

شناسایی و بررسی خصوصیات آنزیمی برخی قارچ های بومی جداسازی شده از فرآیند تولید کمپوست

Identification and characterization of enzymatic activities of some native fungi isolated from composting process

هلن پورمظاهری^۱، زهرا رسولی^۲، ابراهیم کریمی^۳، غلامرضا صالحی جوزانی^{۴*}، میثم طباطبایی^۵، رضا معالی امیری^۶، مریم موسیوند^۷

۱-۶- کارشناس ارشد و دانشیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

۲- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه شاهد

۳،۴،۵- استادیاران پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

Pourmazaheri H¹, Rasouli Z², Karimi E³, Salehi Jouzani G^{4*}, Tabatabaei M⁵, Maali-Amiri R⁶, Mousivand M⁷

1,6. MSc Student and Associate Professor, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran

2. MSc Student, College of Agriculture, Shahed University

3,4,5,7. Assistant Professors, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII)

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: gsalehi@abrii.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۱/۱/۱۹ - تاریخ پذیرش: ۹۱/۳/۲۳)

چکیده

یکی از مهمترین عوامل مؤثر در فرآیند تولید کمپوست از پسماندهای کشاورزی و شهری، ریزسازواریهای موجود در پسماند و فرایند کمپوست می باشند. لذا شناسایی این ریزسازواریهای مفید می تواند نقش قابل توجهی در بهبود و غنی سازی کمپوست حاصل ایفا نماید که در این بین، قارچها اثر مؤثرتری در تجزیه مواد آلی بستر دارا هستند. لذا در تحقیق حاضر به منظور جداسازی و شناسایی سویه های مهم قارچی تجزیه کننده ترکیبات آلی، از فرایند تولید کمپوست در کارخانه کمپوست اصفهان نمونه برداری صورت گرفته و عوامل قارچی به صورت تک اسپور و به روش سری رقت جداسازی و خالص سازی شدند. جدایه های بدست آمده از نظر فعالیت آنزیمی سلولاز، زایلاناز، لیپاز، آمیلاز و پروتئاز به روش های کیفی و کمی بررسی شدند. جدایه های بدست آمده از نظر فعالیت آنزیمی بسیار متنوع بودند. علاوه بر این، در بخش مطالعات مولکولی و جهت شناسایی جدایه ها، واکنش زنجیره ای پلیمرز با استفاده از آغازگر M13F و M13R جهت تکثیر قطعه ۱۱۰۰bp ژن 18SrDNA و در نهایت توالی یابی آنها انجام شد. نتایج توالی و بلاست براساس ژن 18SrDNA و مطالعات فیلوژنیک نشان داد که سه سویه بدست آمده متعلق به جنس و گونه *Aspergillus fumigatus* می باشند که بطور معمول در فرایند کمپوست وجود دارند. با توجه به اینکه ضایعات جامد شهری کشور بطور معمول غنی از ترکیبات سلولزی، لیگنوسولوزی، چربی، نشاسته ای و پروتئینی هستند و این سه سویه دارای توانایی بالای تولید آنزیم های تجزیه کننده مواد مذکور هستند، امکان تولید و استفاده از این سویه ها به عنوان عامل تسریع کننده فرایند تولید کمپوست (بوستر میکروبی) وجود دارد.

واژه های کلیدی

شناسایی مولکولی،
فعالیت آنزیمی،
قارچ،
کارایی کمپوست

مقدمه

تولیدی مدنظر قرار گرفته است (Hogg et al. 2002; Hargreaves et al. 2008). لذا تلاش در جهت بهبود کیفیت و غنی سازی کمپوست تولیدی از ضایعات شهری و همچنین تعیین کارایی آن می تواند نقشی اساسی در گسترش تولید این محصول باارزش و در نتیجه کاهش میزان خسارات زیست محیطی داشته باشد. از سال ها پیش تحقیقات گسترده ای در جهان در جهت جداسازی و شناسایی ریزسازواره ها انجام شده و بدین منظور از روش های مختلفی استفاده شده است. از آن جمله می توان به استفاده از محیط های کشت اختصاصی⁴ و انتخابگر⁵، خصوصیات بیوشیمیایی و مورفولوژیک مثل قدرت تجزیه فسفولپید اسیدهای چرب و یا تجزیه ترکیبات سلولزی و ... اشاره نمود (Forsyth et al. 1948). بررسی ها نشان داده که در روش کشت میکروبی تنها بخشی از تنوع میکروبی در تجزیه ها وارد شده و بخش اعظمی از جامعه میکروبی از دست می رود و به تبع آن نیز نتایج حاصله نمی تواند تصویر جامعی از آنچه در محیط مورد بررسی رخ می دهد، به حساب آید (Rappe et al. 2003). از دهه ۹۰ به بعد با گسترش روش های مولکولی بر پایه توالی های DNA، راهکارهای جدیدی در شناسایی عوامل میکروبی موثر در فرآیند تولید کمپوست به وجود آمد که از آنها می توان به نشانگرهای مولکولی مختلف مثل RAPD⁶، ARDRA (Singh et al. 2011 b)، SSCP (Loisel et al. 2006)، T-RFLP (Tiquia et al. 2004)، ITS (Caroline et al. 2009)، 18SrDNA¹¹ و 16SrDNA¹² (Fredricks et al. 2005) اشاره نمود. نمود که در قارچ ها ژن 18SrDNA بیشترین فراوانی را جهت شناسایی مولکولی به خود اختصاص داده است. بهینه سازی عوامل دخیل در فرآیند تولید کمپوست در افزایش کیفیت و کارایی آن نقش اساسی دارند، بطوریکه نوع مواد زاید مورد استفاده، هوادهی و مدت زمان به طول کشیدن بلوغ و رسیدن کمپوست از عواملی هستند که در تحقیقات محققین در

