

# 几株猪粪堆肥发酵菌对堆肥发酵的促进作用

徐庆贤<sup>1</sup>, 官雪芳<sup>1</sup>, 林碧芬<sup>2</sup>, 钱 蕾<sup>1</sup>, 林 斌<sup>1①</sup> (1. 福建省农业科学院农业工程技术研究所, 福建 福州 350003; 2. 福建省农业科学院畜牧兽医研究所, 福建 福州 350013)

**摘要:** 为了筛选出能直接用于新鲜纯猪粪堆肥发酵的功能菌,从发酵猪粪中分离出 8 株可能对猪粪发酵有促进作用的菌株,对其进行 16S rDNA 分子生物学鉴定,确定其为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)、肠杆菌属(*Enterobacter* sp.)、地衣芽孢杆菌(*Bacillus licheniformis*)、包特氏菌属(*Bordetella* sp.)、拟诺卡氏菌属(*Nocardiopsis* sp.)和微杆菌属(*Microbacterium* sp.)。对各分离菌株应用于纯猪粪堆肥的催化腐熟效果进行研究,结果表明,枯草芽孢杆菌和肠杆菌属菌株均可提高堆体发酵温度,加快有机质分解速度,有助于降低腐熟后堆体含水率,降低堆体发酵初期的 pH 值,增加全氮相对含量,加快 C/N 比值的下降速度,促进堆肥腐熟进程。枯草芽孢杆菌和肠杆菌属菌株可作为纯猪粪堆肥发酵的优良菌种;在使用地衣芽孢杆菌时,需在堆肥初期适当降低堆体温度以提高其堆肥效果;拟诺卡氏菌属菌株可作为纯猪粪发酵菌的辅助菌种使用;包特氏菌属菌株和微杆菌属菌株可以提高堆体发酵温度,但其余各指标未见有明显的优势,故不建议作为纯猪粪发酵菌使用。

**关键词:** 堆肥; 16S rDNA; 鉴定; 猪粪; 细菌

**中图分类号:** X-651; X82 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-4831(2013)02-0253-07

**Effects of Strains of Zymogen on Composting of Pig Manure.** XU Qing-xian<sup>1</sup>, GUAN Xue-fan<sup>1</sup>, LIN Bi-fen<sup>2</sup>, QIAN Lei<sup>1</sup>, LIN Bin<sup>1</sup> (1. Institute of Agricultural Engineering Technology, Fuzhou Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China; 2. Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Fuzhou Academy of Agriculture Sciences, Fuzhou 350013, China)

**Abstract:** In order to screen out functional strains of bacteria that can be applied directly to promote composting of fresh swine manure, eight strains of bacteria that may possibly promote fermentation of fresh swine manure were isolated from swine manure compost, and identified with the 16S rDNA molecular biological method as *Bacillus subtilis*, *Enterobacter* sp., *Bacillus licheniformis*, *Bordetella* sp., *Nocardiopsis* sp., and *Microbacterium* sp.. Effects of the strains promoting composting of fresh swine manure was investigated separately. Results show that *Bacillus subtilis* and *Enterobacter* sp. could raise temperature of the pile of manure under composting and extend duration of high temperature, thus accelerating decomposition of organic matter, reducing pH of the pile at the initial fermentation stage, reducing of C/N ratio and water content in the compost, and increasing relative content of total nitrogen. As a result, composting of the manure was accelerated. It is, therefore, held that *Bacillus subtilis* and *Enterobacter* sp. are the two optimal strains for use in composting fresh swine manure. When *Bacillus licheniformis* was used, the temperature of the pile should be properly lowered at the initial stage of the composting so as to improve its effect on composting. *Nocardiopsis* sp. could be used as supplementary zymogen in composting. As *Bordetella* sp. and *Microbacterium* sp. could be used to raise temperature of the pile under fermentation, but did not show any significant effects on other indices, they are not recommended as zymogens for use in composting fresh swine manure.

