

孙旭,汝超杰,苏良湖,等. 3 种秸秆腐熟剂微生物组成及其腐熟效果[J]. 江苏农业科学,2018,46(3):212-215.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.03.054

3 种秸秆腐熟剂微生物组成及其腐熟效果

孙旭^{1,2}, 汝超杰³, 苏良湖², 陈玉东², 赵克强², 张龙江², 蔡金傍²
(1. 南京大学生命科学学院, 江苏南京 210023; 2. 环境保护部南京环境科学研究所, 江苏南京 210042;
3. 河海大学环境学院, 江苏南京 210098)

摘要:为了研究秸秆腐熟剂微生物组成,采用平板计数和高通量测序技术,考察秸秆腐熟菌剂的微生物数量和组成;同时将腐熟菌剂接种到以玉米秸秆和牛粪为材料的堆肥中,研究不同腐熟剂的腐熟效果。结果显示,3 种秸秆腐熟剂均由细菌、真菌、放线菌复合而成,活菌数为 $3.3 \times 10^{10} \sim 19.1 \times 10^{10}$ CFU/g,细菌约占活菌总数的 99.9%,南华腐熟剂中有效活菌数和细菌数最多。3 种腐熟剂样品细菌存在明显差异,康源腐熟剂以肠球菌(*Enterococcus*)为主,宜春腐熟剂以芽孢杆菌(*Bacillus*)和侧孢芽孢杆菌(*Brevibacillus*)为主,南华腐熟剂以魏斯氏菌(*Weissella*)和芽孢杆菌为主,真菌均为酿酒酵母(*Saccharomyces servazzii*)。3 种腐熟剂均能促进玉米秸秆腐熟,加快腐熟进程,其中以南华腐熟剂的腐熟效果最好。说明腐熟剂菌种组成是决定腐熟效果的关键因素,接种适宜腐熟菌能加速秸秆腐熟。

关键词:玉米秸秆;腐熟剂;微生物组成;腐熟菌种筛选;腐熟效果;高通量测序;细菌;真菌;放线菌;活菌数
中图分类号: X712;S182 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)03-0212-03

我国农作物秸秆的年产量在 7 亿 t 左右,利用率仅为 78%,约 2 亿 t 秸秆随意堆放在田间地头或焚烧,造成了巨大的资源浪费和环境污染^[1]。秸秆腐熟剂可加速秸秆中有机物的降解,发酵的有机肥施入农田中可增加土壤有机质含量,提高农作物抵御病害能力,加快农作物秸秆的资源化利用,减少秸秆焚烧带来的环境污染^[2-3]。目前,我国生产秸秆腐熟剂的企业约有 130 余家,登记的腐熟剂产品有 40 个左右,而作为腐熟剂的菌种则达 40 种,涵盖细菌、真菌和放线菌^[4]。经农业部土壤有机质提升补贴项目的实施,秸秆腐熟剂已有大量的应用,但存在腐熟剂种类多、菌种数量不足、菌种稳定性差、堆肥效果不理想的问题,不利于秸秆腐熟剂的推广与应用。以前对秸秆腐熟剂的研究大多集中在菌种筛选及腐熟性能方面,而对菌种组成与腐熟效果之间关系的研究较少^[5-7]。针对秸秆腐熟剂在使用过程中存在的问题,本研究以 3 种秸秆腐熟菌剂为研究对象,考察秸秆腐熟菌剂的菌种组成以及对玉米秸秆的腐熟效果,为秸秆腐熟菌种筛选以及腐熟剂的推广提供理论基础和技术指导,具有一定的理论和应用价值。

1 材料与方法

1.1 试验材料

玉米秸秆和牛粪分别由南京六合勤丰秸秆有限公司和江苏镇江三明生物有限公司提供,基本性质见表 1。秸秆腐熟剂为康源绿洲有机肥发酵菌剂、宜春堆肥腐熟剂、南华千牧 EM 菌剂,3 种秸秆腐熟剂均为粉末状固体。