رشد بی رویه جمعیت به ویژه در مناطق شهری و پیدایش کلان شهرها، تمرکز جمعیتی و موج مصرف گرایی همگام با پیشرفت تکنولوژی موجب تولید طیف وسیعی از ضایعات جامد شهری¹ متنوع شده است به طوری که آهنگ رشد آن در همه کشورها از جمله کشور ایران به طور چشمگیری در حال افزایش است. بطور مسلم این روند، نتیجه غیر قابل اجتناب توسعه بوده و موجب مصرف بی رویه منابع طبیعی و خروج میلیون ها تن مواد از چرخه مصرف خواهد شد. بنابراین امروزه در مدیریت ضایعات جامد شهری همگام با رخدادهای بزرگ فرایند های علمی صنعتی، تحولات چشمگیری ایجاد شده است. یکی از روش های موثر در مدیریت و خنثی کردن آثار نامطلوب ضایعات جامد کشاورزی و شهری، تبدیل آنها به کمپوست² است (Wolkowski 2003). این پدیده به عنوان یکی از مهمترین فرآیندهای تبدیل مواد زائد به محصول آلی و ثابت محسوب شده که به طور مستقیم مورد استفاده گیاه بوده و می تواند خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک را نیز بهبود بخشند (Adams and Frostick 2008) و مزیت هایی چون کاهش حجم و افزایش محتوای مواد آلی را داراست (Soumare et al. 2003). فرایند تولید کمپوست فرآیند زیستی است که در آن ریزسازواره ها مخصوصا قارچ ها، کلیدی ترین نقش را در پیشبرد و سرعت بخشیدن به آن بر عهده دارند. هرچه قارچ ها و باکتری های موجود از قدرت تجزیه کنندگی³ قوی تری برخوردار باشند، مدت زمان فرآیند کوتاه تر شده که از لحاظ اقتصادی حائز اهمیت است (Ryckeboer et al. 2003). کمپوست تهیه شده از ضایعات جامد شهری با استفاده از روش های معمول، به دلیل دارا بودن کیفیت پایین، وجود فلزات سنگین و عوامل بیماریزای انسانی و گیاهی، ایجاد اثرات سوء زیست محیطی، پرهزینه بودن سیستم آن، سختی و زمان بر بودن آن همواره مورد بحث و تردید بوده به طوری که در کشورهای نظیر آلمان، هلند، اتریش، سوئیس و فرانسه به عنوان پیشگامان صنعت کمپوست سازی، بررسی راهکارهای جدید و افزایش کیفیت کمپوست

⁴ Culture

⁵ Selective Culture

⁶ Random Amplified Polymorphic DNA

⁷ Amplified rDNA Restriction Analysis

⁸ Single Strand Conformation Polymorphism

⁹ Terminal-Restriction Fragment Length Polymorphism

¹⁰ Internal Transcribed Space

¹¹ 18S ribosome DNA

¹² 16S ribosome DNA

¹ Municipal solid waste

² Compost

³ Degradation ability

بودن^۴ ایجاد شده توسط اضافه کردن محیط قبلی به محیط جدید که ناشی از ذرات خاک بوده از بین رفته و محیط جدید در اثر رشد ریزسازواره ها کدر شود (Rastogie et al. 2010). از آخرین محیط کشت فرآیند غنی سازی، رقت های مختلف تهیه کرده و رقت مناسبی از هریک از این محیط ها به صورت خالص روی محیط کشت جامد (آگار دار) همان ماده کشت داده شد. جدایه های مختلف تجزیه کننده هر یک از مواد را بر اساس اختلاف در نرخ رشد و اندازه کلنی، قارچ ها را جداسازی کرده و کلنی های منحصر ایجاد شده بر محیط های کامل آگار غذایی^۵ خالص سازی شده در نهایت با کشت مجدد هر یک از سویه های خالص شده در محیط پایه مایع، هر یک از مواد توانایی رشد هر یک از این قارچ ها ثابت شد. این جدایه ها در بانک ژن پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی ایران جهت نگهداری طولانی مدت و ادامه مطالعات ذخیره شدند.