**Key words:** composting; 16S rDNA; identification; swine manure; bacteria

随着养殖业生产规模的日益扩大,大量畜禽排泄物的处理已成为一个亟待解决的问题<sup>[1]</sup>,高温堆肥发酵生产有机肥是禽畜粪便无害化和资源化的重要途径<sup>[2-3]</sup>。堆肥的实质是实现微生物在适宜条件下的代谢作用<sup>[4]</sup>,常规堆肥发酵周期长,不利于有机废弃物的资源化利用,在堆肥过程中添加微生物菌剂可以达到快速腐熟且无害化的目的<sup>[5-6]</sup>。近年来,国内外学者对在适宜条件下的猪粪发酵功能

菌进行了大量研究<sup>[7-11]</sup>,发酵功能菌对促进堆肥的作用效果问题,生产上一直存在争议。有些研究者认为,在堆肥物料中接种发酵功能菌,由于堆肥物

收稿日期: 2012-08-15

基金项目: 国家科技部科技人员服务企业项目(2009GJC40010); 福建省科技计划重点项目(2009S0048); 福建省发改委农业“五新”推广项目(2010452); 福建省农科院创新团队基金(STIF-Y05)

① 通信作者 E-mail: linbin591@126.com

料中原有微生物种群数量大,繁殖迅速,会抑制接种发酵功能菌的生长繁殖<sup>[12]</sup>;接种发酵功能菌可能会因为可利用的有机物耗尽或堆肥温度条件的改变而失去作用;接种的功能微生物与原有微生物会产生颉颃作用,致使两类微生物均不能发挥好的作用<sup>[12]</sup>。大多数研究者认为用于堆肥接种的发酵功能菌具有更强的抗逆性和更好的适应性,繁殖速度快,功能明确<sup>[13-15]</sup>;堆肥接种有利于平衡原料微生物种类和数量差异,保证堆肥产品质量的稳定。接种菌剂对堆肥的发酵过程是否起作用以及能起多大的作用尚缺乏系统、科学的证据。因此,笔者从发酵猪粪中分离出8株对猪粪堆肥发酵可能有促进作用的菌株,采用16S rDNA分子生物学方法对其进行鉴定分类,将不同种类菌株接入新鲜猪粪中进行堆肥发酵,通过分析堆体的温度、pH值、含水率、总有机碳(TOC)含量、总氮(TN)含量和C/N比值的变化情况,探讨接种菌剂对堆肥发酵过程的影响,为猪粪直接用于堆肥发酵生产有机肥提供可用菌种。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与仪器

NA培养基组分及性质:蛋白胨10 g,牛肉粉2 g,NaCl 5 g,琼脂15 g,水1 L,pH值7.0;高氏培养基组分及性质:可溶性淀粉20 g,NaCl 0.5 g,KNO<sub>3</sub> 1 g,K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>·3H<sub>2</sub>O 0.5 g,MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O 0.5 g,FeSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O 0.01 g,琼脂15 g,水1 L,pH值7.5。超净工作台;生化培养箱;Starter 3C pH计;Neofuge 15R 冷冻高速离心机;Mastercycler pro S 银制梯度PCR仪;DYY-8C型电泳仪;ALphalmager EP 凝胶成像系统;Sartorius BSA124S 精密电子天平;电热恒温鼓风干燥箱;KDN-102C 定氮仪。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 堆肥发酵细菌的分离

猪粪采自福建省闽侯县荆溪种猪场常年堆肥车间。取发酵7 d的猪粪2 g,用无菌水稀释至10<sup>-5</sup>,取200 μL分别涂布于NA和高氏培养基中,35℃条件下分别恒温培养36和108 h,挑选菌落形态不同的单菌落进行纯化培养,保存备用。

#### 1.2.2 堆肥发酵细菌的鉴定

DNA的制备:将以上筛选的菌种接入相应的液体培养基中,35℃条件下恒温培养24 h,取1.5 mL菌液,采用TIANGEN公司的细菌基因组DNA提取试剂盒提取DNA。DNA电泳检测:在加入荧光染料gelview的w=1.0%的琼脂糖中进行凝胶电泳分离,

每孔加样6 μL(5 μL样品+1 μL上样缓冲液),电泳恒压120 V,电泳30 min。分离菌株16S rDNA的扩增:采用引物F968(5'-AAC GCG AAG CTT AC-3')和L1401(5'-CGG TGT GTA CAA GAC CC-3')扩增分离菌株16S rDNA的基因V6~V8可变区,扩增片段长度约为434 bp。PCR扩增程序:94℃预变性5 min,然后94℃变性1 min,55℃退火1 min,72℃延伸1 min,共35个循环,最后72℃充分延伸10 min,4℃条件下保存。PCR产物由上海生工生物工程技术服务有限公司进行单向测序。将测得的序列提交到NCBI网站(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>),采用Blast程序将其与GenBank数据库中相似性较高的菌株的16S rDNA基因序列进行同源性分析。采用MEGA 4软件进行序列的比对及系统发育树的构建分析。

