

复合微生物菌剂在牛粪堆肥中的试验研究

何志刚, 孙军德* (沈阳农业大学土地与环境学院, 辽宁沈阳100161)

摘要 对牛粪自然堆肥中好氧纤维素分解菌群进行分离纯化, 选出2株霉菌, 并结合实验室的原有复合生物菌剂(硅酸盐细菌、固氮菌、有机磷细菌、酵母菌等), 设计4个组合, 进行牛粪堆肥试验, 对堆肥过程中的温度、粗纤维和纤维素酶活性进行跟踪测定, 结果表明组合好氧纤维素分解菌群和原有实验室的微生物菌株组成的复合菌剂可以提高堆温, 提前高温期的到来, 加速堆肥中有机物的分解从而加速堆肥过程。

关键词 纤维素分解菌; 纤维素酶; 堆肥

中图分类号 X172 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2007)16-04922-01

Experiment of Compound Microorganism Used in Cow Dung Compost

HE Zhi-gang et al (College of Land and Environment, Shenyang Agricultural University, Shenyang, Liaoning 100161)

Abstract The separation and purification were carried out on aerobic cellulose decomposition strains group in natural cow compost, and 2 mold were screened, combined with the original compound microorganism strains of laboratory (The silicate bacterium, azotobacter, organic phosphorus bacterium, microzyme), the 4 combinations were designed, and the experiment of cow dung compost was carried out, meanwhile tracking determined the temperature, thick fibre and cellulose enzymatic activity in the process of compost. The results showed that the compound microorganism of combination 4 which were consisted of aerobic cellulose decomposition strains group and the original compound microorganism strains of laboratory could increase the temperature of compost, and advance the arrival of negathermal period, and accelerate the organic decomposition in compost and accelerate compost process.

Key words Cellulose-decomposing microorganisms; Cellulose enzyme; Compost

我国是畜禽养殖大国, 近年来, 养殖业向规模化、集约化方向发展。养殖业为人们生活水平的提高作出了巨大贡献, 同时也产生大量的畜禽粪便^[1]。如果不经过无害化处理, 会对环境造成严重污染, 并对畜禽和人类的健康造成很大威胁。解决大量畜禽粪便经济又有效的方法就是堆肥法, 将自然界中分解纤维素的细菌、放线菌、真菌等微生物接入畜禽废弃物中进行堆肥, 不仅能解决环境污染问题, 还能够变废为宝, 将废弃物堆制成肥料或土壤调节剂, 施入田中, 起到改良土壤和增加肥效的作用^[2]。目前, 对畜禽粪便堆肥的工艺条件、影响因素、应用效果等方面的研究较多, 但对较难降解的牛粪堆肥研究报道较少。笔者于2006年从牛粪自然堆肥中筛选出好氧纤维素分解菌群和原有实验室的微生物菌株(硅酸盐细菌, 固氮菌, 有机磷细菌, 酵母菌等)组合, 进行牛粪堆肥试验的研究, 为有效处理牛粪等高纤维类废弃物提供一定的理论基础。

1 材料与试验方法

1.1 试验材料 土壤采自沈阳东陵郊区麦田, 牛粪以及堆肥采自沈阳浑南新区后桑林子光明养殖场。牛粪基本理化性质: pH值8.54, 含水量81.45%, 全氮0.41%, 全磷0.281%, 全钾0.167%, 有机质16.3%。培养基: 细菌为牛肉膏蛋白胨培养基; 放线菌为高氏培养基; 霉菌为PDA培养基。

1.2 堆肥接种方法 组合CK、组合真菌、组合实验室原有复合菌株、组合真菌+复合菌株。将扩大培养后的各菌种按所选组合配比接入堆料中, 接种量为0.5%, 以不接菌种即自然堆肥为对照, 搅拌均匀。各处理3个平行, 每处理的堆料为100 kg, 堆制成高0.5 m圆锥体。

1.3 堆肥过程中指标测定 温度: 将温度计插入堆料中, 深度为25~30 cm, 每天上午9:00、下午3:00测定温度, 以2次温度的平均值作为当天料温。粗纤维含量: 采用酸碱法, 以风干堆料中的含量来计算。纤维素酶活性测定: 以文献[3]方法。