اندازه گیری و مقایسه توانایی تجزیه کنندگی قارچ های مربوط به هر یک از پلیمرها پس از جداسازی قارچ ها، توانایی تجزیه کنندگی و فعالیت آنزیمی آنها مورد بررسی قرار گرفت. بدین منظور مقایسه سویه ها شامل مقایسه نسبی سویه ها از نظر تولید آنزیم بر روی محیط های کشت جامد ویژه انجام شد (Castaldi et al. 2008).

آزمون تولید پروتئاز

برای بررسی این آنزیم ابتدا محیط کشت SMA^۶ شامل ۵ گرم پودر شیر، ۵ گرم عصاره مخمر و ۱۷/۵ گرم آگار تهیه گردید و تحت دمای ۱۲۱ درجه سانتی گراد و فشار ۱/۵ اتمسفر به مدت ۲۰ دقیقه اتوکلاو شد. پتری دیش های حاوی محیط کشت SMA توسط سویه های قارچی تلقیح و به مدت ۴۸ ساعت در دمای ۴۲ درجه برای مزوفیل ها نگهداری شدند. تشکیل هاله بی رنگ در اطراف کلنی در طول این مدت نشانه فعالیت پروتئازی نژادها است (Maurhofer et al. 1995). همچنین سویه ها با استفاده از کیت EnzChek Ultra (Invitrogen Corporation, USA)

سطح بین المللی بسیار مورد توجه بوده است (Hargreaves et al. 2008). با توجه به مشکلات موجود در تولید کمپوست در کشور از قبیل طولانی بودن زمان فرآیند تولید کمپوست و در نتیجه اقتصادی نبودن آن، هدف اصلی تحقیق حاضر جداسازی و شناسایی عوامل قارچی سازگار و دارای توانایی بالا در تولید آنزیم های موثر سلولاز، زایلاناز، پروتئاز و آمیلاز در تجزیه ترکیبات آلی موجود در کمپوست، به منظور استفاده های آتی از آنها در تسریع فرآیند تولید کمپوست بوده است.

مواد و روش ها

جدا سازی و خالص سازی سویه های قارچی

جهت جداسازی سویه های قارچی تجزیه کننده مواد آلی کمپوست، نمونه برداری از فرآیند تولید کمپوست در کارخانه تولید کمپوست اصفهان صورت پذیرفت و جدا سازی به روش تهیه سری رقت طبق مراحل زیر استفاده شد (Rastogie et al. 2010). در استخراج عوامل قارچی از ذرات کمپوست ابتدا نمونه های مختلف کمپوست الک شده تا فاقد هرگونه سنگ، چوب و ... شود. سپس ۱۰۰ گرم از مخلوط کمپوستی را به ۵۰۰ میلی لیتر محلول سالین^۱ افزوده و به مدت ۳ ساعت بر روی شیکر مخلوط شد. پس از نشست فاز جامد، از فاز مایع رویی، در تلقیح محیط های کشت استفاده شد (Rastogie et al. 2010). سپس به منظور غنی سازی ریزسازواره های تجزیه کننده، مقدار ۱۰ میلی لیتر از عصاره فوق به ۱۰۰ میلی لیتر محیط های کشت مختلف (پایه سلولز، زایلن، نشاسته، پروتئین و چربی) اضافه شد. محیط های فوق را به مدت یک هفته درون انکوباتور شیکردار با سرعت ۱۴۰ دور در دقیقه و محدوده دمایی ۴۲ درجه سانتی گراد (به منظور جداسازی قارچ های مزوفیل^۲ تجزیه کننده) تیمار کرده، پس از آن آن پنج میلی لیتر از هر کدام از محیط ها به ۱۰۰ میلی لیتر محیط کشت جدید همان ماده اضافه شد و مجدداً تحت شرایط قبلی و پس از یک هفته گرمخانه گذاری^۳، یک میلی لیتر آن به محیط جدید منتقل شد. این کار، چندین بار تکرار شده تا حالت کدر

