

唐 波,顾佳宇,董存明,等. 微生物促腐剂在木薯酒糟污泥好氧堆肥中的应用[J]. 江苏农业科学,2017,45(23):284-287,295.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.23.077

微生物促腐剂在木薯酒糟污泥好氧堆肥中的应用

唐 波^{1,2}, 顾佳宇², 董存明², 徐清辉², 余晓斌¹

(1. 江南大学生物工程学院工业生物技术教育部重点实验室,江苏无锡 214122; 2. 江苏联海生物科技有限公司,江苏海门 226133)

摘要:比较了不同微生物促腐菌剂对木薯酒糟污泥好氧堆肥的应用效果。以木薯酒糟污泥作为堆肥原料,选用不同微生物促腐剂(商品化菌剂 M1,前期试验制得的菌剂 M2、M1 和 M2 的复配菌剂 M3)进行高温好氧堆肥发酵试验。测定不同阶段物料的理化指标,研究其差异及变化趋势。结果表明,不同微生物促腐剂均能加速木薯酒糟污泥堆肥腐熟,以微生物促腐剂 M2 处理的堆肥效果最为明显,比对照 F0 提前 5 d 达到高温期,显著缩短腐熟时间。堆肥结束,菌剂 M2 处理的堆肥含水率和 pH 值均最低,有机质降解最快,具有较好的养分保存作用。综合分析,自制促腐菌剂 M2 对酒糟污泥的堆肥效果最好,本研究对于微生物促腐剂的选择具有重要的指导意义。

关键词:木薯酒糟污泥;微生物促腐剂;堆肥;发酵;理化指标;腐熟时间;含水率;pH 值;养分
中图分类号: S141.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2017)23-0284-04

随着石油价格的持续上涨,生物燃料乙醇行业逐渐兴起,利用荒山荒坡以及盐碱地种植木薯生产生物乙醇是发展生物能源的主要途径之一^[1]。目前我国 1/3 乙醇行业采用木薯为原料^[2],发酵后剩余的木薯酒糟污泥固体废弃物的处理方式一般为制备肥料、饲料、酶制剂^[3]和提取蛋白^[4]等。而在酒糟污泥中接入好氧微生物发酵菌剂,生产生物有机肥是目前较为新颖和行之有效的途径之一,这是因为木薯酒糟污泥中含有大量的有机质和微量元素,且不含重金属、蛔虫卵、药物残留,是生产有机肥的良好材料。不仅可以实现废弃物的增值和资源利用,也减少了废弃物的污染。然而酒糟污泥中含量较高的木质纤维素组分分解困难,导致堆肥腐熟不彻底,堆肥质量不高,因此加速纤维素的分解成为农业废物木薯酒糟污泥堆肥充分腐熟的关键。而微生物在纤维素的生物转化与利用中具有非常重要的作用,不少研究者采用添加微生物促腐剂即纤维素分解菌的方法来促进堆肥腐熟,提高腐熟效率。沈根祥等研究指出,添加菌剂能使堆肥最高温度提高 2~10℃,较未添加菌剂的处理提前 10 d 左右腐熟^[5]。因此向堆体添加微生物菌剂,已成为一条加快腐熟的有效途径^[6]。本研究通过比较不同微生物促腐剂的促腐效果,旨在为加快微生物促腐剂的规模化应用以及木薯乙醇发酵废弃物的资源化利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 堆肥物料 试验所用木薯酒糟污泥来自于江苏联海生物科技有限公司上游项目木薯乙醇发酵的废弃物,添加小麦秸秆作为辅助原料(来自于公司附近的农田),以调节 C/N

的值,两者具体理化性质见表 1。

表 1 堆肥原料基本理化性质

原材料	有机质含量 (%)	含水量 (%)	全氮含量 (%)	全磷含量 (%)	全钾含量 (%)	pH 值
污泥	62.27	39.45	1.04	0.64	0.38	7.92
小麦秸秆	93.28	72.80	0.85	0.60	0.78	6.87