1.2 腐熟剂微生物组成分析

收稿日期:2016-08-23
基金项目:国家科技支撑计划(编号:2014BAL02B04-02)。
作者简介:孙旭(1986—),男,湖北襄阳人,博士,助理研究员,从事农业废弃物资源化技术研究。E-mail:sunxu98418@163.com。
通信作者:蔡金傍,博士,副研究员,从事农村环境污染防治研究。
E-mail:jnbingcai@126.com。

表 1 玉米秸秆和牛粪的基本特性					
材料	C 含量 (%)	N 含量 (%)	C/N	含水率 (%)	pH 值
玉米秸秆	40.88	1.28	31.94	11.92	6.69
牛粪	38.61	2.36	16.36	16.72	8.56

秸秆腐熟剂微生物数量采用平板稀释法测定^[8]。腐熟剂微生物组成采用高通量测序技术进行分析,按照 Fast DNA 试剂盒的操作说明提取腐熟剂基因组 DNA,用引物 338F/806R 和 817F/1196R 分别对细菌和真菌 16S/18S rDNA 基因进行 PCR 扩增^[9]。将 PCR 产物纯化后送上海美吉公司进行 Illumina Miseq 测序,分别获得细菌、真菌 16S/18S rDNA 基因 58 483、53 391 条原始序列,去掉长度小于 300 bp、含模糊碱基和引物碱基 2 个以上错配、单碱基重复超过 6 个的低质量序列后分别得到 34 512、25 393 条高质量序列,将获得的序列上传至核糖体数据库项目分类器[(RDP, ribosomal database project) classifier],得到细菌和真菌的分类信息。本研究 Illumina Miseq 测序获得的序列在 NCBI Sequence Read Archive(SRA)上的登录号为 SRX2010874。

1.3 堆肥试验

2015 年 8 月 4—30 日在环保部南京环境科学研究所,将 18.0 kg 玉米秸秆和 2.0 kg 牛粪混匀,调节含水率为 70%,C/N 约为 29,平均分装到 4 个 73 cm×53 cm×44 cm 的 180 L 塑料整理箱中,设置 1 个对照(CK)和 3 个秸秆腐熟剂处理组,各腐熟剂分别以 0.2% 的量接入堆体进行 25 d 的秸秆腐熟试验,于腐熟后 0.5、10、15、20、25 d 取发酵物于 -20℃ 下保存。

每天 14:00 用温度计监测堆体四周及中间区域 30 cm 深处的温度,取平均值作为堆体温度;取 3 g 堆肥样品,按照 1:10 加入蒸馏水,充分振荡、离心后测定上清液 pH 值;将烘干至恒质量的样品在 600℃ 马弗炉中灼烧 3 h 后称质量,计算挥发性固体物(VS)含量;采用 CHN-O-Rapid 元素分析仪测定堆肥样品的 C/N;种子发芽指数(GI)参考竹江良的方

法^[10]进行测定。

1.4 数据分析

试验结果以“平均值 ± 标准差”表示,采用 SPSS 18.0 软件进行数据方差分析(One-way ANOVA)检验处理间差异显著性,用 Duncan’s 法进行多重比较($P < 0.05$ 水平差异显著, $P > 0.05$ 水平差异不显著)。

2 结果与分析

2.1 腐熟剂微生物组成

2.1.1 腐熟剂微生物数量 3 种秸秆腐熟剂中活菌数为 $3.33 \times 10^{10} \sim 19.13 \times 10^{10}$ CFU/g(表 2),符合 GB 20287—2006《农用微生物菌剂》的标准,细菌是优势微生物,约占活菌总数的 99.9%,南华腐熟剂中细菌数量可达 19.13×10^{10} CFU/g,分别是康源和宜春腐熟剂细菌数量的 5.74、4.00 倍。腐熟剂中真菌和放线菌数量占活菌总数的 0.1% 不到,其中康源腐熟剂真菌数量最多,宜春腐熟剂放线菌数量最多,而南华腐熟剂中真菌和放线菌数量最少(表 2)。