⁴ Turbidity

⁵ Nutrient agar

⁶ Skim milk agar

¹ Salin solution

² Mesophile

³ Ancubate

لوگول^۴ (ید در یدور پتاسیم) در صورتی که قارچ نشاسته را هیدرولیز کرده باشد هاله بی رنگی در اطراف محل رشد ایجاد می شود. جهت تهیه محلول لوگول، ۲ گرم یدور پتاسیم، یک گرم ید و ۳۰۰ میلی لیتر آب مقطر را مخلوط کرده و این محلول را چند ساعت نگه می داریم تا به خوبی حل شود (Song et al. 2011). همچنین سویه ها با استفاده از کیت (Invitrogen EnzChek Ultra Amylase Assay Kit Corporation, USA) طبق دستورالعمل مربوطه، مورد ارزیابی کمی قرار گرفتند.

آزمون تولید زایلاناز

به منظور ردیابی جدایه های قارچی مولد آنزیم زایلاناز از محیط کشت XC^۵ استفاده شد. جدایه ها بر روی محیط کشت مذکور کشت شده و به مدت ۴۸ ساعت در دمای ۴۲ درجه برای مزوفیل ها انکوبه شدند. مشاهده هاله روشن در اطراف محیط کشت مؤید مثبت بودن آزمون خواهد بود (Khianngam et al. 2009). همچنین سویه ها با استفاده از کیت EnzChek Ultra Xylinase Assay Kit (Invitrogen Corporation, USA) طبق دستورالعمل مربوطه، مورد ارزیابی کمی قرار گرفتند.

شناسایی مولکولی قارچ ها

قارچ ها پس از آنگیری از ریشه های قارچ در دستگاه لیوفلازیر با استفاده از روش CTAB استخراج شدند. جهت بررسی کیفیت نمونه های استخراج شده DNA، از ژل آگارز یک درصد الکتروفورز استفاده شد. دی ان ای هایی با الگوی نوادهدی پرننگ جهت انجام آزمایشات انتخاب شدند. از دستگاه نانودراپ نیز جهت بررسی کمیت DNA استفاده شد (Velegrak et al. 1999). واکنش زنجیره ای پلیمرز با استفاده از آغازگرهای 5'-M13F (3'-TAAAACGACGGCCAG-5' و 5'-M13R (3'-CAGGAAACAGCTATGAC-3') قارچ ها و به کمک دستگاه ترموسایکلر Bio-Rad در ۴۰ چرخه با اندکی تغییرات انجام شد (Singh et al. 2011a). محصول PCR بر روی ژل آگارز یک درصد مشاهده و تجزیه شد. نمونه های تکثیر شده DNA به مرکز توالی یابی SeqLab آلمان ارسال شده و به منظور شناسایی گونه ها و تهیه دندروگرام، از نرم افزارهای Chromas، Bioedit، DNASTAR، Blast و MEGA5 استفاده شد.

Protease Assay Kit طبق دستورالعمل مربوطه، مورد ارزیابی کمی قرار گرفتند.

آزمون تولید سلولاز

در بررسی فعالیت این آنزیم ابتدا محیط کشت شامل ۲/۵ گرم کربوکسی متیل سلولز^۱ (CMC)، ۰/۴ گرم کربنات پتاسیم، ۰/۰۲ گرم کلرید کلسیم، ۰/۰۲ گرم سولفات آهن، ۰/۰۲ گرم کلرید سدیم و ۱۵ گرم آگار در یک لیتر آب دیونیزه تهیه و تحت شرایط فوق الذکر اتوکلاو شد. پتری دیش های حاوی این محیط کشت توسط نژادهای قارچی تلقیح و به مدت یک هفته در دمای ۴۲ درجه برای مزوفیل ها نگهداری شدند. پس از این مدت، پتری دیش ها با استفاده از معرف کنگو قرمز^۲ (۰/۰۱ گرم در ۱۰۰ میلی لیتر آب دیونیزه) آغشته شده و به مدت ۲۰ دقیقه رها شدند و سپس با کلرید سدیم یک نرمال، کنگو قرمز را شسته و تولید هاله روشن بررسی شد. تشکیل هاله بی رنگ در اطراف کلنی در طول این مدت نشانه تولید سلولاز توسط نژادهای قارچی است (Majidi et al. 2011). همچنین سویه ها با استفاده از کیت EnzChek Ultra Cellulase Assay Kit (Invitrogen Corporation, USA) طبق دستورالعمل مربوطه، مورد ارزیابی کمی قرار گرفتند.