1.1.2 菌剂来源

1.1.2.1 商品化菌剂 购自无锡中科活力生物科技有限公司的复合发酵菌剂商品(由真菌、细菌按一定比例混合而成),命名为 M1,堆肥试验时直接使用。

1.1.2.2 自制菌剂 该菌剂由前期试验所得,为笔者所在实验室自主筛选的复合菌剂,菌剂中 5 株菌株分离自秸秆堆肥处和木薯酒糟污泥等样品,分别为 G22(阿耶波多芽孢杆菌)、N24(连接假单胞菌)、MJ(米曲霉)、MR(木霉)、K2(阿氏肠杆菌),通过菌株配伍发酵条件的优化,复合菌剂的最佳发酵条件:接种量为 4.5%、温度为 25℃、pH 值为 6.5、培养时间为 4 d、碳源为淀粉;各菌株的混合配比为 G22:N24: MJ: MR: K2 = 1:2:3:2:1,经扩大培养后制成菌剂并命名为 M2。

1.2 堆肥设计

堆肥试验于 2015 年 5—6 月在江苏联海生物科技有限公司有机肥厂进行。试验设置 4 个处理,每个处理重复 3 次,具体见表 2。

表 2 不同堆肥处理

堆肥处理编号	木薯酒糟+小麦秸秆	菌剂 M1	菌剂 M2	菌剂 M3 (M1+M2)
F0	+	-	-	-
F1	+	+	-	-
F2	+	-	+	-
F3	+	-	-	+

注:“+”表示该物料添加,“-”表示不添加,菌剂 M3 由 M1 与 M2 等比例混合而成。

收稿日期:2016-06-24
基金项目:江苏省科技支撑计划(编号:BE2014662)。
作者简介:唐 波(1981—),男,江苏连云港人,硕士,工程师,主要研究方向为发酵工程、功能性微生物选育及资源综合利用技术的研究。E-mail:btangchn@163.com。

用粉碎机将小麦秸秆切成 2 cm 左右的小段,依据木薯酒精污泥与秸秆的全碳氮含量将堆体 C/N 的值调整为 25/1。各处理组的干物质量为 5.0 kg,促腐剂以堆肥量 0.2% (质量浓度) 添加,在堆制时均匀混于堆体物料中,并控制最终的水分含量为 60%,采用垛堆结构进行堆肥,每 4 d 定时混合均匀翻堆 1 次。

1.3 测定项目

1.3.1 样品采集与保存 试验于 2015 年 5 月 10 日开始,到 6 月 10 日结束,共计 32 d。于堆肥试验后 0、4、8、12、16、20、24、28、32 d 采样,每次翻堆后从堆体的上、中、下各部多点采样,并将其混合均匀,其中一部分鲜样密封后冷藏保存待测水溶性指标,另一部分进行自然风干后测定矿质全量^[7]。

1.3.2 堆肥理化指标的测定 每天 09:00 和 15:00 测定堆肥上、中、下部位 3 个层次的温度,经 15 ~ 20 min 平衡后读数,计算平均值并记录室温。同时称取 5 g 新鲜样品,用去离子水以 1 g : 10 mL 混匀,恒温振荡 2 h 后静置 30 min,测定样品的 pH 值。风干过后的样品,粉碎并过 1 mm 筛,用于有机质、全氮、全磷、全钾含量等理化性质的测定^[8]。

1.3.3 发芽指数 (I_c) 测定 取新鲜的堆肥发酵样品,按去离子水按 1 g : 10 mL 浸提 1 h,过滤,取滤液 5 mL 加到铺有 2 层滤纸的培养皿中,每个培养皿中均匀播放 30 粒颗粒饱满的白菜种子,以去离子水为对照,每个样品 3 次重复。在 25 °C 黑暗条件下培养 48 h 后取出测量种子根的长度,统计发芽率。 I_c 计算公式^[9]: $I_c = (\text{堆肥各处理种子发芽率} \times \text{种子根长}) / (\text{对照种子发芽率} \times \text{种子根长}) \times 100\%$ 。