### 1.2.3 猪粪的堆肥发酵试验

堆肥试验于通风状况良好的室内进行,实行人工翻堆通气。试验设置7个堆体,堆体原料来自福建闽侯荆溪种猪场新鲜猪粪,其基本理化性质:含水率为702.0 g·kg<sup>-1</sup>,pH值为7.34,w(TOC)为222.1 g·kg<sup>-1</sup>,w(TN)为9.2 g·kg<sup>-1</sup>,C/N比值为24.11。以其中1个堆体为对照,另外6个堆体分别接入经鉴定分类的1~6号菌液,每个堆体高约0.9 m,直径约为1.2 m,呈锥形。按φ=0.4%的量接入菌液,所接入菌的活菌数均大于10<sup>9</sup> g<sup>-1</sup>,对照堆体中加入相同含量的灭菌NA培养基。分别在堆肥发酵0、3、7、10、13、20、27和34 d时取样,距离堆体顶端约40 cm处分5点采集取样,将样品混匀后检测,每个处理设2次重复,对照设3次重复。

### 1.2.4 堆肥过程相关指标的测定

堆体温度采用玻璃棒温度计测定,从发酵当天开始,每隔3 d测定1次,直至堆体温度接近室温为止。含水率通过测定105℃、24 h条件下烘干前后样品的质量变化来确定。取新鲜猪粪10 g,加25 mL超纯水,磁力搅拌10 min,放置0.5 h后用pH计测定pH值。TOC和TN含量分别用重铬酸钾容量法-稀释热法和凯氏定氮法测定<sup>[16]</sup>,C/N比值为TOC含量与TN含量的比值。

## 2 结果与分析

### 2.1 堆肥发酵细菌的分离及鉴定

从福建闽侯荆溪种猪场常年堆肥车间发酵猪粪中初筛获得约20株菌,通过对菌落形态、生长速度的观察以及分解纤维素能力的判定,挑选其中8株,利用平板稀释法分离纯化得到单个菌株。其

中,7株经NA培养基培养36h,编号为N1~N7,1株经高氏培养基培养36h,编号为G1。将8株菌进行DNA提取后再进行PCR扩增,扩增产物经电泳后利用凝胶成像系统采集图像,结果见图1。图1显示,除对照(CK)未见DNA扩增产物片段以外,G1、N1~N7号菌的扩增产物片段大小均在250~500bp之间。利用MEGA4软件对各分离菌株与应用Blast检索到的与之有较高同源性的菌株的16S rDNA序列做最大同源性比较分析,并以软件N-J(neighbor-joining)法构建系统发育树,确定菌株的分类地位。由图2可知,菌株N1、N2和N3基本属于同一种的范围,并与菌株N5属于同一属的范围,其他菌株各属一属,亲缘关系较远。

与GenBank数据库中已有的核酸序列进行比较后发现,除G1菌株与数据库中的同一种菌同源性为97%外,其余7株菌均大于99%(表1)。

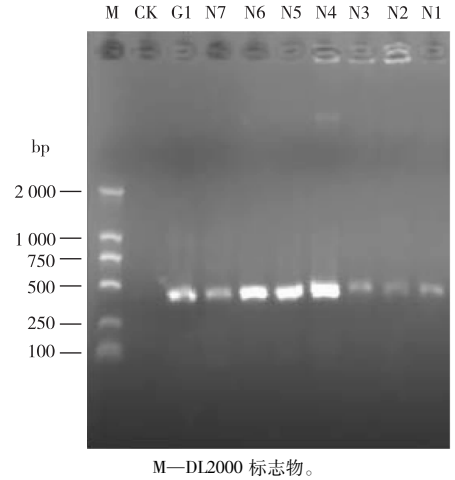


图1 各分离菌株16S rDNA扩增产物的电泳分析结果

Fig.1 Electrophoresis analysis of the products of amplification of strains 16S rDNA by PCR

