

孙 谱,孙婉菁,石占成,等. 微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的应用综述[J]. 江苏农业科学,2020,48(15):57-63.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2020.15.010

微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的应用综述

孙 谱¹,孙婉菁¹,石占成¹,王 波¹,俞文生^{2,3},尹江海³

(1. 苏州大学建筑学院风景园林系,江苏苏州 215123; 2. 江苏省太湖常绿果树技术推广中心,江苏苏州 215107;
3. 苏州农业职业技术学院,江苏苏州 215008)

摘要:将越来越多的废弃物进行堆肥化处理是资源化利用废弃物的重要方式。将微生物菌剂接种于木本废弃物堆肥中,可以加快堆肥进程、提高堆肥品质,具有较好的应用前景。从木本废弃物堆肥化处理技术的原理着手,阐述了微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的作用机制,综述了微生物菌剂和微生物菌肥在木本废弃物堆肥中的功能与应用,从堆肥腐熟度和安全性角度总结了对微生物菌剂进行质量评价的方法,并对微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的应用前景作出展望,旨在为木本废弃物在相关领域的研究提供一定的参考。

关键词:堆肥;微生物菌剂;废弃物;木本

中图分类号: X705;S182 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2020)15-0057-07

木本废弃物包括林木生产过程中脱落和修剪产生的枝条、树叶等,其中的林木既有经济林,也有生态林,还包括城市园林。堆肥化处理是以木本废弃物为原料,通过添加适当的辅料,在微生物作用下,经过一定时间的好氧发酵,使原本废弃的木本枝叶经过腐熟,最终得到堆肥产品,进而实现废弃物的无害化、减量化、资源化利用的过程。传统的堆肥腐熟过程主要是一个由自然微生物参与的生理生化过程,时间长且效果不佳,而通过添加外源微生物即微生物菌剂可以加速该过程并提高堆肥的品质^[1]。

微生物菌剂在水污染控制、大气污染治理、有毒有害物质降解、清洁可再生资源的开发、废弃物资

源化、环境监测、环境污染的修复和污染严重工业的清洁生产等环境保护的各个方面发挥着极为重要的作用^[2]。在堆肥中,微生物菌剂可以通过加速和改善堆肥进程实现提高堆肥效率、改善产品品质的效果,进而推动木本废弃物堆肥化等经济环保的处理方式的规模化发展。

1 木本废弃物堆肥化技术

随着国民经济的快速发展,人们的生活水平持续提升,对优美生活环境的向往加深,经济林、生态林及城市园林绿化面积大幅增长,木本废弃物的数量也日益增加,在建设环境友好型、资源节约型社会时,如何将其进行科学处理与利用已经成为研究热点。过去,对这类废弃物的处理方式是作为燃料燃烧或填埋废弃,其经济利用价值很低,造成一定的资源浪费和环境污染。目前,木本废弃物的生态处理方式主要包括堆肥化处理技术、有机覆盖物技术、生物质能源处理技术等^[3]。堆肥化处理具有成本低、循环利用率

收稿日期:2020-05-13

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金[编号:CX(17)2016]。

作者简介:孙 谱(1995—),女,江苏镇江人,硕士研究生,主要从事农业资源开发与利用研究。E-mail:15051968917@163.com。

通信作者:尹江海,博士,副教授,主要从事农业资源开发与利用研究。E-mail:1085943573@qq.com。

参考文献:

[1]刘 旭,李立会,黎 裕,等. 作物种质资源研究回顾与发展趋势[J]. 农学报,2018,8(1):10-15.

[2]穆 平. 作物育种学[M]. 北京:中国农业大学出版社,2017:14-15.

[3]FAO. Second report on the state of the world's plants genetic resources for food and agriculture [M]. Rome: FAO Inter -

Departmental Working Group,2010.

[4]卢新雄,辛 霞,尹广鹏,等. 中国作物种质资源安全保存理论与实践[J]. 植物遗传资源学报,2019,20(1):1-10.

[5]曹永生,方 涛. 国家农作物种质资源平台的建立和应用[J]. 生物多样性,2010,18(5):454-460.

[6]王才林. 江苏省农业科学院粮食作物研究所辉煌八十年:1932—2012[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2012:2-16.

[7]王才林. 江苏省稻麦品种志[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2009.