表 2 3 种秸秆腐熟剂微生物数量

腐熟剂	细菌数量 ($\times 10^{10}$ CFU/g)	真菌数量 ($\times 10^6$ CFU/g)	放线菌数量 ($\times 10^6$ CFU/g)
康源	$3.33 \pm 0.21a$	$2.75 \pm 0.45b$	$0.36 \pm 0.01b$
宜春	$4.78 \pm 0.50ab$	$2.20 \pm 0.40b$	$4.04 \pm 0.05c$
南华	$19.13 \pm 2.81b$	$0.058 \pm 0.007a$	$0.041 \pm 0.005a$

注: $n=3$;同列数据后不同的字母表示在 0.05 水平上差异显著。

2.1.2 腐熟剂微生物组成 为了解腐熟剂中微生物组成,采用高通量测序方法对腐熟剂中细菌和真菌种类进行分析,在 97% 相似度水平下分别将细菌、真菌序列统一测序深度至 8 000、6 000,细菌和真菌的分类信息如表 3 所示,3 种秸秆腐熟剂中细菌和真菌种类存在明显差异,细菌序列可分为 13 门 28 纲 54 属,主要分布在厚壁菌门芽孢杆菌纲,相对丰度为 90.5% ~ 96.4%。康源腐熟剂主要以肠球菌(*Enterococcus*)为主,与屎肠球菌(*Enterococcus faecium*)相似度达到 99%;宜春腐熟剂则以芽孢杆菌(*Bacillus*)和侧孢芽孢杆菌(*Brevibacillus*)为主,南华腐熟剂以魏斯式菌(*Weissella*)和芽孢杆菌为主。真菌序列主要是子囊菌门酵母菌纲酵母菌(*Saccharomyces*),与酿酒酵母(*S. servazzii*)相似度达到 100%,相对丰度在 80.62% ~ 99.76%。

表 3 3 种腐熟剂微生物组成

种类	属	相似种(相似度)	相对丰度(%)		
			康源	宜春	南华
细菌	芽孢杆菌	<i>B. tequilensis</i> (99%)	0	67.24	29.74
	侧孢芽孢杆菌	<i>B. laterosporus</i> (100%)	0	26.57	0
	肠球菌	屎肠球菌(99%)	81.51	0	0
	魏斯式菌	<i>W. confusa</i> (99%)	0	0	57.19
	其他		18.49	6.19	13.07
真菌	酵母菌	酿酒酵母(100%)	96.21	80.62	99.76

2.2 腐熟剂腐熟效果

2.2.1 腐熟过程中的温度变化 温度是玉米秸秆腐熟程度的一个重要表征参数,不同腐熟剂对玉米秸秆腐熟温度的影响如图 1 所示,添加腐熟剂有助于提高玉米秸秆腐熟的最高温度以及延长高温阶段($>45^{\circ}\text{C}$)持续时间。不加腐熟剂的玉米秸秆最高腐熟温度为 42°C ,并未进入高温腐熟阶段。而

添加康源、宜春、南华腐熟剂后,玉米秸秆的最高腐熟温度分别达到 51°C 、 45°C 、 56°C ,高温腐熟阶段分别维持在 5、1、5 d。堆体温度在 50°C 以上保持 5 ~ 7 d,是保证堆肥达到卫生学指标和腐熟的必要条件,添加康源和南华腐熟剂的堆肥均能满足堆肥卫生指标的要求,其中南华腐熟剂对玉米秸秆的高温降解更彻底。

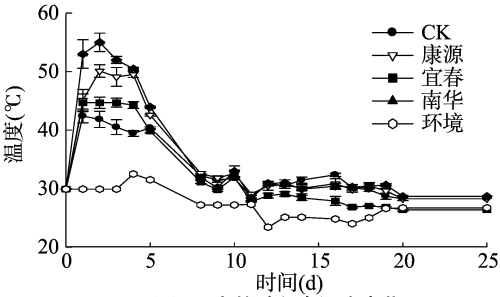


图 1 腐熟过程中温度变化

2.2.2 腐熟过程中 pH 值的变化 pH 值是影响微生物活性的主要因子之一。如图 2 所示,玉米秸秆腐熟过程中 pH 值呈现逐渐上升的趋势,腐熟初期上升最快,添加康源和南华腐熟剂的玉米秸秆 pH 值高于对照的 pH 值,而添加宜春腐熟剂的玉米秸秆 pH 值低于对照的 pH 值,可能是由于接种康源和南华腐熟剂加速了玉米秸秆的矿化,产生大量的 NH_3 ,从而导致 pH 值的增加。到 25 d 时各处理组的 pH 值在 8.4 ~ 8.8 之间,符合堆肥腐熟 pH 值在 8.0 ~ 9.0 的要求。

