 猪粪中存在大量的纤维素和半纤维素



 $(4\ 000 \sim 900\ \mathrm{cm}^{-1})$



等物质。随着培养天数的增加,3000~900 cm⁻¹波数范围各 吸收峰的相对强度也呈现明显的变化。与初始样品相比,培 养60天的废水中峰6和7吸收峰强度有所增加,而峰4和5 的吸收峰强度有所降低。可见,不同的 DOM 组分结构在有 机降解过程中的变化存在一定差异。

2.2 猪场废水中 DOM 各组分相对含量变化

采用 OMNIC 软件计算出废水红外 谱图(4 000~900 cm⁻¹)中各主要吸收峰的峰面积,求出特定吸收峰面积占该 范围内所有红外吸收峰面积和的比值,并用这一比值来表征 DOM 各组分的相对含量。表 2 中峰面积比值为同一培养时 期五个猪场废水样品各吸收峰面积的平均值。结果表明,培 养初期,废水中以峰 1(糖类 C—OH)的相对含量最大为 47.6%,其次是峰4(酰胺羰基 C—O)23.9%和峰5(酚羟基 C—O)13.3%;其余峰所占比例依次为峰 2(亚甲基 CH₂) 1.2%,峰 3(脂肪族 COOH)5.7%,峰 6(芳香族 COOH) 2.3%,峰7(糖类C-O)3.4%和峰8(芳香酸脂C-O-C) 2.6%。

与初始样品相比,培养 60 天后的废水中亚甲基 CH₂ 和 酰胺羰基 C=O 相对含量分别降低了 66.7%和 44.8%(p< 0.05),而芳香族 COOH 和糖类 C-O 相对含量分别增加了 178.2%和 158.8%(p<0.05)。可见,培养过程中,废水中 脂质类和蛋白质组分比例显著降低,而腐殖酸和多糖类组分 含量显著增加。通常,与芳香族组分相比,脂肪族和蛋白质 等有机物相对更容易被微生物所分解利用。随着有机肥的腐 解,水溶性有机物中脂肪族化合物和酰胺类化合物比例逐渐 降低,而有机酸比例不断增加^[9]。此外,猪粪堆肥的腐殖化 程度不断提高,其主要表现为猪粪中脂质类和酚羟基比例逐 渐降低,而芳香结构逐渐增加^[8]。可见,随着有机物的分解, 废水中 DOM 腐殖化程度呈逐渐增加的趋势。

表 2 废水中 DOM 各官能团平均相对含量/% Table 2 The mean percent of functional groups of DOM in piggery wastewater/%

培养天数	峰 1	峰 2	峰 3	峰 4	峰 5	峰 6	峰 7	峰 8
0	47.6 \pm 6.7 bc	1.2 ± 1.0 a	5.7 \pm 2.8 ab	23.9 \pm 2.3 a	13.3 \pm 5.3 ab	2.3±1.6 b	3.4 \pm 2.5 b	2.6 \pm 1.1 ns
10	42.9 \pm 2.5 c	0.5 \pm 0.2 b	8.2 \pm 0.8 a	23.6 \pm 2.9 a	16.7 \pm 2.8 a	$1.5\pm1.8~\mathrm{b}$	3.7 \pm 2.3 b	3.1 \pm 0.5 ns
20	57.8 \pm 4.4 ab	0.8 \pm 0.3 ab	2.2 \pm 1.9 bc	$9.8\!\pm\!5.5$ b	9.9 \pm 5.2 ab	9.3±8.4 a	4.9 \pm 3.9 ab	5.4 \pm 5.1 ns
30	64.7 \pm 3.6 a	0.4 \pm 0.3 b	0.5 \pm 0.7 c	7.6 \pm 2.9 b	9.9 \pm 4.7 ab	10.1±3.2 a	4.1±2.5 ab	2.6 \pm 2.7 ns
40	62.1 \pm 7.0 a	0.4±0.4 b	1.8 \pm 2.7 bc	9.3 \pm 5.8 b	11.7 \pm 5.8 ab	5.7 \pm 5.6 ab	6.4 \pm 3.3 ab	2.5 \pm 2.5 ns
50	56.5 \pm 11.5 ab	0.5 \pm 0.4 b	3.3 \pm 3.9 bc	12.8 \pm 5.9 b	9.2 \pm 2.5 b	6.7 \pm 5.0 ab	7.9 \pm 4.9 ab	3.1 \pm 2.5 ns
60	54.9 \pm 11.5 ab	0.4±0.4 b	4.7 \pm 5.2 abc	13.2 \pm 7.6 b	9.4 \pm 5.8 b	6.4 \pm 3.7 ab	$8.8\!\pm\!3.8$ a	2.1 \pm 1.9 ns