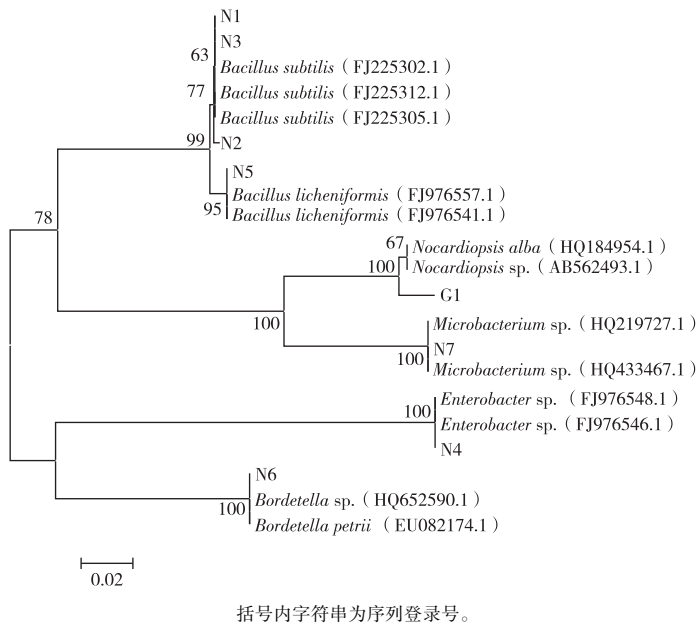


图2 各分离菌株16S rDNA的系统进化树

Fig.2 Phylogenetic tree of strains based on 16S rDNA sequences homology

表1 各分离菌株的鉴定结果

Table 1 Identification of strains of bacteria isolated

序号	菌种编号	菌种名称	拉丁学名	匹配一致性/%
1	N1、N2和N3	枯草芽孢杆菌	<i>Bacillus subtilis</i>	100
2	N4	肠杆菌属	<i>Enterobacter</i> sp.	100
3	N5	地衣芽孢杆菌	<i>Bacillus licheniformis</i>	100
4	N6	包特氏菌属	<i>Bordetella</i> sp.	100
5	G1	拟诺卡氏菌属(放线菌目)	<i>Nocardiopsis</i> sp.	97
6	N7	微杆菌属	<i>Microbacterium</i> sp.	99

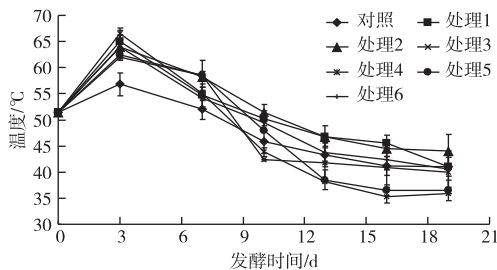
## 2.2 堆肥发酵细菌在猪粪堆肥中的作用

### 2.2.1 猪粪堆肥过程中温度的变化

由图3可知,发酵3 d时,各处理堆体温度均达到最高值,此与贾聪俊等<sup>[15]</sup>的研究结果一致;处理1~6的温度均高于60℃,处理3温度在堆肥3 d时已升至(66.50 ± 0.71)℃,为各处理中的最高值。对照堆肥发酵的最高温度仅为(56.83 ± 1.26)℃。

### 2.2.2 猪粪堆肥过程中含水率的变化

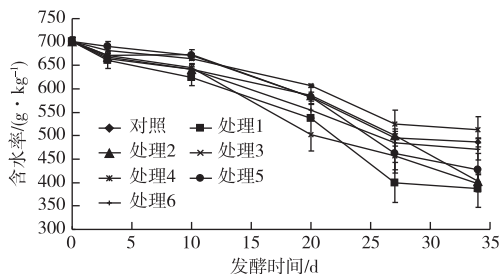
由图4可知,经堆肥发酵后,各处理堆体含水率与对照相比,除处理4略有升高外,其他处理均呈下降趋势。堆肥34 d时,堆体1含水率下降最多,比对照降低98.3 g·kg<sup>-1</sup>;堆体6含水率仅降低14.9 g·kg<sup>-1</sup>;堆体4含水率比对照提高26.3 g·kg<sup>-1</sup>。



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

图3 堆肥过程中各处理温度的变化

Fig. 3 Variation of temperature of the piles under composting



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

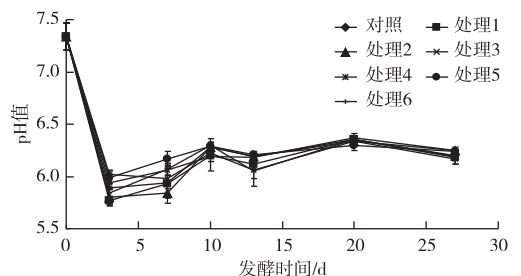
图4 堆肥过程中各处理含水率的变化

Fig. 4 Variation of moisture content of the piles under composting

### 2.2.3 猪粪堆肥过程中pH值的变化

由图5可知,各处理堆体pH值先下降后上升,猪粪初始发酵pH值为7.34 ± 0.13,堆肥3 d时,对照和各处理pH值均迅速下降。在堆肥最初阶段,可利用的能源物质较多,微生物繁殖很快,其代谢活动产生的有机酸使堆肥pH值下降,小分子有机酸随着温度的升高而挥发或被微生物降解,同时微