高和能有效改良土壤等优点,已经成为当前最有效、最经济的可循环再利用技术之一。

1.1 好氧高温堆肥

木本废弃物堆肥处理的最主要方式就是好氧高温发酵。好氧堆肥的原理是通过好氧微生物在有氧条件下快速将木本废弃物中的有机质分解,其中一部分简单的有机质被微生物直接吸收利用,另一部分复杂的有机质在微生物的作用下被降解为无机物,最终转化为腐殖质^[4]。

好氧高温堆肥是一个复杂的生化过程,分为升温、高温、降温和腐熟4个阶段。在初始期,物料开始堆积,嗜温菌等微生物开始分解、吸收、转化活动,放出热量,从而使堆体温度在72 h内迅速升至65℃左右,此过程即为升温阶段。随后嗜热菌成为优势菌种,不断地进行有机质降解和自我生长繁殖,因此高温阶段可以持续较长一段时间,在此过程中可以杀死堆体中的杂草种子、虫卵和病害微生物等,此过程为高温阶段。随着高温的持续,有机质被大量分解转化,满足不了微生物生长的需要,微生物活性降低,温度逐渐下降而进入降温期。嗜温菌增殖再次成为优势菌,将难以降解的木质素、纤维素和半纤维素等转化为腐殖质,堆体温度降至环境温度。在整个好氧高温堆肥的过程中,堆肥温度随着微生物对可利用有机质的矿化和代谢而变化,因此温度的变化反映了微生物的整体活性^[5]。

1.2 堆肥条件的控制

影响堆肥过程的因素可以分为两大类:堆肥组合配方因素,如碳氮比(C/N)、pH值、粒径等;工艺管理因素,如O₂浓度、含水量和温度等。相关研究发现,堆肥初始的C/N为25~30较为适宜^[6]。C/N过高会使微生物有过多可降解的底物,使堆肥进程缓慢;而C/N较低会生成过量的无机氮并通过NH₃挥发或自然流失。在实践中可以根据废弃物中的碳、氮含量添加适量氮肥、禽畜粪便、膨脹剂等来调节C/N。微生物活动最适宜的酸碱环境是中性或偏碱性,即pH值为6~8的环境。事实上,pH值不是堆肥的关键因素,因为大多数材料的pH值都在这个范围内。但是pH值对于控制氮损失非常重要,当堆体的pH值>8时,NH₃的挥发量会迅速增加^[7]。颗粒大小(粒径)和分布对于平衡微生物生长的表面积和保持足够的孔隙度是至关重要的^[5],堆肥物料的粒径应尽量控制在60 mm以下,并且在一般情况下,粒径越小,颗粒的接触面积越

大,越有利于堆肥分解,但是太小的粒子会减小孔隙率,并且还要考虑机械设备与经济成本。堆体的水分含量会直接影响堆肥的速度,一般在堆肥初期堆体的水分含量应控制在50%~60%,水分含量过低会抑制微生物的生命活动,水分含量过高则会影响氧气的流动,当含氧量低于5%时,堆肥会转成厌氧发酵,造成养分流失,延缓降解的速度。含氧量过低所造成的影响与水分含量过低类似,可以通过人工翻堆和机器鼓风等方式通风供养,使空气氧含量保持在5%~15%,含氧量过高时,会使堆体冷却,残存大量病原菌和虫卵^[8]。在堆肥过程中温度的变化过程为升温—高温—降温,需要人为控制高温阶段的温度不高于80℃,因为当温度过高时,微生物难以耐受且极易引发火灾。由此可见,堆肥效率及堆肥品质都受各种因素的影响,目前关于堆肥反应器的较多研究工作,为堆肥发酵提供了更加适宜的环境和更加高效便利的方法。

1.3 减少氮素损失

在好氧高温堆肥过程中,微生物不断发生代谢活动,经过氨化作用、氨同化作用、硝化作用及反硝化作用的氮素循环而排放出大量NH₃,加上渗滤液中水溶性氨的流失,对环境产生了严重污染^[9]。与其他类型废弃物不同的是,木本废弃物中的有机氮含量很低,微生物在氮供应不足的条件下生长受到抑制,会保留大部分固定化有机氮而减少NH₃的挥发,从而排放CH₄、N₂O等气体,对于全球变暖构成很大威胁。