آزمون تولید لیپاز

محیطی شامل ۱۰ گرم پیتون، ۵ گرم کلرور سدیم، ۰/۱ گرم کلرور کلسیم، ۱۵ گرم آگار و یک لیتر آب تهیه شد. ۱۰ سی سی توین^۳ ۸۰ جداگانه اتوکلاو شده و به محیط درحال سرد شدن افزوده شد. پس از اختلاط کامل محیط در پتری، قارچ به صورت خطی کشت داده شد و پس از چند روز هاله رسوبی در اطراف محل رشد قارچ مورد بررسی قرار گرفت که نشان دهنده هیدرولیز شدن توین است (Raymond and Crisan 1975).

آزمون تولید آمیلاز

به محیط کشت آگار غذایی ۰/۲ درصد نشاسته محلول افزوده و پس از اتوکلاو به پتری منتقل شد و قارچ به صورت خطی بر روی آن کشت داده شد. پس از چند روز با افزودن محلول

^۱ Carboxyl methyl cellulose

^۲ Congo red

^۳ Tween

^۴ Logol

^۵ XC medium

نتایج و بحث

سه سویه قارچی با نام های ABRII12، ABRII13 و ABRII14 از فرآیند تولید کمپوست جداسازی شدند که دارای دمای بهینه ۳۷ درجه سانتیگراد، اسیدیته بهینه ۵/۱ و همچنین مدت زمان بهینه رشد ۲۴ ساعت در محیط کشت عمومی^۱ PDB بودند بررسی کیفی و کمی فعالیت آنزیمی سه جدایه مذکور نشان داد که این سه سویه از نظر فعالیت آنزیمی سلولاز، زایلاناز، آمیلاز و پروتئاز متفاوت می باشند. اما هیچکدام از سویه ها فعالیت لیپازی نشان ندادند (شکل ۱ و جدول ۱ و ۲). ارزیابی های کمی نشان داد که در میان سویه ها، سویه ABRII13 و ABRII12 (۴/۲ واحد بر میلی لیتر) دارای بیشترین و کمترین فعالیت پروتئاز بودند. مقایسه کیفی سویه ها نشان داد که سویه ABRII14 قادر به تولید سلولاز بوده ولی در بررسی های کمی بین سویه های مورد مطالعه هیچ یک قادر به تولید سلولز بطور قابل ملاحظه نبودند. این سویه می تواند منابع سلولزی مانند چوب، ضایعات گیاهی تر و ... موجود در توده را تجزیه و فرآیند کمپوستینگ را تسریع نماید. به جز سویه ABRII12، سویه های ABRII13 و ABRII14 (۱۶۵ واحد بر میلی لیتر) توانستند آنزیم تجزیه کننده نشاسته را به میزان قابل توجهی تولید نمایند. این آنزیم نیز از کمک کننده های تجزیه منابع آلی به شمار رفته و در فرآیند کمپوستینگ می تواند نقش مهمی ایفا نماید. هر سه سویه قادر به تولید زایلاناز بودند که سویه ABRII12 و ABRII13 (۸۵/۵ میلی واحد بر میلی لیتر) دارای بیشترین میزان تولید نسبت به ABRII14 (۶۴ میلی واحد بر میلی لیتر) بوده و این سویه ها می توانند منابع سختی چون چوب موجود در ضایعات را تجزیه و کمپوستینگ را تسریع نمایند. این آنزیم نیز نقش شایان توجهی در طول فرآیند ایفا می کند (Savitha et al. 2007).

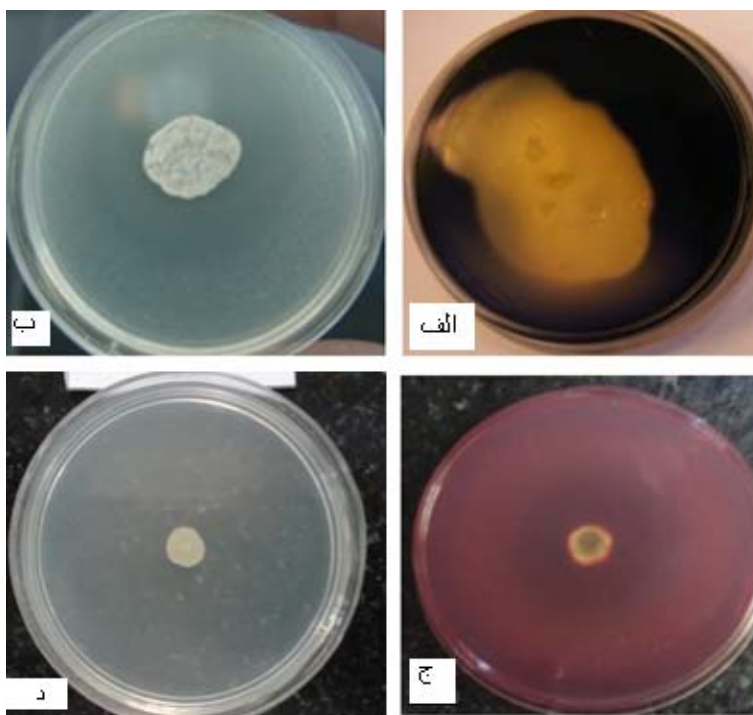
نتایج نشان داد که ABRII12 توانایی تجزیه پروتئین (۴/۱۵۶۷ Unit/ml) و زایلن (۸۵/۵ mUnit/ml)، ABRII13 قادر به تجزیه پروتئین (۴/۳۳۸۶ Unit/ml)، زایلن (۸۴/۹۹۶۷ mUnit/ml)، نشاسته (۱۶۴/۰۵۳۳ Unit/ml) و