1.4 数据处理

采用 Microsoft Excel 2007 和 SPSS 18.0 软件进行相关数据分析。

2 结果与分析

2.1 不同微生物促腐剂对堆体温度的影响

温度是影响高温堆肥过程以及微生物生命活动的重要因素之一,其高低决定了堆肥速度的快慢^[10]。由图 1 可以看出,堆体温度呈现规律变化,即各处理温度均出现先升高后缓慢下降的趋势,所有堆肥均能达到 50 °C 且持续 6 d 以上,符合高温堆肥过程的无害化卫生标准^[11]。研究表明,当堆肥的温度高于 55 °C 并保持 4 d 以上时,可杀死大部分病原菌^[12]。其中 F1 堆温 6 d 后即达到最高,为 57 °C; F2 在堆肥 5 d 后达最高温,为 61.4 °C; F3 在 5 d 后达最高温,为 56 °C。可见,添加微生物促腐剂的处理升温快,较对照 F0 提前 4 ~ 5 d 达到堆肥高温期,且 F1、F2、F3 高温持续时间分别为 10、13、11 d,而对照仅为 6 d。至堆肥后期,添加微生物菌剂的处理降温也快,降温幅度由大到小分别为 F2 > F1 > F3 > F0。综上,添加微生物菌剂可使堆肥高温期提前到达,并延长高温时间,其中以 F2 处理效果最佳,表明菌剂 M2 促进堆肥腐熟的效果优于其余菌剂。

2.2 不同微生物促腐剂对堆肥含水量的影响

堆肥过程中水分的下降与堆体温度上升有着密切的关系。由图 2 可以看出,添加促腐剂前期温度上升快,加速了水分的散失,因此前期的堆肥含水量迅速下降,且 F2 与 F1 较对照 F0 达显著差异 ($P < 0.05$)。至 20 d 时,由于进入堆肥后期

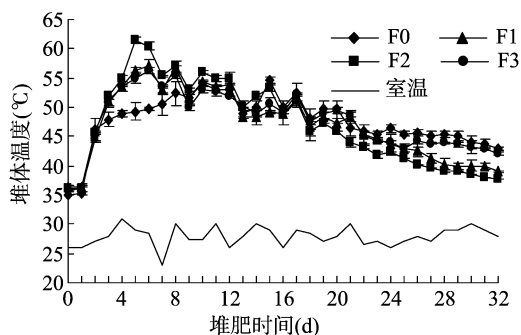


图1 堆肥过程中温度的变化

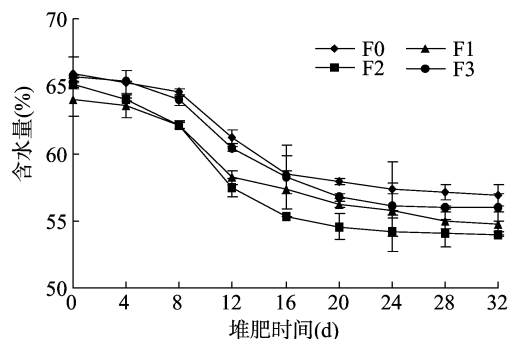


图2 堆肥过程中含水量的变化

发酵温度变低,物料含水量变化幅度不大,各处理组之间差异不显著。至堆肥结束,F2 处理的含水量达到最低,为 54.00%; F0 处理的含水量则为最高,为 56.89%; F1、F2、F3、F0 处理含水量较堆肥前分别减少 9.20%、11.12%、9.73%、9.07%。

2.3 不同微生物促腐剂对堆肥 pH 值的影响

由图 3 可以看出,各处理 pH 值随着堆肥的进行出现先上升后下降的趋势。推测堆肥初期,有机氮在微生物的作用下发生剧烈的矿化分解,通过产生的 NH_4^+ 从而显著提高 pH 值,F2 与 F3 处理的堆体 pH 值显著高于对照。在堆肥后期,硝化作用产生硝态氮以及微生物代谢产生有机酸而导致 pH 值又逐渐降低^[13],堆肥结束时,添加促腐剂的各个处理的 pH 值均显著低于对照,且 F2 处理最低,为 7.12,说明促腐剂处理能明显降低堆体 pH 值,对氨气释放有显著的抑制作用,且以促腐剂 M2 效果最为显著。