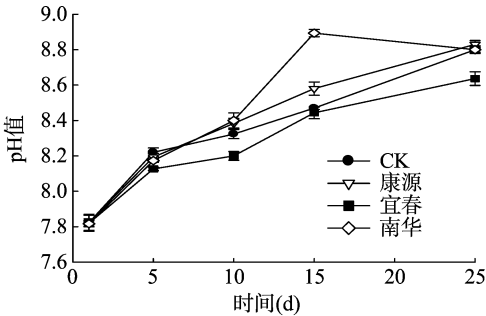


图 2 腐熟过程中 pH 值的变化

2.2.3 腐熟过程中挥发性固体物含量的变化 腐熟过程中挥发性固体物质的变化可以反映玉米秸秆中有机质的降解情况,结果如图 3 所示。添加腐熟剂处理堆肥的 VS 含量均低于对照处理,表明 3 种腐熟剂均能促进玉米秸秆有机质的降解。其中,康源和南华腐熟剂对玉米秸秆的降解效果较好,经过 25 d 的腐熟,VS 含量分别减少到 69.45% 和 69.14%。

2.2.4 腐熟过程中 C/N 的变化 玉米秸秆腐熟过程中 C/N 的变化如图 4 所示,添加腐熟剂处理组的 C/N 在腐熟后 5 d 已降至 20 以下,而对照组则需要 15 d 的时间;经 25 d 腐熟后,4 个处理组 C/N 在 13.43 ~ 14.22 之间,且已完全腐熟。表明 3 种腐熟剂均能促进玉米秸秆腐熟,缩短达到腐熟的时间,3 种腐熟剂对玉米秸秆腐熟过程中 C/N 没有明显影响。

2.2.5 腐熟过程中 GI 的变化 种子发芽指数(GI)常被用来测定堆肥的生物毒性,是表征堆肥腐熟水平的重要生物学指标之一。不同处理组的 GI 值呈先下降后上升的趋势(图 5),在腐熟后 5 d 时 4 个处理组 GI 值均低于 70%,添加腐熟剂组 GI 值均低于对照组,这可能是由于接种腐熟剂后加快有

机质的降解,产生了较多的有毒物质(氨和低级脂肪酸等),抑制了水藓种子的发芽。在腐熟后 15 d 时添加腐熟剂组 GI 值均大于 80%,而对照组 GI 值在腐熟后 20 d 才达到 80%,经