ABRII14 پروتئین (۴/۵۸ Unit/ml)، زایلن (۶۴/۱۲۶۷ mUnit/ml)، نشاسته (۱۶۵/۷۸ Unit/ml) و سلولاز را به میزان کمی (۰/۰۷ mUnit/ml) دارد. سویه های قارچی مورد مطالعه بازه متفاوتی از فعالیت آنزیمی (پروتئاز، سلولاز، زایلاناز و آمیلاز) را بروز دادند که با بکارگیری آنها به عنوان مخلوط میکروبی به صورت مکمل و چند آنزیمی عمل کرده و کلیه سوبستراها را مورد تجزیه قرار می دهند که علاوه بر کاهش مدت زمان انجام فرآیند کمپوستینگ می توان ضایعات موجود در بستر پسماندها را به خوبی تجزیه نمود و سبب افزایش کیفیت کمپوست حاصله شد (Rhodes 2006; Raut et al. 2008).

در این مطالعه سویه های قارچی دخیل در فرآیند کمپوستینگ ضایعات شهری با روش مولکولی مبتنی بر توالی های ریپوزومی شناسایی شدند. استفاده از این ژن ها در شناسایی توسط محققین مختلف گزارش شده است (Hatamoto et al. 2008; Tiquia 2005). پس از استخراج دی ان آ سویه های قارچی و الکتروفورز در ژل یک درصد آگارز نتایج به دست آمده در تایید کیفیت و استخراج مطلوب مورد بهره برداری قرار گرفت. سپس واکنش زنجیره ای پلیمرز با استفاده از محصولات حاصل از PCR بر روی ژل آگارز یک درصد شدند و نوارها مورد نظر با نشانگر اندازه ۱۰۰۰ bp، SMO323 شرکت فرمتاز مقایسه شد، قطعه ۱۱۰۰bp برای ژن 18SrDNA در همه سویه ها شناسایی شد (شکل ۲).

پس از توالی یابی قطعات و جدا نمودن^۲، سه سویه قارچی مشابه هم *Aspergillus fumigates* دیده شد که نتایج توالی یابی محصول PCR توالی 18SrDNA و مقایسه آن با توالی های موجود در NCBI^۳ با استفاده از موتور جستجوگر BLAST^۴ نشان داد که سویه های جداسازی شده با توانایی تولید آنزیم های متفاوت شباهت بسیار بالایی با توالی قارچ *Aspergillus fumigates* نشان دادند که نتایج حاصل از دندروگرام نیز موید همین مطلب بود اما بدلیل اینکه از نظر فعالیت آنزیمی متفاوت بودند، به عنوان سه جنس و گونه متفاوت که به طور معمول در

^۲ Align^۳ National center for biotechnology information^۴ Basic local alignment search tool^۱ Potato dextrose broth



شکل ۱- واکنش های مختلف به صورت تولید مثبت آنزیم ها که با سنجش کیفی در سویه ABR114 مورد ارزیابی قرار گرفتند: الف) فعالیت آمیلازی: با افزودن محلول لوگول در صورتی که قارچ نشاسته را هیدرولیز کرده باشد هاله بی رنگی در اطراف محل رشد ایجاد می شود. ب) فعالیت پروتئازی: تشکیل هاله بی رنگ در اطراف کلنی نشانه فعالیت پروتئازی سویه ها است. ج) فعالیت سلولازی: پس از آغشته نمودن محیط با معرف کنگو سپس با شستشو با کلرید سدیم یک نرمال، کنگو قرمز را شسته و تولید هاله بی رنگ در اطراف کلنی در طول این مدت نشانه تولید سلولاز توسط نژادهای قارچی است. د) فعالیت لیپازی: سویه ها قادر به تولید لیپاز نبوده در نتیجه آن هاله ای اطراف کلنی مشاهده نمی شود.

گذاری صورت نمی گیرد بلکه بلاست و در پی آن شناسایی صورت می پذیرد.