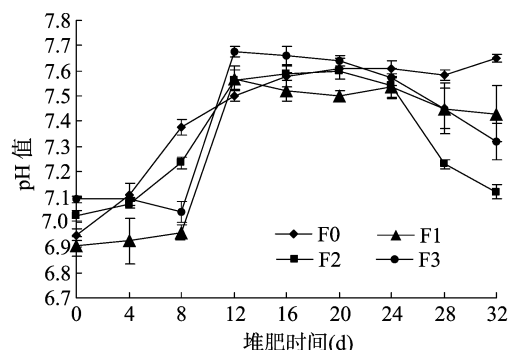


图3 堆肥过程中 pH 值的变化

2.4 不同微生物促腐剂对堆肥有机质含量的影响

堆肥化是利用微生物把有机物降解,转换成腐殖质的生物化学处理过程。堆体中的碳素物质等是微生物生命活动的组成元素与能量来源,是其赖以生存以及繁殖的最基本条件,

因而其含量的变化一定程度上反映出堆肥的进程^[14]。由图 4 可以看出,堆料中的有机质含量整体呈现不断降低的趋势。在堆肥前期添加菌剂的处理与对照之间差异并不明显,当至堆肥结束时,添加菌剂处理有机质含量明显降低,且降幅最大的是 F2 处理,下降至 33.98%,而对照 F0 下降至 38.67%,有机质含量降幅从大到小的顺序依次为 F2 > F1 > F3 > F0,这表明通过功能微生物活性的提高,促腐剂可有效促进有机物矿化和加速碳素分解,降解堆料中的有机质,而释放的物质也可为微生物的活动提供能量来源,更好地促进堆肥腐熟。

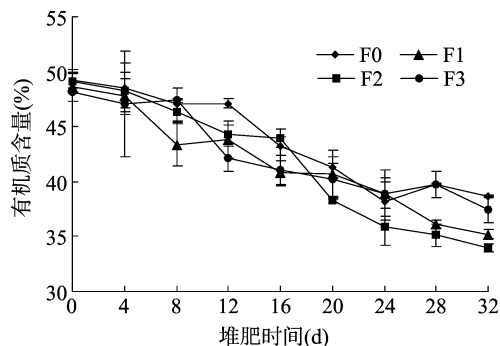
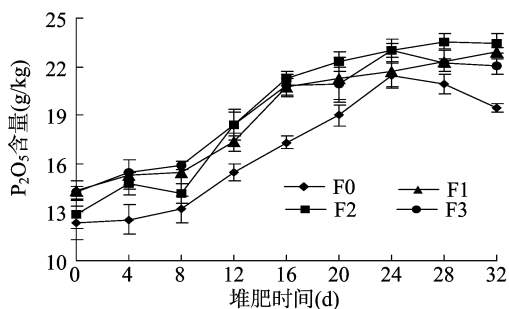


图4 堆肥过程中有机质含量的变化

2.5 不同微生物促腐剂对堆肥全氮含量的影响

氮素在微生物生长代谢中发挥着非常重要的作用,是微生物不可或缺的元素。通过微生物的作用,分解堆体中的有机物,全氮量即发生变化。如图 5 所示,各处理的全氮含量呈先下降后缓慢上升的趋势。这是因为堆肥前期有机氮分解转化为铵态氮, NH_3 挥发致使氮素损失明显。而堆肥发酵后



a. 全磷

期, pH 值有所降低,而 NH_3 的挥发也相对减少;另外随着堆体物料中有机物的分解, CO_2 与物料水分等物质的蒸发引起总干物质的减少而形成“浓缩效应”^[15],导致全氮含量在后期缓慢上升。添加促腐剂 M2 的堆体在堆肥全过程中全氮含量显著高于对照 F0,且在堆肥后期 20、24 d 时,显著高于其余添加促腐剂的处理,说明菌剂 M2 能显著抑制氮素养分的损失,保氮效果优于其他菌剂处理。

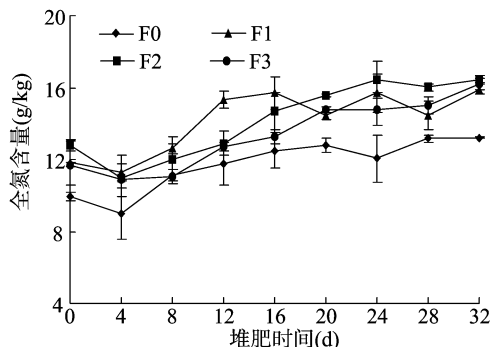
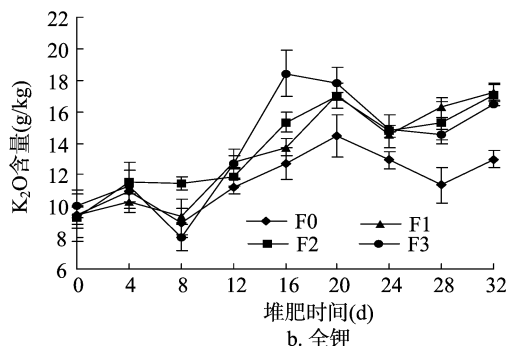