2 结果与分析

2.1 好氧纤维素分解菌群对温度的影响 温度是堆肥过程中微生物活动是否旺盛的标志, 是表观上直接判断堆肥速度及腐熟度的指标^[4]。组合堆制第2天堆温就迅速上升至50℃左右(图1), 并且在发酵前期温度明显高于其他组合。组合主要由纤维分解菌群和高温好氧菌群组成, 能够充分地利用堆肥中的可分解物质, 而组合由于菌种单一、组合由于缺乏纤维分解菌群都不能达到很好的效果。由此可见, 组合可以提高堆温, 提前高温期的到来, 加速堆肥中有机物的分解。

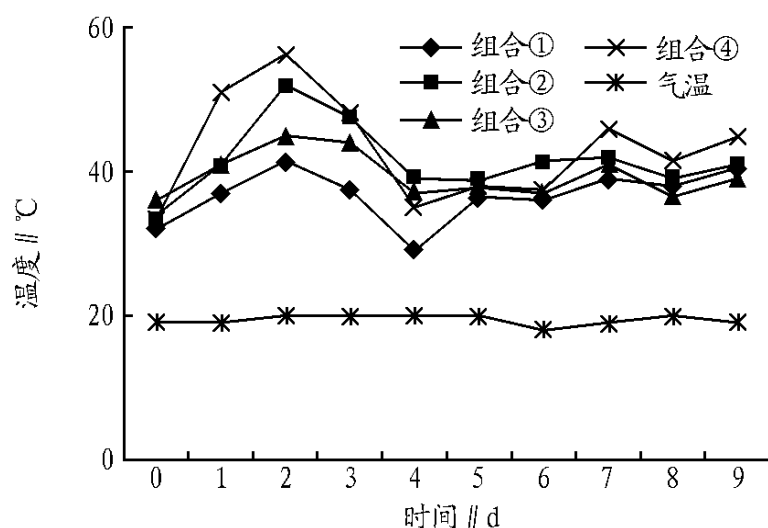


图1 堆肥中温度变化

2.2 好氧纤维素分解菌群对粗纤维含量的影响 堆肥是依靠各种微生物分解有机物并转化为腐殖质的生物化学过程, 加速腐殖化过程可以提高堆肥的速率和质量。由于牛粪等废弃物中含大量较难降解的纤维素, 因此加快纤维素转化成腐殖质便成为提前结束堆肥的关键^[5]。由图2可知, 组合~堆肥初期粗纤维含量有所增加这是由于堆制初期易降解的有机物质首先被微生物分解利用, 并产生大量CO₂, 使总干物重以CO₂形式迅速下降, 而此时粗纤维等难降解物质还没开始分解, 导致前期粗纤维相对含量增加。之后, 随着剩下的纤维素、木质素等难分解物质被缓慢降解, 粗纤维相对含量也随之下降。在整个堆制过程中对照的粗纤维含量变

作者简介 何志刚(1978-), 男, 辽宁沈阳人, 硕士研究生, 研究方向: 固体废弃物处理。

收稿日期 2007-03-05

(上接第4922页)