根据木本废弃物堆肥中氮的转化途径,将含氮量较高(如食物残渣、畜禽粪便等)和含氮量较低(如树木枝叶、秸秆等)的废弃物混合以调节堆体的C/N和容重,可以减少由含氮量过低引起反硝化作用而产生的有害气体量。有研究发现,在木本废弃物中添加畜禽粪便,特别是鸡粪,能够促进NH₄⁺-N向NO₃⁻-N以及总有机碳(TOC)向腐殖质的转化,减少N₂O、CH₄的排放,同时可以提高产品的成熟度和安全性^[10]。此外有研究发现,添加生物炭或生物炭混合蒙脱土作为生物底物可以有效减少堆肥过程中的氮素损失^[11-12]。

2 微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的作用机制与应用

2.1 木本废弃物堆肥中微生物的菌系分布

木本废弃物好氧高温堆肥过程中参与的微生物

物群落是一个数量庞大的群体,目前已经鉴定出了 物菌系有细菌、真菌和放线菌3个。较多类别。由表1可以看出,目前已经鉴定的微生物

表1 木本废弃物堆肥中的常见微生物菌系及其功能

| 菌种名称 | 类型 | 在堆肥中的特点及功能 |
|---------|-----|---|
| 芽孢杆菌 | 细菌 | 具有耐高温、快速复活和较强的酶分泌能力等特点,能快速降解大分子物质,产生细菌素以抑制病原菌 |
| 地杆菌 | 细菌 | 异化 Fe(Ⅲ)还原菌,具有生物修复功能 |
| 枯草芽孢杆菌 | 细菌 | 快速净化水质,快速降解纤维素、蛋白质、脂肪等,保护水环境,改良土壤,可耐高温 |
| 地衣芽孢杆菌 | 细菌 | 降解纤维素、蛋白质及脂肪类大分子,缩短厌氧发酵时间,提高沼气产量,可耐高温 |
| 假单胞菌 | 细菌 | 具有固定 N ₂ 、反硝化和降解污染物的能力 |
| 乳杆菌 | 细菌 | 出现在堆肥的早期阶段,能产生大量乳酸 |
| 固氮菌 | 细菌 | 将空气中植物无法吸收的氮气转化成氮肥,源源不断地供植物使用 |
| 梭菌 | 细菌 | 水解糖和蛋白质,通常从糖或蛋白胨中产生混合的有机酸和醇类 |
| 青霉菌 | 真菌 | 耐热性强,产生抗生素,抑制蛋白质、核酸及细胞壁的生成 |
| 曲霉 | 真菌 | 分解蛋白质等复杂有机物,加速堆肥进程 |
| 毛霉菌 | 真菌 | 具有较强的分解蛋白质的能力,加快堆肥腐熟 |
| 黑孢 | 真菌 | 参与堆肥前期的微生物群落活动 |
| 双足囊菌 | 真菌 | 参与堆肥前期的微生物群落活动 |
| 酵母菌 | 真菌 | 快速腐熟有机质,改良土壤 |
| 谷氨酸棒状杆菌 | 放线菌 | 生成谷氨酸供植物吸收利用 |
| 原小单孢菌 | 放线菌 | 好气,中温,可将堆肥过程中的能量转化为有机营养物质 |
| 链霉菌 | 放线菌 | 降解木质纤维,防治重金属污染,降低植物毒性 |
| 诺卡氏菌 | 放线菌 | 快速分解木质纤维 |
| 高温放线菌 | 放线菌 | 耐高温,降解木质纤维,加快堆肥腐熟 |
| 小单孢子菌 | 放线菌 | 分解木质纤维,降低植物毒性 |

2.1.1 细菌 在整个堆肥过程中,细菌的生物量始终占据主导地位,细菌的菌体小且具有较大的比表面积,可以快速吸收利用可溶性底物,同时可以参与木质素纤维素的降解^[13]。有研究发现,好氧堆肥中常见的细菌门主要包括厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia)等^[14-15]。在堆肥的升温至高温阶段,厚壁菌门的嗜热细菌最为丰富,芽孢杆菌属(*Bacillus*)、地杆菌属(*Geobacter*)是其中的主要种群,其次是拟杆菌门、变形菌门。还有研究发现,杆菌类细菌是升温和腐熟阶段的优势菌^[15-16]。也有研究者指出,并没有观察到杆菌的优势,他们认为在杆菌菌体与其他细菌的相互竞争中被其他细菌击败^[17-18]。随着堆体温度降低并进入腐熟阶段,参与堆肥的细菌以拟杆菌门为主,同时还有变形菌门、酸杆菌门,其中酸杆菌门的高丰度被认为是堆肥成熟的标志^[19]。