注:同一列中标以不同小写字母的值表示在 0.05 水平上差异显著, ns 为不显著;误差计算采用五个猪场平均值

Note: Different lowercases within the same column indicate the significant at the level of p < 0.05, ns-no significant; the error was determined by the mean value of five pig farms

2.3 猪场废水红外谱图的主成分分析

主成分分析结果表明, PC1 和 PC2 轴分别解释了废水中 DOM 组成结构总变异的 57%和 21%[图 2(a)]。随着培养天 数的增加, 猪场废水样品沿着 PC2 轴形成了两个差异明显的 聚类类群(组1和组2)。其中,培养0~10天的样品主要分 布在PC2轴负端,而培养20~60天后的样品主要分布在 PC2轴正端,表明DOM组成结构在培养20天后发生较为明 显的变化。



图 2 废水样品红外谱图的主成分分析排序图(a)和载荷谱(b),误差计算采用五个猪场平均值;峰 4-酰胺羰基 C==O,峰 5-酚羟基 C=O,峰 6-芳香族 COOH,峰 7-糖类 C==O

Fig. 2 The ordination plot (a) and loading (b) of infrared spectrum of DOM in piggery wastewater, and the error was determined by the mean value of five pig farms; peak 4-amide C=O, peak 5-phnolic C-O, peak 6-aromatic COOH, and peak 7-carbohydrate C-O 与 PC1 轴相比, PC2 更好地解释了不同培养时期间 DOM 组成结构的差异性。其中,在 PC2 的正轴上存在两个 较为显著的红外吸收峰,分别为峰 6(芳香族 COOH)和峰 7 (多糖类 C—O); 而在 PC2 的负轴上也存在有两个较为明显 的红外吸收峰,分别为峰 4(酰胺羰基 C—O)和峰 5(酚羟基 C—O)[图 2(b)]。可见,在培养 0~10 天,废水中 DOM 以 蛋白质和酚类化合物为主,而培养 20 天后以腐殖酸和多糖 类为主。研究发现,在猪粪堆肥的前 30 天内有机物降解过程 较为迅速,而堆肥至 50 天后,猪粪中 DOM 组成结构开始趋 于稳定,并伴随着大量稳定芳香族组分的合成。可见,随着 培养天数的增加,废水中 DOM 组成结构逐渐趋于稳定。

2.4 猪场废水二维红外相关光谱分析

利用二维相关分析软件,分段研究了4000~3000和 3000~900 cm⁻¹范围内猪场废水中 DOM 红外光谱的二维 相关性。其中,二维同步谱图关于对角线对称,位于对角线 的峰为自相关峰,位于对角线两侧的为交叉峰。

在 4 000~3 000 cm⁻¹的同步谱图中,3 190 和 3 437 cm⁻¹ 波数处分别产生较明显的自相关峰,且 3 190 cm⁻¹ 波数 处的峰强度更大 [图 3(a)]。根据二维相关谱图的解读规则^[11],与纤维素中的 O(2)H…O(6)分子内氢键缔合的羟基 相比,纤维素中的 O(6)H…O(3)分子间氢键缔合的羟基降 解速率较快,这可能与分子间氢键缔合羟基的能量较低有 关。此外,在 4 000~3 000 cm⁻¹的同步谱图中还存在一个负 交叉峰(3 437,3 190 cm⁻¹),即二者间光谱强度存在相反的 变化趋势。在 4 000~3 000 cm⁻¹的异步谱图中,存在一个明 显的负交叉峰(3 437,3 190 cm⁻¹)[图 3(b)],表明微生物倾 向于优先降解纤维素分子内氢键缔合的羟基。