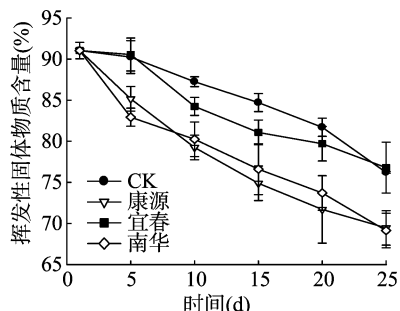


图3 腐熟过程中挥发性固体物质(VS)的变化

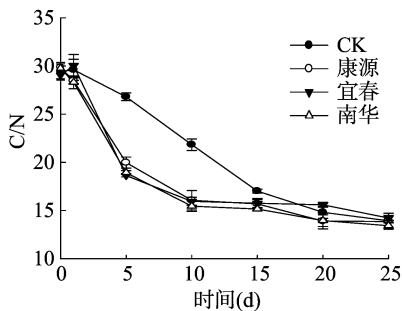


图4 腐熟过程中 C/N 的变化

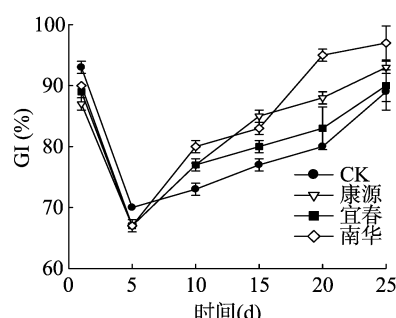


图5 腐熟过程中种子发芽率的变化

3 讨论

秸秆腐熟剂的菌种组成通常决定了腐熟剂的腐熟效果,因此本研究随机选取 3 种秸秆腐熟菌剂,考察其菌种组成以及对玉米秸秆的腐熟效果。以前对秸秆腐熟剂成品的研究主要集中在腐熟特征及腐熟剂筛选上,而对菌种组成与腐熟效果之间关系的研究较少,尤其是采用高通量测序方法研究腐熟剂菌种组成还鲜有涉及^[5-7,11-12]。本研究通过平板计数及焦磷酸测序得到的细菌(13 门和 54 属)和真菌(1 门和 1 属)分类结果显示,3 种腐熟剂均由多种微生物菌种复合而成,以细菌为主、真菌和放线菌为辅,细菌的种类多于真菌,腐熟剂中有效活菌数量达到 $5.5 \times 10^{10} \sim 19.1 \times 10^{10}$ CFU/g,与前人的研究结果^[13]一致。与克隆文库相比,高通量测序方法能反映腐熟剂中更多的微生物信息,本研究中康源腐熟剂中肠球菌序列与屎肠球菌相似度达到 99%,屎肠球菌虽然是一种发酵能力较强的菌株,但也是一种条件致病菌,存在潜在环境风险^[12,14-15]。宜春和南华腐熟剂中细菌主要是芽孢杆菌、侧孢芽孢杆菌、魏斯式菌,这些菌株对玉米和水稻秸秆具有很强的降解能力^[16-17]。3 种腐熟剂中真菌种类较为单一,以酿酒酵母为主,其常作为厨余垃圾堆肥初期的接种菌剂,有助于加速堆肥的进行^[18]。

为了验证 3 种腐熟剂对玉米秸秆的腐熟效果进行 25 d 的腐熟试验,结果表明,3 种腐熟剂均能促进玉米秸秆腐熟升温,延长高温阶段持续时间,降低挥发性固体物质和 C/N,减少腐熟物的植物毒性,缩短腐熟时间,加快腐熟进程。大量的研究表明,在自然堆肥初期接种微生物菌剂能增加堆肥初期微生物数量,提高微生物代谢活性,加快有机物的降解,促进堆料的腐熟,例如在堆肥初期接种芽孢杆菌和链霉菌,可在堆肥过程中增加细菌数量,加速有机质分解^[19];接种 EM 菌剂有利于堆肥矿化作用,缩短堆肥腐熟时间 5~8 d^[20]。但也有学者认为,接种的外源微生物在与土著微生物竞争过程中处于劣势,难以形成优势菌,所以没有必要接种微生物菌剂^[21]。

3 种腐熟剂以南华腐熟剂对玉米秸秆的腐熟效果最好,接种南华腐熟剂处理组升温最快,高温维持时间最长,VS 含量降低得最多,GI 值最高,这可能与接种腐熟剂的有效活菌数量和种类有关。在同等接种量下,南华腐熟剂中有效活菌数量可达 19.13×10^{10} CFU/g,分别是康源和宜春腐熟剂细菌数量的 5.74、4.00 倍左右,可以增加腐熟初期微生物数量。

过 25 d 腐熟,4 个处理组的 GI 值由高到低的顺序为南华 > 康源 > 宜春 > 对照,表明添加腐熟剂有助于降低秸秆腐熟发酵植物毒性,加快堆肥腐熟进程。

4 结论

南华腐熟剂中细菌主要是芽孢杆菌和魏斯式菌,真菌以酵母菌为主,这类微生物是常用的秸秆腐熟菌种,能产生纤维素酶、半纤维素酶类、葡聚糖酶等多种消化酶,对纤维素类的秸秆具有较强的降解能力,在有机肥制备、厨余垃圾处理以及环境净化方面有广泛的应用^[22-23]。