2.1.2 真菌 真菌能够分解木本废弃物中大量难降解的木质素、纤维素和半纤维素,是堆肥过程中

微生物群落的重要组成部分,其中白腐真菌是目前研究得出的木质素降解能力较强的菌种。在堆肥初期,主要的真菌属为毛霉菌属(*Mucor*)、黑孢属(*Nigrospora*)、双足囊菌属(*Dipodascus*)和曲霉属(*Asperigillus*);随着堆肥的进行,这些真菌的丰度均显著降低^[17]。在嗜热期,堆体温度很高,由于在高温条件下有一定耐受能力的真菌才能高效降解木质纤维素,因此在该条件下,子囊菌门真菌占比较高,这类高温真菌在木本废弃物的堆肥进程中具有十分重要的作用。

2.1.3 放线菌 有研究发现,放线菌可以分泌多种抗生素,能够抑制和杀死堆肥中的病原微生物、分解活性纤维素、降低木本废弃物堆肥中的植物毒性,对于最终堆肥产品质量的提高起到至关重要的作用^[20]。在堆肥的高温阶段,嗜热放线菌会进行较强的生命活动,常见的有链霉菌(*Streptomyces*)、诺卡氏菌(*Nocardia*)、高温放线菌属(*Thermoactinomyces*)、小单孢子菌属(*Micromonospora*)等^[11]。嗜热性放线菌相较于嗜热真菌要更加耐热,可以持续活动至堆肥的降温阶段,能够将木质纤维素降解并最终转化

为腐殖质。

2.2 木本废弃物堆肥中微生物的功能与作用

在木本废弃物堆肥的整个过程中,大部分微生物参与的主要生命活动是氮素循环和木质纤维素降解,这2个进程对堆肥效率和质量的影响至关重要。此外,还有少量微生物对堆肥有促进和调节等其他功能。

2.2.1 参与氮素循环

木本废弃物中的有机氮含量虽然较低,但有机氮是堆肥过程中氮的主要形态,并且有机氮的存在形式多样,如蛋白质、多肽、氨基酸、核酸、氨基糖等^[21]。微生物在受到氮限制的情况下,仍保留了大部分固定的有机氮,导致低氮矿化,因此微生物必须迅速反应才能吸收可利用的营养物质^[22]。在堆肥过程中的氮素损失会造成环境污染和肥效降低,而氮的馏分可以随着氮的损失不断转化,因此,关于堆肥氮循环的研究大多集中在氮矿化和氮固定(NH_4^+ 、 NO_3^- 和 NO_2^-)的去向上^[23]。

堆肥过程中的氮转化是一个非常复杂的微生物活动过程,氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌分别参与有机氮的矿化作用、硝化作用及反硝化作用,同时,固氮菌可对无机氮进行生物固定。在嗜热阶段,高水分含量和 O_2 的大量消耗会形成厌氧的微环境,自养菌和异养菌之间相互竞争,有氧氨氧化细菌(AOB)的活性被抑制^[24]。 NH_4^+ 通过同化作用被固氮微生物如固氮菌属(*Azotobacter*)、根瘤菌属(*Rhizobium*)等固定,而异养硝化菌如粪污杆菌和*P. stutzeri*可能介导硝化作用并产生亚硝酸盐。硝化细菌如亚硝酸菌属(*Nitrosomonas*)、硝酸菌属(*Nitrobacter*)等将亚硝酸盐氧化为硝酸盐等植物可以吸收利用的氮肥^[25]。随着堆肥进入成熟期,耗氧量降低,形成了一个低含水率富氧的环境,固氮酶基因(*NifH*)群落被抑制,氨单加氧酶基因(*amoA*)在良好的微环境下被激活,与亚硝化单胞菌(*Nitrosomonas* sp.)进行氨氧化作用,与此同时,在反硝化菌的作用下,反硝化作用持续发生,成熟期的绝对氮含量显著下降^[26]。