图5 堆肥过程中全氮(TN)含量的变化

2.6 不同微生物促腐剂对堆肥全磷和全钾含量的影响

由图 6 可知,酒糟污泥物料始末全磷 (P_2O_5) 和全钾 (K_2O) 含量均有所增加,添加微生物促腐剂的处理,增幅大于 CK,在堆肥结束时,各处理的全磷增幅含量分别为 59.29%、82.49%、54.02%、57.62%,堆肥 F2 全磷含量较其他处理增幅最大。全钾含量 F1 ~ F3、F0 比堆制前分别增加了 83.10%、84.51%、64.47%、38.23%。由于堆肥过程中产生的“浓缩效应”,造成了全磷和全钾含量在发酵结束后相对增加。



b. 全钾

图6 堆肥过程中全磷和全钾含量的变化

2.7 不同微生物促腐剂对堆肥 C/N 的的影响

C/N 的值是用于检验堆肥腐熟程度常用的指标之一,一般认为, C/N 的值从 25 ~ 30 下降至 16 以下时堆肥即为腐熟。由图 7 可以看出,接种促腐剂的处理 F1、F2、F3 在堆肥 24 d 时即已腐熟, C/N 的值比分别为 14.39、14.89、15.25,较对照提前了 4 ~ 8 d。Morel 等也采用 $T = (\text{终点 C/N 的值}) / (\text{初始 C/N 的值})$ 来评价堆肥的腐熟程度^[16],以此减少不同堆肥原料 C/N 比带来的差异,当 $T < 0.6$ 时,认为堆肥已腐熟。至堆肥结束时, F1、F2、F3、F0 的 T 值分别为 0.56、0.52、0.55、0.59,均已达到腐熟,这与 C/N 的值为标准的结果一致。可见,接种的微生物菌剂通过自身的生命活动,促进了有机物的分解,从而缩短了堆肥时间,提高了堆肥效率。

2.8 不同微生物促腐剂对堆肥过程中种子发芽指数的影响

种子发芽指数 I_c 值是腐熟度的重要参数之一,可用于判

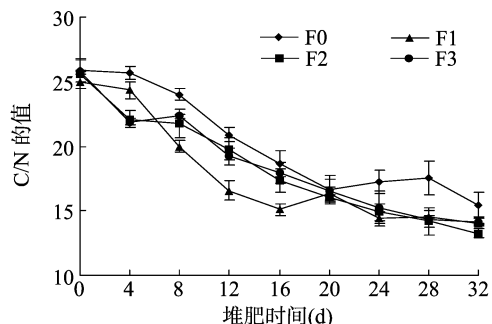


图7 堆肥过程中 C/N 比的变化

断肥料对植物的毒性^[17],它不仅考虑了种子的发芽系数,还考虑了植物毒性物质对种子生根的影响。当 $I_c < 50\%$ 时,肥料产品具有明显的毒性和抑制生长作用; I_c 为 50% ~ 80%

时,没有植物毒性或者基本腐熟; $I_c > 80\%$ 时,肥料产品已完全腐熟^[18-19]。如图 8 所示,堆肥初期,各处理发芽指数均小于 50%,接种促腐剂的处理与对照之间无明显差异。但随着堆肥进程的推移,堆肥对种子发芽指数的抑制作用逐渐减弱,16 d 时,接菌的堆肥处理与对照之间的 I_c 值开始出现明显差异,堆肥结束时,F1、F2、F3、F0 处理的堆肥 I_c 值分别为 104.67%、108.97%、102.55%、96.35%,均已完全腐熟。表明促腐剂的添加能明显加快物料中毒性物质的降解,使堆肥提前腐熟,以促腐剂 M2 的效果最为明显。