4 结论

本研究表明,接种腐熟剂有助于促进玉米秸秆的腐熟,由于不同的腐熟剂中微生物种类不同,对堆肥腐熟程度的影响存在差异,为接种的微生物菌剂提供菌种资源,主要结论如下:(1)3 种秸秆腐熟剂均为细菌、真菌、放线菌复合而成的微生物菌剂,有效活菌数由高到低依次为南华 > 宜春 > 康源,细菌是优势微生物;(2)3 种腐熟剂真菌以酿酒酵母为主,细菌组成存在明显差异,康源腐熟剂中细菌主要是肠球菌,宜春腐熟剂中细菌以芽孢杆菌和侧孢芽孢杆菌为主,南华腐熟剂则以魏斯式菌和芽孢杆菌为主,康源腐熟剂存在潜在的环境风险;(3)3 种腐熟剂均能促进玉米秸秆腐熟,缩短腐熟时间,达到无害化标准,其中南华腐熟剂更有利于玉米秸秆的分解,腐熟效果更好。

参考文献:

- [1] 靳贞来,靳宇恒. 国外秸秆利用经验借鉴与中国发展路径选择[J]. 世界农业,2015,5(5):129-132.
- [2] Mehta C M, Palni U, Franke - Whittle I H, et al. Compost: its role, mechanism and impact on reducing soil - borne plant diseases[J]. Waste Management, 2014, 34(3): 607-622.
- [3] Martinez - Blanco J, Lazcano C, Christensen T H, et al. Compost benefits for agriculture evaluated by life cycle assessment: a review[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2013, 33(4): 721-732.
- [4] 张鑫. 国内秸秆腐熟剂种类及生产应用情况[J]. 科技致富向导, 2014(27): 32.
- [5] Zhang J C, Zeng G M, Chen Y N, et al. Phanerochaete chrysosporium inoculation shapes the indigenous fungal communities during agricultural waste composting[J]. Biodegradation, 2014, 25(5): 669-680.
- [6] Jusoh M L, Abd M L, Latiff P A. Composting of rice straw with effective microorganisms (EM) and its influence on compost quality[J]. Journal of Environmental Health Science and Engineering, 2013, 10(17): 1-9.

龚新蜀, 韩美玲. 干旱区生态脆弱性变化趋势及影响因素——以新疆为例[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(3): 215–218.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.03.055

干旱区生态脆弱性变化趋势及影响因素 ——以新疆为例

龚新蜀, 韩美玲

(石河子大学经济与管理学院, 新疆石河子 832003)

摘要:基于 2001—2014 年新疆统计年鉴数据, 从自然因子、资源环境、经济发展、社会发展 4 个层面选取 20 个指标对新疆生态环境脆弱性进行评价。结果表明: 近十几年来, 新疆生态脆弱度年际变化有波动, 整体呈显著下降趋势, 生态环境质量有所好转。各指标与生态脆弱度的关联度由大到小依次为农业产值占 GDP 比重、人口自然增长率、环境污染投资总额占 GDP 比重、有效灌溉程度、年平均降水量、人均能源消耗量、农民人均纯收入。各年生态脆弱的主要贡献因子变化较大, 因子贡献度也有所差异。由此提出加快新疆产业结构升级步伐、控制人口增长速度、加大环境污染投资力度、推广农业节水灌溉技术的对策建议。

关键词:干旱; 生态脆弱性; 变化趋势; 影响因素; 主要驱动因子; 生态环境质量; 新疆; 贡献度; 熵值法; 关联度; 对策建议

中图分类号: F323.22

文献标志码: A

文章编号: 1002-1302(2018)03-0215-04

生态环境是一定区域内气候、地貌、土壤、水文、动植物及人类活动等的综合, 它既受人类活动的影响, 又是人类赖以生

存的基础^[1-3]。随着人类经济社会的快速发展, 全球环境、气候发生一系列深刻而显著的变化, 对生态环境脆弱性的研究也逐渐提上日程^[4]。新疆地处我国西北边陲, 是我国典型的干旱区和生态脆弱区, 在国家“两屏三带”为主体的生态安全战略格局中, 新疆作为北方防沙带生态功能区, 肩负着“三北”地区生态安全屏障的重任, 承担着加强防护林建设、草原保护和防风固沙的生态职责, 对于新疆生态脆弱度的研究显得十分必要。已有研究多是对河流流域、绿洲城市、区际范围