生物分解含氮有机物所产生的氨使堆肥pH值又开始上升。在高温期(发酵第3~13天)处理1和2的pH值下降幅度大于其他处理,说明这2个处理堆体在接入相应的菌种后对有机物的分解起到一定的促进作用,使得有机酸增多,pH值下降。而后各处理pH值开始上升,堆肥20 d时,各处理pH值达到发酵后最大。这是由于小分子有机酸的挥发及含氮有机物产氨所致,之后随着堆肥发酵时间的增加,微生物代谢活动强度减弱,使得产生的氨慢慢挥发,pH值有所下降。在整个堆肥过程中,堆体pH值在5.5~6.5之间,出现酸化现象,这可能是由于采用纯猪粪进行堆肥,堆体内部的疏松程度较低,导致堆体通透性较差,从而造成堆体内部部分猪粪厌氧发酵,引起有机酸的大量积累。



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

图5 堆肥过程中各处理pH值的变化

Fig. 5 Variation of pH of the piles under composting

### 2.2.4 猪粪堆肥过程中TOC含量的变化

由图6可知,各处理干基(经干燥处理的堆肥猪粪样品,简称干基)TOC含量随着堆肥时间的增加而均呈下降趋势,发酵10 d时处理1~3的TOC含量明显低于对照,同时也低于处理4~6。如前所述,处理1~3的前期发酵温度均高于对照和其他处理(图3),表明加入1~3号菌可明显加快有机物的分解速度。发酵34 d时,除处理4以外,其他处理TOC含量均低于对照,处理3的下降幅度最大,比对照降低(53.1 ± 16.2) g·kg<sup>-1</sup>。由图6还可知,鲜样(未经干燥处理的堆肥猪粪样品,简称鲜样)TOC含量总体上呈下降趋势,在发酵初期,TOC含量的下降速度较快,发酵10 d后下降幅度变小,这主要是由于含水率下降幅度不同所致。

### 2.2.5 猪粪堆肥过程中TN含量的变化

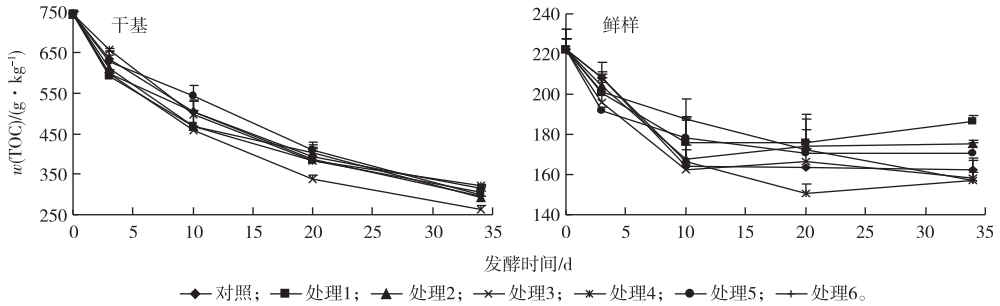
由图7可知,随着发酵时间的增加,干基TN含量均呈下降趋势。与堆肥初始相比,堆肥34 d时,处理1和2干基TN含量下降最少,分别为(20.8 ± 0.0)和(17.7 ± 1.2) g·kg<sup>-1</sup>,结合pH值的变化情

况,推测可能是由于处理1和2的pH值相对较低而影响了氨气的挥发所致。而发酵34d时,处理3~6的TN含量均低于对照,其原因可能是在pH值变化不大的情况下,所加菌可以增强微生物的代谢活动强度,有机氮被强烈分解而产生大量氨气<sup>[17]</sup>,虽然各处理pH值较低,但在高温环境中氨挥发损失不可避免,造成TN的绝对损失,从而导致干基TN的绝对含量下降。由图7还可知,总体上来看,各处理鲜样TN含量随着堆肥时间的增加而

呈上升趋势。发酵3d时,虽然各处理pH值较低,氨气挥发减少,但各处理此时的发酵温度达最高,导致高温环境下氨氮分解成氨气挥发,使得TN相对含量均开始下降,发酵10d时TN含量开始上升。发酵34d时,处理1和2的TN含量均高于对照和处理3~6,与初始相比,TN含量变化幅度较小。