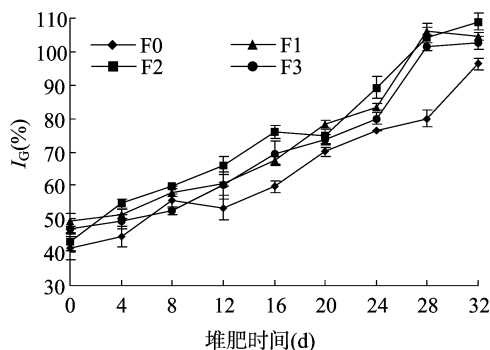


图8 堆肥过程中种子发芽指数(I_c)的变化

3 讨论

污泥堆肥是利用污泥中的好氧微生物进行好氧发酵的过程,微生物活动对污泥堆肥物料的分解起着重要作用,是影响堆肥提前腐熟的重要因素之一。近年来,关于在畜禽粪便发酵中添加微生物促腐剂的报道较多,而在以木薯酒糟污泥为原料,添加微生物菌剂发酵生成生物有机肥的研究报道则较少。本试验将实验室前期自主筛选的促腐菌剂 M2 与市售促腐菌剂接种于木薯酒糟污泥好氧堆肥中,研究接种菌剂对堆肥发酵的影响。结果表明接种促腐菌剂后,堆肥初期升温变快,高温期延长,能加速有机质分解,降低植物毒性,缩短堆肥时间,提高堆肥效率,这一结果与前人研究结论^[20-21]一致。

温度是堆肥腐熟过程中的一个重要指标,它是微生物代谢产生热量累积的结果,反映了微生物活性的变化与堆肥腐熟的程度^[22]。本研究发现,菌剂 M2 处理的堆肥升温时间最短、速度最快,高温可达 61.4 °C,且持续时间长达 13 d。由此可看出,菌剂 M2 较其余菌剂更适合于本区生态环境下的堆肥生产,这可能与 M2 菌剂中的菌株分离自本区有关,定殖效果优于其余菌剂。

水分也是影响堆肥效果的重要参数,适宜的含水量是堆肥成功的首要条件,水分过少会限制微生物的活动,堆体腐熟较慢;水分过多,堵塞堆肥的空隙,影响通气^[23]。本研究表明,新鲜的原始物料含水率处于 65.0% ~ 67.0% 之间,随着堆肥温度上升,物料含水率下降,其中 F2 处理下降速度最快,至堆肥结束时为 54.0%。推测促腐菌剂 M2 更能促使微生物活性增强,随着水分在堆体中移动,使堆肥腐熟均匀,最终提高肥料质量。

前人的研究表明,堆肥过程中 pH 值会随着堆肥的进行,先逐渐增加,最后又略微下降,这与本试验的结果一致,其中接种促腐剂的处理与对照之间差异显著^[24]。推测可能是随着堆肥进行,微生物大量分解有机质,小分子有机酸挥发,含

氮化合物分解产生大量铵态氮,致使 pH 值升高。而堆肥腐熟后期,微生物活性减弱,加之代谢产生酸造成 pH 值下降。

有机质作为微生物赖以生成与繁殖的基本条件,其含量的变化可反映堆肥腐熟的进程,根据其降解程度判断堆肥的腐熟度^[25]。本试验表明,添加微生物促腐剂的处理比对照有机质降解快,F2 处理降幅最大,为 15.12 百分点,推测接种的菌剂增强了功能微生物的生命活性,加速碳素物质分解。

综合堆体温度、C/N 的值、种子发芽指数等各项腐熟度指标,接种促腐剂处理能显著缩短堆肥时间,提高肥料腐熟效率,加速物料中毒性物质的降解,其中以促腐菌剂 M2 的效果最佳。

4 结论

堆肥过程表明,添加的微生物促腐剂均能使堆体快速升温,延长高温期,缩短到达堆体稳定期的时间以及实现良好的养分(全氮、全磷、全钾含量)保存效果,其中以菌剂 M2 效果最佳,与对照相比提前 5 d 进入高温期,最高温达 61.4 °C,高温期延长至 13 d。堆肥结束时,添加促腐剂 M2 的堆体含水率和 pH 值均最低,有机质降解最快。接种促腐剂均能达到堆肥无害化腐熟标准($I_c > 80\%$),而堆肥结束时,菌剂 M2 处理的堆体 I_c 值达最高值,为 108.97%,堆肥腐熟效果最佳。

参考文献:

- [1] 赵华,陈磊. 木薯酒糟污泥制生物有机肥途径探讨[J]. 酿酒,2010,37(4):44-46.
- [2] 朱元芳,张华,王旭初,等. 木薯块根贮藏物质的研究进展[J]. 热带农业科学,2006,26(1):64-68.
- [3] 施安辉. 国内白酒工业固体酒糟环保生态化利用的现状与前景[J]. 中国酿造,2006,156(3):4-7.
- [4] Cookman D J, Glatz C E. Extraction of protein from distiller's grain [J]. Bioresource Technology,2009,100(6):2012-2017.
- [5] 沈根祥,尉良,钱晓雍,等. 微生物菌剂对农牧业废弃物堆肥快速腐熟的效果及其经济性评价[J]. 农业环境科学学报,2009,28(5):1048-1052.
- [6] 丁文川,李宏,郝以琼,等. 污泥好氧堆肥主要微生物类群及其生态研究[J]. 重庆大学学报(自然科学版),2002,25(6):113-116.
- [7] 邓小垦,董存明,张彦龙,等. 生猪粪与香蕉茎秆高温堆肥的研究[J]. 南京农业大学学报,2014,37(3):83-87.
- [8] 中华人民共和国农业部. 有机肥料:NY 525—2002[S]. 北京:中国标准出版社,2002.
- [9] 王晓娟,李博文,刘微,等. 不同微生物菌剂对鸡粪高温堆腐的影响[J]. 土壤通报,2012,43(3):637-642.
- [10] 陈同斌,黄启飞,高定,等. 城市污泥好氧堆肥过程中积温规律的探讨[J]. 生态学报,2002,22(6):911-915.
- [11] 刘更另. 中国有机肥料[M]. 北京:农业出版社,1991.
- [12] Tiquia S M, Tam N F Y. Co-composting of spent pig litter and sludge with forced aeration[J]. Biores Technol,2000,72(1):1-7.
- [13] 王小琳,陈世昌,袁国锋,等. 促腐剂在鸡粪堆肥发酵中的应用研究[J]. 植物营养与肥料学报,2009,15(5):1210-1214.
- [14] 曾光明,黄国和. 堆肥环境生物与控制[M]. 北京:科学出版社,2006:360-375.

人工湿地对于绝对含量相对较低的 *txtB* 基因去除效果不佳, 由于 *txtB* 基因在屠宰废水中含量不高, 因此屠宰废水处理工程实例中可以采用表面流人工湿地作为有效降低抗生素抗性基因含量的工艺流程。

3 结论与讨论

从本次研究结果分析, 目前, 浙江中法农业科技发展有限公司屠宰废水处理工程可以有效去除大部分抗生素抗性基因, 工程中不同的处理流程对于不同的抗生素抗性基因处理效果不同, 厌氧处理工艺和氧化塘工艺可以通过减少微生物生物量有效地降低抗生素抗性基因的绝对含量, 但可能存在某些抗生素抗性基因累积风险, 而表面流人工湿地对于屠宰废水中抗生素抗性基因的绝对含量和相对丰度有有效的处理效果。研究表明, 在传统生物污水处理工艺基础上增加消毒工艺、高级氧化工艺等深度处理工艺可以更有效地消减抗生素抗性基因含量^[15], 为此建议企业在现有基础上增加深度处理工艺。

目前, 我国对于污水中抗生素抗性基因排放并无要求, 但考虑到抗生素抗性基因对人类带来的风险, 建议在经济条件允许的条件下, 企业尽量选择对于抗生素抗性基因处理效果好的污水处理工艺, 以便应对抗生素抗性基因污染。同时, 国家相关部门应尽快制定养殖业中合理使用抗生素的标准并出台抗生素及抗生素抗性基因污染治理的政策和法规, 以便规范养殖业健康良性发展并改善我国现阶段污染状况。

鉴于污水工程是抗生素抗性基因转移和传递的重要污染源, 建议未来关于抗生素抗性基因研究重点放在: (1) 抗生素抗性基因环境传播机制; (2) 污水处理过程中抗生素浓度、重金属含量及微生物群落与抗生素抗性基因的关系; (3) 污水处理工艺参数对抗生素抗性基因去除和累积的影响。

嘉兴市是国家首批海绵城市建设试点城市, 建议地方各级有关部门提高对抗生素抗性基因污染治理的重视程度, 加大对于抗生素抗性基因治理应用性研究成果的推广力度, 以便实现海绵城市对污染物削减率目标, 更好地为浙江省“五水共治”提供经验和技术支持。

参考文献:

[1] 刘 锐. 嘉兴市抗生素抗性基因的污染现状调查[J]. 东北农

(上接第 287 页)

[15] 马丽红, 黄懿梅, 李学章, 等. 两种添加剂对牛粪堆肥中氮转化及相关微生物的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2010, 28(1): 76–82.

[16] Morel J L, Colin F, Germon J C, et al. Methods for the evaluation of the maturity of municipal refuse compost[M]. London, UK: Elsevier Applied Science Publishers, 1985.

[17] Wang P, Changa C M, Watson M E, et al. Maturity indices for composted dairy and pig manures [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36(5): 767–776.