收稿日期: 2017-05-24

基金项目: 国家社会科学基金(编号: 15BJL074)。

作者简介: 龚新蜀(1963—), 女, 四川遂宁人, 教授, 博士生导师, 研究方向为区域经济、产业经济。E-mail: xb@163.com。

通信作者: 韩美玲, 硕士研究生, 研究方向为区域经济、产业经济。E-mail: 630837357@qq.com。

[7] 潘明安, 黄仁军, 袁天泽, 等. 不同秸秆腐熟剂的玉米秸秆堆腐效果对比[J]. 江苏农业科学, 2013, 41(3): 303–304.

[8] 郝玉敏, 戴传超, 戴志东, 等. 拟茎点霉 B3 与有机肥配施对连作草莓生长的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(21): 6695–6704.

[9] 刘威. 甲苯降解真菌选育及应用其强化生物过滤运行性能研究[D]. 杭州: 浙江工业大学, 2015: 50–52.

[10] 竹江良, 刘晓琳, 李少明, 等. 两种微生物菌剂对烟草废弃物高温堆肥腐熟进程的影响[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(1): 194–199.

[11] Chen Y, Wang H W, Li L, et al. The potential application of the endophyte phomopsis liquidambari to the ecological remediation of long-term cropping soil[J]. Applied Soil Ecology, 2013, 67: 20–26.

[12] 李国媛. 秸秆腐熟菌剂的细菌种群分析及其腐熟过程的动态研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2007: 21–31.

[13] 杨帆, 罗琳, 魏建宏, 等. 腐熟剂快速分解水稻秸秆的机理及效果研究[J]. 湖南农业科学, 2012(3): 26–29.

[14] 谢伟, 景春梅, 王恩. 2009—2013 年重庆地区儿童感染粪肠球菌和屎肠球菌的临床分布及耐药性分析[J]. 中国抗生素杂志, 2015, 40(8): 611–616.

[15] 夏玉, 郑华, 林捷, 等. 屎肠球菌发酵特性及其功能性研究[J]. 食品工业科技, 2014, 35(12): 123–126, 132.

[16] 李红亚, 李术娜, 王树香, 等. 解淀粉芽孢杆菌 MN-8 对玉米秸秆

木质纤维素的降解[J]. 应用生态学报, 2015, 26(5): 1404–1410.

[17] 吴文韬, 鞠美庭, 刘金鹏, 等. 一株纤维素降解菌的分离、鉴定及对玉米秸秆的降解特性[J]. 微生物学通报, 2013, 40(4): 712–719.

[18] 罗源. 玉米秸秆高效降解菌的选育及其在乙醇生产中的初步应用[J]. 江苏农业科学, 2012, 40(12): 354–356.

[19] Maeda K, Hanajima D, Morioka R, et al. Characterization and spatial distribution of bacterial communities within passively aerated cattle manure composting piles[J]. Bioresource Technology, 2010, 101(24): 9631–9637.

[20] 杨梅玉. 蚯蚓堆制处理玉米秸秆机理研究[D]. 长春: 吉林大学, 2014: 15–25.

[21] 辛世杰. 微生物菌剂在有机废弃物堆肥中的作用及其机理研究[D]. 上海: 上海交通大学, 2012: 47–48.

[22] Asano R, Otawa K, Ozutsumi Y, et al. Development and analysis of microbial characteristics of an acidulocomposting system for the treatment of garbage and cattle manure[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2010, 110(4): 419–425.

[23] Dandi N D, Dandi B N, Chaudhari A B. Bioprospecting of thermo- and osmo-tolerant fungi from mango pulp-peel compost for bioethanol production[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2013, 103(4): 723–736.