图 3 废水样品二维相关红外光谱

(a)和(b)分别为4000~3000 cm⁻¹的同步谱图和异步谱图;(c)和(d)分别为3000~900 cm⁻¹的同步谱图和异步谱图 随着颜色的加深,峰相关性强度逐渐增加

Fig. 3 Two-dimensional infrared correlation spectroscopy of DOM in piggery wastewater

(a) \sim (b) represent the synchronous and asynchronous spectra within the range of 4 000 \sim 3 000 cm⁻¹, and (c) \sim (d) represent the synchronous and asynchronous spectra within the range of 3 000 \sim 900 cm⁻¹; correlative peaks increased with the color darkened

在 3 000~900 cm⁻¹的同步谱图中, 1 664, 1 399, 1 274, 1 108 cm⁻¹等处产生较为明显的自相关峰[图 3(c)];且在 1 399 cm⁻¹峰强度最大,之后分别是 1 274, 1 108 和 1 664 cm⁻¹,即在 DOM 在降解过程中,酚羟基 C—O 峰强度的变 化速率最快,随后是芳香族 COOH、糖类 C—O 和酰胺羰基 C=O。可见,与富里酸、蛋白质和多糖类相比,酚类有机物的降解速率相对更快。此外 3 000~900 cm⁻¹的同步谱图中还有三个正交叉峰(1 399,2 931),(1 399,1 664)和(1 108,1 274 cm⁻¹),及八个负交叉峰(1 274,2 931),(1 274,2 560),(1 274,1 664),(1 274,1 399),(1 108,

2 931),(1 108,2 560),(1 108,1 664)和(1 108,1 399 cm⁻¹)。结果表明,酚类化合物分别与脂质类、蛋白质组分 在降解过程中存在协同作用,而多糖类和富里酸间存在协同 作用;富里酸、多糖类组分分别与脂质类、蛋白质、酚类化 合物等光谱强度的变化趋势相反。研究发现,厌氧发酵在增 加污泥中多糖类官能团强度的同时,降低了氨基酸和脂肪族 官能团红外吸收的强度^[9,12]。在3000~900 cm⁻¹异步谱图 的左上方,共出现五个正交叉峰(1 664,1 399),(1 664, 1 274),(1 664,1 108),(1 399,1 274),(1 399,1 108 cm⁻¹),以及一个负交叉峰(1 274,1 108 cm⁻¹)[图 3(d)]。 结果表明,废水中 DOM 官能团光谱强度变化的先后顺序依 次为:1 108>1 274>1 664>1 399 cm⁻¹,即多糖类>富里 酸>蛋白质>酚类化合物。可见,作为微生物活动主要的碳 源和能量来源,废水中多糖类组分优先被分解利用。

3 结 论

猪场废水中有机物的组成结构随其降解过程而发生显著 变化。猪场废水中 DOM 主要由蛋白质、脂质类、腐殖酸、酚 类和多糖类等有机物组成。由于微生物的降解,废水中与脂 质类和蛋白质组分相关的官能团含量逐渐降低并趋于稳定, 而与多糖类和芳香族组分相关的官能团显著增加直至平稳。 与纤维素分子向氢键缔合的羟基相比,微生物倾向于优先降 解纤维素分子内氢键缔合的羟基,但以前者的降解速率更 快;此外,废水中 DOM 以多糖类组分对降解过程的响应最 为敏感,而以酚类有机物的降解速率最快。可见,猪场废水 中 DOM 组成结构的变化不仅受到物质自身特性等因素的影 响,而且还可能与微生物的选择性降解有关。