آسپرژیلوس ها در گروه قارچ های ناقص قرار دارند و از بزرگترین گروه کپک ها هستند که در شرایط بسیار نامساعد رطوبتی قادر به فعالیت بوده و بیش از ۲۰۰ گونه از این جنس تا کنون شناسایی شده که پتانسیل بکارگیری آنها در صنعت وجود دارد (Rhodes 2006). با توجه به فعالیت آنزیمی فوق العاده آسپرژیلوس ها، این قارچ ها در صنایع تخمیری و تجزیه ترکیبات پیچیده مورد استفاده قرار می گیرند. این قارچ ها بر حسب نوع منبع غذایی و شرایط کشت، اسیدهای آلی مثل اسید سیتریک، اسید گلوکونیک، اسیدتانیک و آنزیم هایی مثل آمیلاز، پکتیناز، بتاگالاکتوزیداز و ترکیبات دیگر تولید می کنند (Gregg et al. 2001).

با توجه به نتایج بدست آمده در این تحقیق مبنی بر توان تولید چندگانه آنزیمی سویه های بدست آمده، این قارچ ها می توانند در

جدول ۱- نتایج سنجش کیفی فعالیت آنزیمی در سه سویه قارچی جداسازی شده

قارچ ها	سلولاز	زایلاناز	آمیلاز	پروتئاز	لیپاز
ABR112	-	+	-	+	-
ABR113	-	+	+	+	-
ABR114	+	+	+	+	-

فرآیند کمپوستینگ حضور دارند (Anastasi et al. 2005). قارچ- های موثر دیگری چون *Fusarium lateritium* و *Trichoderma harzianum* که نقش بسزایی در تجزیه مواد آلی موجود در طول فرآیند دارند، شناسایی شده اند (Marshal et al. 2003) ولی در این بین *Aspergillus fumigatse* ها به عنوان سازگارترین و موثرترین در فرآیند تجزیه ماده خام سخت معرفی شده اند که در این مطالعه شناسایی بر اساس روش های مولکولی بوده و نام

که با بکارگیری توام آنها می توان علاوه بر کوتاه کردن فرآیند، کمپوست را از لحاظ کیفی نیز غنی نمود.

تقدیر و تشکر

این تحقیق در قالب پروژه پژوهشی مشترک بین پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران و شهرداری اصفهان انجام پذیرفت. از کلیه همکاران بخش تحقیقات بیوتکنولوژی میکروبی و ایمنی زیستی پژوهشکده و همچنین همکاران شهرداری اصفهان و کارخانه کمپوست شهرداری اصفهان که همکاری صمیمانه ای در اجرای این تحقیق داشتند تشکر و قدردانی می شود.

صورت استفاده در فرایند تولید کمپوست نقش به سزایی در تجزیه بستر آلی موجود در کمپوست داشته باشد و در کوتاه کردن فرآیند و همچنین در افزایش کیفیت تولید تاثیر شگرفی داشته باشد. علاوه بر این نتایج تحقیق نشان داد که استفاده از روش های مولکولی مبتنی بر نواحی حفاظت شده استفاده شده، علاوه بر افزایش سرعت شناسایی و سادگی، روش مطمئنی برای شناسایی می باشد. در صنایع تخمیری و تجزیه مطالعه قابلیت سویه های آسپرژیلوس جهت تولید آنزیم نشان داد هریک از آن ها بطور جداگانه قادر به تولید آنزیم های متفاوت و در نتیجه قادر به تجزیه مواد آلی متفاوت موجود در بستر کمپوست در حال تولید بودند

منابع

- Adams JD, Frostick LE (2008) Analysis of bacterial activity, biomass and diversity during windrow composting. *Waste Management* 29:598-605.
- Anastasi A, Varese GC, Marchisio VF (2005) Isolation and identification of fungal communities in compost and vermicompost. *Mycologia* 97:33-44
- Ball A, Jackson A (1999) The recovery of lignocellulose-degrading enzymes from spent mushroom compost. *Bioresource Technology* 54:311-314.
- Caroline Howard C, Bremner P, Fowler M, Isodo B, Scott N, Slater A (2009) Molecular Identification of *Hypericum perforatum* by PCR Amplification of the ITS and 5.8S rDNA Region. *Biochemistry Molecular Biology and Biotechnology* 75:864-869
- Castaldi P, Garau G, Melis P (2008) Maturity assessment of compost from municipal solid waste through the study of enzyme activities and water-soluble fractions. *Waste Management* 28:534-540.
- Forsyth W, Webley M (1948) The microbiology of composting. a study of the aerobic thermophilic bacterial flora developing in grass composts. *Journal of Applied Microbiology* 11: 34-39.
- Fredricks D, Fiedler T, Marrazzo J (2005) Molecular Identification of Bacteria Associated with Bacterial Vaginosis. *N Engl J* 353:1899-1911
- Gregg M, Recer G, Browne M, Horn E, Hill K, Boehler W (2001) Ambient air levels of *Aspergillus fumigatus* and thermophilic actinomycetes in a residential neighborhood near a yard-waste composting facility. *Aerobiologia* 17:99-108
- Hargreaves JC, Adl MS, Warman PR (2008) A review of the use of composted municipal.
- Hatamoto M, Tanahashi T, Murase J, Matsuya K, Hayashi M, Kimura M, Asakawa S (2008) Eukaryotic communities associated with the decomposition of rice straw compost in a Japanese rice paddy field estimated by DGGE analysis. *Biology and fertility of soils* 44:527-532