2.2.6 猪粪堆肥过程中C/N比值的变化

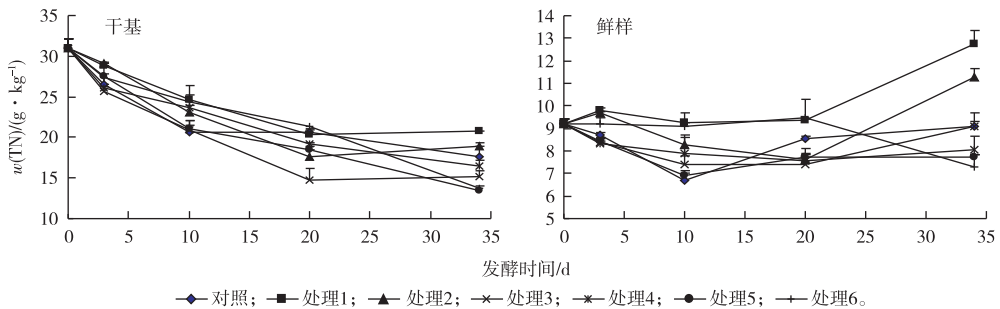
猪粪堆肥过程中各处理C/N比值变化见图8。



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

图6 堆肥过程各处理干基和鲜样总有机碳(TOC)含量的变化

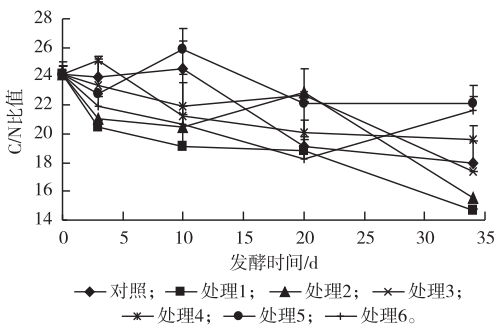
Fig. 6 Variation of dry and fresh TOC in the piles under composting



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

图7 堆肥过程中干基和鲜样总氮(TN)含量的变化

Fig. 7 Variation of TN in dry and fresh matter of the piles under composting



处理1~6堆体分别接入枯草芽孢杆菌、肠杆菌属、地衣芽孢杆菌、包特氏菌属、拟诺卡氏菌属和微杆菌属菌液。

图8 堆肥过程中各处理C/N比值的变化

Fig. 8 Variation of C/N of the piles under composting

由图8可知,对照和各处理C/N比值均呈下降趋势,但下降幅度不同,发酵10d时,处理1~4和6的C/N比值均小于对照,其中处理1的C/N比值小于20,发酵34d时,处理1~3的C/N比值均小于对照,表明加入发酵菌有助于加快堆肥腐熟进程,特别是加入1~3号菌有助于猪粪堆肥C/N比值的降低。

3 讨论

堆肥中微生物分解有机物而释放能量,这些热量使堆肥温度上升,因此堆肥温度能在一定程度上反映堆肥微生物的代谢活动强度。温度越高,微生物

物代谢活动越强,分解有机物的速度也就越快。一般认为堆肥过程中温度高于 50 ℃ 以上的时间至少持续 5 d 以上,堆肥样品才能达到无害化要求。在堆肥过程中,加入各菌的堆体发酵初期的最高温度和高温持续时间均高于对照,说明加入各菌可加快微生物的代谢活动强度。特别是接入枯草芽孢杆菌的处理 1、接入地衣芽孢杆菌的处理 3 和接入肠杆菌属菌株的处理 2 在发酵 3 d 时的温度分别达到  $(65.00 \pm 1.41)$ 、 $(66.50 \pm 0.71)$  和  $(64.00 \pm 1.41)$  ℃,但处理 3 在 50 ℃ 以上的高温只持续 7 d,而处理 1 和 2 则持续 10 d。

该试验采用纯猪粪进行堆肥发酵,因此堆体初始含水率高达  $(702.0 \pm 6.0)$  g · kg<sup>-1</sup>,接入各菌株的堆肥发酵后,处理 1~3 堆体含水率降至约 390 g · kg<sup>-1</sup>,同时接入拟诺卡氏菌属菌株的处理 5 也降至  $(427.6 \pm 14.7)$  g · kg<sup>-1</sup>,大大低于对照堆体含水率  $[(485.9 \pm 4.9)$  g · kg<sup>-1</sup>]。结合堆体温度变化情况,不难看出含水率的下降程度分别与堆体最高温度及高温持续时间之间基本上呈正相关。

由于初始含水率过高,导致发酵 3 d 时堆体 pH 值就从初始的  $7.34 \pm 0.13$  迅速下降到 6 左右,其中处理 1 和 2 下降最多。除处理 2 的 pH 值在发酵 7 d 时降到最低以外,其他处理在发酵 3 d 时就已达到最低。堆肥过程中,pH 值是影响微生物生长的重要因素,一般 pH 值在 3~12 之间时均可以进行堆肥。pH 值的下降主要是微生物代谢活动产生的有机酸积累所致,因此 pH 值的变化在一定程度上反映了微生物的活动情况。基于此,可推测处理 1 和 2 在发酵初期微生物代谢旺盛,特别是处理 2 微生物代谢活动持续时间最长,这与该堆体的高温持续时间最长相吻合,进一步说明该株肠杆菌对纯猪粪的堆肥发酵有很好的促进作用。