[18] 沈其荣, 王瑞宝, 王 岩, 等. 堆肥制作中的生物化学变化特征[J]. 南京农业大学学报, 1997, 20(2): 51–57.

[19] Riffaldi R, Levi – Minizi R, Pera A, et al. Evaluation of compost maturity by means of chemical and microbial analyses[J]. Waste Manage Res, 1986, 4(1): 387–396.

业科学, 2016, 41(2): 109–112.

[2] 沈群辉, 冀秀玲, 傅淑珺, 等. 黄浦江水域抗生素及抗性基因污染初步研究[J]. 生态环境学报, 2012, 21(10): 1717–1723.

[3] 梁惜梅, 聂湘平, 施 震. 珠江口典型水产养殖区抗生素抗性基因污染的初步研究[J]. 环境科学, 2013, 34(10): 4073–4080.

[4] 杨 颖. 北江水环境中抗生素抗性基因污染分析[D]. 广州: 中山大学, 2010: 36–60.

[5] 张瑞泉, 应光国, 丁永祯, 等. 广东西枝江 – 东江流域抗生素抗性基因污染特征研究[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(12): 2471–2479.

[6] 徐 艳, 张 远, 郭昌胜, 等. 石家庄汪洋沟地区抗生素、抗性细菌和抗性基因污染特征[J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(6): 1174–1182.

[7] 文汉卿, 史 俊, 寻 昊, 等. 抗生素抗性基因在水环境中的分布、传播扩散与去除研究进展[J]. 应用生态学报, 2015, 26(2): 625–635.

[8] 翟文超, 罗 义, 赵 静, 等. 抗生素抗性基因在典型行业和市政污水中的污染特征及消减研究进展[J]. 环境化学, 2014, 33(2): 206–216.

[9] 冀秀玲, 刘 芳, 沈群辉, 等. 养殖场废水中磺胺类和四环素抗生素及其抗性基因的定量检测[J]. 生态环境学报, 2011, 20(5): 927–933.

[10] 郑加玉, 刘 琳, 高大文, 等. 四环素抗性基因在人工湿地中的去除及累积[J]. 环境科学, 2013, 34(8): 3102–3107.

[11] 张子扬, 刘舒巍, 张 璐. 人工湿地去除畜禽养殖废水中磺胺类抗生素抗性基因研究[J]. 环境科学与管理, 2016, 41(5): 89–92.

[12] Joy S R, Bartelt – Hunt S L, Snow D D, et al. Fate and transport of antimicrobials and antimicrobial resistance genes in soil and runoff following land application of swine manure slurry[J]. Environmental Science & Technology, 2013, 47(21): 12081–12088.

[13] Barkovskii A L, Manoylov K M, Bridges C. Positive and negative selection towards tetracycline resistance genes in manure treatment lagoons[J]. Journal of Applied Microbiology, 2012, 112(5): 907–919.

[14] 杨 芳. 人工湿地中抗生素耐药菌和耐药基因环境行为研究[D]. 广州: 暨南大学, 2013: 49–50.

[15] 窦春玲, 郭雪萍, 尹大强. 污水处理厂抗生素抗性基因分布和去除研究进展[J]. 环境化学, 2013, 32(10): 1885–1893.

[20] 李 杰, 郁继华, 冯 致, 等. 不同微生物菌剂对牛粪好氧堆肥的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2014, 28(2): 109–113.

[21] 张相锋, 王洪涛, 聂永丰, 等. 猪粪和锯末联合堆肥的中试研究[J]. 农村生态环境学报, 2002, 18(4): 19–22.

[22] 王 岩, 李玉红, 李清飞. 添加微生物菌剂对牛粪高温堆肥腐熟的影响[J]. 农业工程学报, 2006, 22(增刊2): 220–223.

[23] Jimenez E I, Garcia V P. Composting of domestic refuse and sewage sludge . i. evaluation of temperature, pH, C/N ratio and cation – echange capacity [J]. Resources Conservation and Recycling, 1991, 6(1): 45–60.

[24] 艾 平, 张衍林, 李善军, 等. 农业废弃物处理技术的分析[J]. 环境整治, 2010(1): 59–63.

[25] Domeizel M, Khalil A, Prudent P. UV spectroscopy: a tool for monitoring humification and proposing an index of the maturity of compost[J]. Bioresouce Technology, 2004, 94(2): 177–184.