- Hogg D, Barth J, Favoino E, Centemero M, Caimi V, Amlinger F, Devliegher W, Brinton W, Antler S (2002) Comparison of compost standards within the EU, North America, and Australasia. *Waste and Resources Action Programme Committee (UK)*.
- Khiangam S, Tanasupawat S, Lee J, Lee K, Akarachanya A (2009) *Paenibacillus siamensis* sp. nov., *Paenibacillus septentrionalis* sp. nov. and *Paenibacillus montaniterrae* sp. nov., xylanase-producing bacteria from Thai soils. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 59:130-134.
- Loisel P, Harmand J, Zemb O, Latrille E, Lobry C, Delgene J, Godon J (2006) Denaturing gradient electrophoresis (DGE) and single-strand conformation polymorphism (SSCP) molecular fingerprintings revisited by simulation and used as a tool to measure microbial diversity. *Environmental Microbiology* 8:720-731
- Majidi S, Roayaei M, Ghezelbash G (2011) Carboxymethyl cellulase and filter paperase activity of new strains isolated from Persian Gulf. *Microbiology Journal* 1:8-16.
- Marshall MN, Cocolin L, Mills DA, VanderGheynst JS (2003) Evaluation of PCR primers for denaturing gradient gel electrophoresis analysis of fungal communities in compost. *Journal of Applied Microbiology* 95:934-948
- Maurhofer M, Keel C, Haas D, Defago G (1995) Influence of plant species on disease suppression by *Pseudomonas fluorescens* strain CHA0 with enhanced production. *Plant Pathology* 44:40-50.
- Ranjard L, Poly F, Lata JC, Mougel C, Thioulouse J, Nazaret S (2001) Characterization of Bacterial and Fungal Soil Communities by Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis Fingerprints: Biological and Methodological Variability. *Applied and Environmental Microbiology* 67:4479-4487.
- Rappe M, Giovannoni S (2003) The uncultured microbial majority. *Annual Reviews in Microbiology* 57:369-394.

- Rastogi G, Bhalla A, Adhikari A, Bischoff K, Hughes S, Christopher L, Sani R (2010) Characterization of thermostable cellulases produced by *Bacillus* and *Geobacillus* strains. *Bioresource Technology* 8798-8806.
- Raut M, William P, Bhattacharyya JK, Chakrabarti T, Devotta S (2008) Microbial dynamics and enzyme activities during rapid composting of municipal solid waste – A compost maturity analysis perspective. *Bioresource Technology* 99 : 6512-6519.
- Raymond AT, Crisan EV (1975) Assay for lipolytic and proteolytic activity using marine substrates. *Applied Microbiology* 29:206-210.
- Rhodes J (2006) *Aspergillus fumigatus*: Growth and virulence 44: 77-81.
- Savitha S, Sadhasivam S, Swaminathan K (2007) Application of *Aspergillus fumigatus* xylanase for quality improvement of waste paper Pulp. *Earth and Environmental Science* 78: 217-221.
- Singh A, Sharma A, Johri B (2011)b Phylogenetic profiling of culturable bacteria associated with early phase of mushroom composting assessed by amplified rDNA restriction analysis. *Annals of Microbiology*
- Singh P, Raghukumar P, Verma P, Shouche Y (2011)a Fungal Community Analysis in the Deep-Sea Sediments of the Central Indian Basin by Culture-Independent Approach. *Environmental Microbiology* 61:507-517
- Tiquia S. M (2005) Microbial Community Dynamics in Manure Composts Based on 16S and 18S rDNA T-RFLP Profiles. *Environmental Technology* 26: 157-160.
- Tiquia SM, Ichida JM, Keener HM, Elwell DL, Burt EH, Michel FC (2004) Bacterial community profiles on feathers during composting as determined by terminal restriction fragment length polymorphism analysis of 16S rDNA genes. *Applied Microbiology and Biotechnology* 67: 412-419