有机质是微生物代谢活动的主要能源和碳源,微生物通过代谢活动将其分解和转化成可降解的有机物、二氧化碳、水和热能。因此,有机质含量的下降在一定程度上反映了微生物的代谢状况。发酵 3 d 时处理 1~3 的 TOC 绝对含量均低于对照,发酵 34 d 时,除了加入包特氏菌属菌株的处理 4 以外,其他处理 TOC 绝对含量均低于对照,表明处理 1~3 和 5~6,特别是处理 1~3 的堆体微生物代谢活动均较对照旺盛。堆肥后期由于堆体含水率下降等原因,使得部分处理的 TOC 相对含量上升。

堆肥过程中氮有机物发生降解所产生的氨气,一部分被微生物同化吸收,另一部分由固氮微生物氧化为亚硝酸盐或硝酸盐<sup>[18]</sup>。处理 1 和 2 堆体 TN

的绝对含量和相对含量在大部分时间均大于对照,特别是发酵 34 d 时,鲜样 TN 含量大大高于初始和对照的 TN 含量,这主要是由于堆体含水率不断下降,同时有机质不断分解,导致堆体体积缩小,堆体质量下降,造成 TN 绝对含量下降,相对含量上升。从有机肥营养角度考虑,加入枯草芽孢杆菌和肠杆菌属菌株的堆肥发酵后的猪粪有机肥 TN 含量可以得到提高。

C/N 比值是衡量有机废弃物好氧堆肥的一个重要指标,碳源是微生物利用的能源物质,氮源是微生物利用的营养物质。GARCIA 等<sup>[19]</sup> 研究认为腐熟堆肥的 C/N 比值应该趋向于微生物菌体的 C/N 比值,即 16 左右,或者当堆肥的 C/N 比值从初始的 30 降低到 20 以下时,就可以认为已腐熟。分析各处理的 C/N 比值发现,发酵 34 d 时,处理 1~3 的 C/N 比值均小于对照  $(17.96 \pm 1.53)$ ,表明加入 1~3 号菌有助于猪粪堆肥 C/N 比值的降低。

## 4 结论

(1)1 号菌(枯草芽孢杆菌)和 2 号菌(肠杆菌属)可提高堆体发酵温度,增加高温(>50 ℃)持续时间,加快有机质的分解速度,有助于降低腐熟后堆体含水率,降低堆体发酵初期的 pH 值,增加 TN 相对含量,加快 C/N 比值的下降速度,促进堆肥腐熟进程。确定这 2 个菌株为该研究中纯猪粪堆肥发酵的最优发酵菌株。

(2)3 号菌(地衣芽孢杆菌)可提高堆体发酵温度,降低腐熟后堆体含水率,加快 C/N 比值的下降速度,一定程度上可促进堆肥腐熟进程。但由于加入该菌后堆体发酵初期温度上升过快,因此在使用该菌时应在发酵初期增加翻堆次数,适当降低堆体温度,以提高其对猪粪的堆肥效果。

(3)5 号菌(放线菌目拟诺卡氏菌属)在发酵后期可降低堆体含水率。考虑到多数放线菌为高温条件下的主要菌群,因此在互不拮抗的情况下,可作为 1、2 和 3 号菌的辅助菌种加入以促进纯猪粪堆肥后期的二次发酵。

## 参考文献:

- [1] 王卫平,朱凤香,陈晓吻,等.添加砒糠对猪粪堆肥发酵层温度及氮素变化的影响[J].浙江农业学报,2009,21(6):579-582.
- [2] 罗泉达.C/N 比值对猪粪堆肥腐熟的影响[J].闽西职业技术学院学报,2008,10(1):113-115.
- [3] 朴哲,李玉敏,马帅,等.堆肥制作中微生物侵染秸秆的环境扫描电镜(ESEM)观察[J].生态与农村环境学报,2011,27(5):