化不大,加入好氧纤维素分解菌群的堆肥粗纤维含量在后期处于最低。由此可见,组合 可以加速堆肥中纤维素的分解。

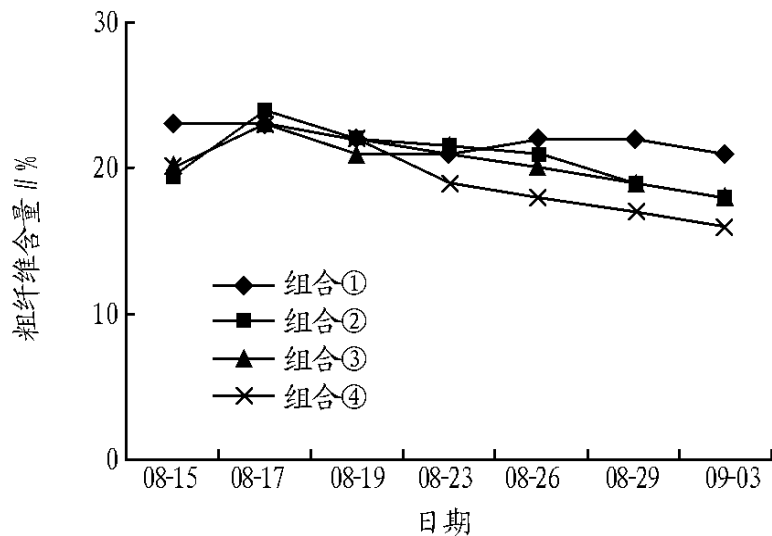


图2 堆肥中粗纤维的变化

2.3 好氧纤维素分解菌群对纤维素酶活性的影响 堆肥中一切生物变化过程都是在酶的参与下进行的,酶的活性大小直接影响着堆肥的进度和强度。畜禽粪便中不仅含有较易分解的单糖、淀粉和半纤维素,还含有难以分解的纤维素,对堆肥过程中纤维素酶活性进行跟踪测定,可以了解堆肥过程中纤维素的降解情况。如图3所示,在整个堆肥制作过程中不同处理的纤维分解酶活性变化趋势基本一致,对照(CK)一直处在较低的水平,组合 在整个堆肥进程中始终保持旺盛的酶活,而组合 、酶活远低于组合 但高于对照。由此可见,组合 可以提高堆肥中纤维素酶的含量,加速堆肥中有机物的分解。

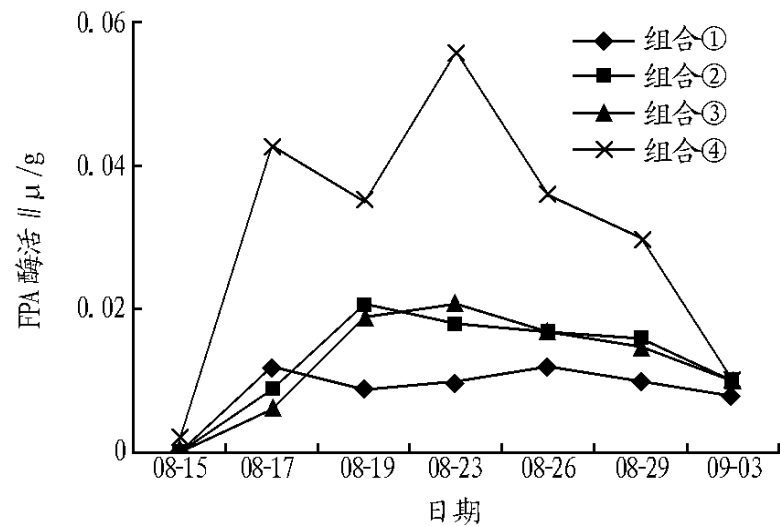


图3 堆肥中纤维酶的变化

3 结论

堆料中接种好氧纤维素分解菌群,且由于复合微生物菌群各菌种之间相互协同作用,形成复杂而稳定的生态系统,使堆层中的微生物迅速繁殖,并维持在相对稳定的较高水平上。与对照组相比,组合 接种好氧纤维素分解菌群堆肥系统可以提高堆温,提前高温期的到来,加速堆肥中有机物的分解从而加速堆肥过程,因此,接种复合微生物菌群是废物资源化的一条有效途径。

参考文献

- [1] 孙晓华, 罗安程. 家禽养殖场废弃物处理技术的研究进展[J]. 环境污染治理技术与设备, 2003, 4(7): 18-21.
- [2] 李秀金, 董仁杰. 粪草堆肥特性的试验研究[J]. 中国农业大学学报, 2002, 7(2): 31-35.
- [3] 刘妙莲, 王洁. 影响纤维素酶活力测定的几个因素[J]. 食品与发酵工业, 2000(6): 37-39.
- [4] 刘克峰, 刘悦秋, 雷增普. 几种微生物应用于猪粪堆肥中的研究[J]. 北京农学院学报, 2001, 16(2): 36-41.
- [5] 席北斗, 刘鸿亮, 白庆中. 堆肥中纤维素和木质素的生物降解研究现状[J]. 环境污染治理技术与设备, 2002, 3(3): 19-23.