2.2.2 降解木质纤维素

木本废弃物是植物自然凋落和人为修理产生的枝干、落叶、草屑及其他绿化废弃物等,其中含有大量半纤维素、纤维素和木质素,它们的结构紧密且不易分解,极大地影响了木本废弃物堆肥腐熟的效率和质量。

木质纤维素的生物降解以一个兼容的多酶体

系为基础。木质素是一种交联酚醛树脂,具有刚性,且不易腐烂,在堆肥过程中木质素的降解主要依赖于木质素分解酶,这也是木质素降解微生物时分泌的一种胞外酶^[27]。白腐真菌通过独特的细胞外氧化酶系统和细胞内酶系统分泌3种典型的木质素分解酶[木质素过氧化物酶(Lip)、锰过氧化物酶(Mnp)和铜基漆酶(Lac)]将木质素有效降解^[28]。因此,可以在堆肥中添加额外的复合酶,以提高堆肥中酚类化合物和羧酸的利用率,促进木质素分解。此外还有报道指出,链霉菌属放线菌对木质素具有较好的降解作用^[29]。纤维素、半纤维素的早期降解是由于初始混合物中含有大量可降解的有机化合物,从而刺激了微生物生物量的增加和酶的合成。纤维素由复杂的酶蛋白混合物组成,微生物产生的一系列酶(如纤维素酶和木聚糖酶)可以降解纤维素和半纤维素^[30]。此外,接种放线菌也可以提高难降解纤维素、半纤维素在堆肥过程中的降解效率,并且可以通过接种放线菌和添加尿素作为氮源来调控有机废弃物堆肥过程中木质纤维降解的关键酶活性,从而提高堆肥木质纤维的降解效率。

2.2.3 其他功能

堆肥中的微生物除了参与堆肥外,还有一些其他功能。例如,促生菌可以促使植物产生激素、调节和促进植物的生长活动,生防菌不仅能够促进植物生长、增加作物产量,还能提高植物的抗病能力、增强植物的抗逆性^[25]。这些微生物功能的发掘为以后将堆肥应用于植物生长营造了良好的生存条件和生活环境。施用微生物菌肥代替化肥是一种可循环再利用的耕作模式,不但经济高效,而且可以节约资源、保护环境。

2.3 微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的应用

在研究微生物在木本废弃物堆肥中的作用机制时,微生物菌剂可以根据特定降解功能从微生物群落中分离出来,微生物菌肥可以通过培养土壤、牛粪和稻草等混合物得到开发^[31]。从堆肥微生物群落中分离研制的菌剂,大部分是为了有针对性地加快堆肥进程,提高堆肥的效率和质量,而自主开发的微生物菌肥大多是由堆肥过程中常见的功能微生物和基质混合制备而成的,可以有效改良土壤,从而为植物生长提供良好的环境。

2.3.1 复合多功能菌剂

微生物群落的生命活动贯穿木本废弃物堆肥的整个过程,但是仅凭堆肥原始菌群的作用,木本废弃物堆肥会耗费几个月甚至几年的时间。目前,关于木本废弃物堆肥的研究主

要集中于如何高效地生产高质量的堆肥,从而推动木本废弃物堆肥的产业化、规模化发展。其中的关键问题主要是高效纤维素、木质素降解菌的筛选。大量研究表明,将堆肥过程中检测并分离到的多种高效降解菌制成微生物菌剂后添加于堆肥中,可以极大地提高堆肥效率;而在复合高效微生物的混合作用下,堆肥效率比单一菌种作用下的更高,分解得更加彻底^[32-33]。有很多学者还研究了使复合微生物菌剂效果更好的方法。例如,吴颖等通过调整菌种配比来降低各菌株间的拮抗作用,使复合菌剂效果更佳^[34]。此外,低温菌剂的筛选与制备解决了北方冬季低温环境下普通微生物难以存活的问题。另外,可以根据功能需求制备其他菌剂,以调节木本废弃物堆肥的 C/N、pH 值和温度等条件,从而创造有利于腐熟的最佳条件,提高堆肥品质。