- 98 - 100.
- [4] 朱能武. 堆肥微生物学研究现状与发展前景[J]. 氨基酸和生物资源, 2005, 27(4): 36 - 40.
- [5] 刘益仁, 刘秀梅, 李祖章, 等. 接种微生物菌剂对猪粪堆肥的效果研究[J]. 中国土壤与肥料, 2007(6): 81 - 84.
- [6] 孙晓华, 罗安程, 仇丹. 微生物接种对猪粪堆肥发酵过程的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2004, 10(5): 557 - 55.
- [7] 卢秉林, 王文丽, 李娟, 等. 添加小麦秸秆对猪粪高温堆肥腐熟进程的影响[J]. 环境工程学报, 2010, 4(4): 926 - 930.
- [8] 钱晓雍, 沈根祥, 黄丽华, 等. 畜禽粪便堆肥腐熟度评价指标体系研究[J]. 农业环境科学学报, 2009, 28(3): 549 - 554.
- [9] 金珠理达, 王顺利, 邹荣松, 等. 猪粪堆肥快速发酵菌剂及工艺控制参数初步研究[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(3): 586 - 591.
- [10] PARTANEN P, HULTMAN J, PAULIN L, *et al.* Bacterial Diversity at Different Stages of the Composting Process[J]. BMC Microbiology, 2010, 10(1): 94.
- [11] PUHL A A, SELINGER L B, MCALLISTER T A, *et al.* *Actinomadura keratinilytica* sp. Nov. , a Keratin-Degrading Actinobacterium Isolated From Bovine Manure Compost[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2009, 59(4): 828 - 834.
- [12] 殷克东, 王海青, 黄鑫. 生物有机肥研究综述[J]. 信阳农业高等专科学校学报, 2010, 20(2): 116 - 119.
- [13] 黄丹莲, 曾光明, 黄国和, 等. 微生物接种技术应用于堆肥化中的研究进展[J]. 微生物学杂志, 2005, 25(2): 60 - 64.
- [14] 王宇, 赵述森, 胡咏梅, 等. 几种微生物及其组合在猪粪堆肥发酵中的作用[J]. 湖北农业科学, 2009, 48(1): 81 - 84.
- [15] 贾聪俊, 张耀相, 杜鹤辰, 等. 接种微生物菌剂对猪粪堆肥效果的影响[J]. 家畜生态学报, 21, 32(5): 73 - 76.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 433 - 440.
- [17] 黄国锋, 钟流举, 张振钿, 等. 猪粪堆肥化处理过程中的氮素转变及腐熟度研究[J]. 应用生态学报, 2002, 13(11): 1459 - 1462.
- [18] 徐灵, 王成端, 姚岚. 污泥堆肥过程中主要性质及氮素转变[J]. 生态环境, 2008, 17(2): 602 - 605.
- [19] GARCIA C, HERNANDEZ T, COSTA F, *et al.* Evaluation of the Maturity of Municipal Waste Compost Using Simple Chemical Parameters[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 1992, 23(13/14): 1501 - 1512.

**作者简介:** 徐庆贤(1979—), 男, 福建周宁人, 助理研究员, 硕士, 主要研究方向为农村能源及农业环境保护。E-mail: xqx591@126.com

## 《中国生态农业模式与案例》简介

中国是一个农业大国, 生态农业在中国不是一个新事物。农业可持续发展是国民经济可持续发展的根本保障和基本前提, 对国家和地区的可持续发展起着至关重要的作用。但是, 随着农业生产方式的社会化, 中国和其他国家同样面临着如何转变整个农业系统, 使其在生态环境、社会和经济等各方面实现可持续发展的问题。

中国传统生态农业的基础是中国 4 000 年的农业文明史, 传统农业也是中国各族人民在长期的生产和生活实践中积累的知识、技术和经验, 是民族文化的结晶。中国生态农业的悠久历史和不断实践是为现在和将来提供可持续方式选择的宝贵遗产。

由薛达元等编著、中国环境科学出版社出版的《中国生态农业模式与案例》一书, 在文献调研和实际案例分析的基础上, 较为全面和系统地总结了现有中国传统生态农业的经验和模式。全书共 8 章 37 万字。第 1 章介绍了生态农业的基本概念、理论基础和发展概况等基础知识; 第 2 ~ 6 章分别介绍了生物立体共生、物质循环利用、生物相克避害、主要因子调控和区域整体规划等中国不同的生态农业类型; 第 7 章主要介绍了典型地区的生态农业模式案例; 第 8 章在资料分析和实地调研的基础上, 分析了中国生态农业发展面临的问题, 提出了相应的对策和建议, 展望了中国生态农业的发展趋势。

该书是一系列相关研究项目成果的汇集, 是中国生态农业传统知识的总结。该书对中国生态农业经验和模式的阐述有利于挖掘和探讨传统生态农业的内涵, 对发展中国特色的现代农业具有重要意义, 对国内外相关科研工作者和政策制定者具有重要的参考价值。

(武建勇)