References

- [1] ZHOU Zhi-gao, LI Zhong-pei, HE Yuan-qiu, et al(周志高,李忠佩,何园球,等). Acte Pedologica Sinica(土壤学报), 2013, 50(4): 703.
- [2] Leenheer J A, Croué J P. Environmental Science & Technology, 2003, 37(1): 18A.
- [3] Fridrich B, Krcmar D, Dalmacija B, et al. Agricultural Water Management, 2014, 135: 40.
- [4] Boursier H, Béline F, Paul E. Bioresource Technology, 2005, 96: 351.
- [5] LU Wan-zhen, YUAN Hong-fu, CHU Xiao-li(陆婉珍, 袁洪福, 褚小立). Near-Infrared Spectroscopy Instruments(近红外光谱仪器). Beijing: Chemical Industry Press(北京: 化学工业出版社), 2010.
- [6] WENG Shi-fu(翁诗甫). Fourier Transform Infrared Spectroscopy(傅里叶变换红外光谱分析). Beijing: Chemical Industry Press(北京: 化学工业出版社), 2010.
- [7] Hinterstoisser B, Salmen L. Vibrational Spectroscopy, 2000, 22: 111.
- [8] Guo X J, He X S, Zhang H, et al. Microchemical Journal, 2012, 102: 115.
- [9] Li X W, Dai X H, Takahashi J, et al. Bioresource Technologe, 2014, 159: 412.
- [10] Hsu J H, Lo S L. Water Science and Technology, 1999, 40(1): 121.
- [11] Kokot S, Czarnik-Matusewicz B, Ozaki Y. Biopolymers, 2002, 67(6): 456.
- [12] Cuetos M J, Gómez X, Otero M, et al. Biodegradation, 2010, 21(4): 543.

Structural Analysis of Organic Matter Composition in Piggery Wastewater during the Process of Organic Degradation Based on FTIR Spectroscopy

- LI Lei^{1, 2}, LI Zhong-pei^{1, 2}*, LIU Ming¹, WU Meng¹, MA Xiao-yan^{1, 2}, TANG Xiao-xue^{1, 2}
- State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China
- 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract More and more attentions were paid on the environmental pollutions of wastewater discharged from scale pig farms, and it could provide scientific bases for formulating reasonable pollution control measures to study the structural changes of organic matter composition in piggery wastewater. In the present study, a laboratory-scale incubation experiment was carried out with piggery wastewater collected from different scale pig farms, and a continuous sampling was conducted at a certain interval during the process of incubation experiment. The main purpose of this study was to elucidate the change of structural composition of dissolved organic matter (DOM) in piggery wastewater during the process of organic degradation. All dried and solid DOM samples were achieved using filtration and freeze-drying methods. Spectral analysis of all DOM samples was completed with the application of Fourier transform infrared (FTIR) spectrometer. Results of spectral analysis showed a similar DOM structural composition was observed in the wastewater derived from different scale pig farms, and was mainly comprised of lip-

ids, proteins, fulvic acids, polysaccharides, and phenolic compounds. With the increase in the incubation days, the percent of functional groups, related to proteins, phenolic acids, and lipids, decreased gradually and kept stable eventually, while these functional groups, linked with fulvic acids and polysaccharides, showed a significant increase and leveled off at the end. Compared with primary samples, fulvic acids and polysaccharides were the predominant fractions of DOM at 20 days after organic degradation, indicating a higher aromatic degree of DOM. Meanwhile, the degradation rate of OH bonded by intermolecular H-bond of cellulose was faster than OH bonded by intra-molecular H-bond of cellulose, whereas the latter was more sensitive to microbial degradation. The degradation rate of phenolic hydroxyl C—O was the fastest, followed by aromatic COOH, carbohydrate C—O, and amide C==O. Furthermore, the carbohydrate C—O was apt to be utilized preferentially by microorganisms. In sum, the structural change of various DOM in piggery wastewater was different during the process of organic degradation.

Keywords Scale pig farm; Wastewater; Dissolved organic matter; Structural composition; Fourier Transform Infrared Spectroscopy (FTIR)

(Received Jul. 2, 2015; accepted Nov. 22, 2015)

* Corresponding author