2.3.2 微生物菌肥 微生物菌肥将功能微生物与合适的基质结合起来,已被证明能有效地抑制土壤疾病传播,促进植物生长,可以作为土壤改良剂代替普通基肥^[35]。堆肥后形成的腐殖质主要带负电荷,有利于提高土壤胶体吸附阳离子的能力;同时,腐殖质还带有少量正电荷,因此也能提升土壤胶体吸附阴离子的能力,进而有效减少养分的损失;此外,腐殖质能改善土壤的理化性质,促进团粒结构的形成,改善土壤的通气性和透水性^[1]。微生物菌剂可以影响底土,通过改变土壤团聚体和有机碳组分的稳定性来迁移水分,增加微生物生物量,提高土壤肥力。曹恩晖等通过番茄盆栽试验证明,施用复合微生物菌剂对土壤环境产生的综合效应普遍优于施用普通化肥和单一功能菌,显著优于空白处理^[36]。聂文翰等通过多组对比试验发现,施用复合微生物菌剂处理秸秆堆肥在提高堆肥效率的同时可有效改善土壤微生物群落结构,提升微生物的多样性指数^[37]。多样性高的土壤对病原菌具有较强的抑制作用,施用微生物菌肥既可以提高植物的抗病能力,又可以提高土壤微生物活性、改善微生物结构和功能,从而实现土壤微生物的生态平衡,是一条有效的生态调控防病途径^[38]。由此可见,微生物菌肥的应用对土壤的改良和生物的疾病防治等具有良好的效果。

3 微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的质量评价

微生物菌剂的质量主要通过堆肥时间和腐熟度得以体现,但是微生物菌剂作用于堆肥是微生物

之间以及微生物与堆肥中原有微生物互相作用的动态演变过程,仅凭时间和肉眼观察的腐熟状态来评价微生物菌剂的质量是不准确的和不科学的。因此,需要检测具体的参数指标来反映堆肥的腐熟情况,同时辅以堆肥安全性的检测。

3.1 堆肥的腐熟度

3.1.1 指标监测 堆肥过程中温度、碳氮比、电导率(EC)、发芽指数(GI)、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和有机酸含量等指标的变化,可以反映堆肥过程和最终腐熟产品的质量^[39]。堆肥过程中的温度变化可以反映功能微生物的活性和堆肥的进程,温度高时,微生物活跃;温度低时,微生物活性低。堆肥中的堆料通常会经历升温—高温—降温 3 个阶段。根据不同阶段微生物的群落动态,通过监测堆肥系统中温度的变化,可以准确地将微生物菌剂应用于特定阶段的堆肥,并可控制相应过程中的温度变化和堆肥进程。C/N 是反映堆肥腐熟度的评价指标之一,通过监测堆肥过程中 C/N 的变化,可以判断木本废弃物的腐熟程度。木本废弃物堆肥中含有可溶性物质(如硝酸盐和磷酸盐等),当堆肥中的物质含盐量较高时,会导致 EC 提高,是堆肥腐熟的体现^[40]。GI 与植物毒性相关,被认为是决定堆肥成熟度的一个非常敏感的参数。在堆肥后期,GI 超过 80% 才能达到成熟要求。 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、有机酸含量同样影响堆肥植物的毒性,可以代替种子发芽系数对堆肥腐熟度进行快速评价。

3.1.2 波谱分析检测 波谱分析检测是从物质结构层面分析评价堆肥的过程和腐熟程度,如红外光谱法、高光谱法和核磁共振法等。Wang 等将近红外光谱(NIR)与偏最小二乘法(PLS)分析相结合,建立了一种能够快速、准确评价商品有机肥品质的新技术——NIR-PLS^[41]。该技术可以准确预测总有机质含量、水溶性有机氮含量、pH 值和 GI,但其对水分、总氮含量、电导率和水溶性有机碳含量的测定结果不准确,尽管对指标的评价不够全面,但是该技术仍可作为一种快速、有效评价商品有机肥质量的工具。

3.2 堆肥的安全性

微生物菌剂质量评价不能局限于描述堆肥的主要理化性状和体现腐熟度的常规参数,还要考虑到 GI 和病原菌反映的堆肥安全性以及施用微生物菌肥对土壤重金属等污染的改善作用。GI 能提供堆肥植物毒性的信息,可能与植物存在有毒化合物有关,这类化合物通常存在于不稳定的堆肥中。可

见,对堆肥生物稳定性和安全性的评估也是一种必要选择,可以充分整合堆肥特性,使其在土壤中以安全使用^[42]。

4 微生物菌剂在木本废弃物堆肥中的应用前景

随着经济的发展,人类面临的环境问题越来越严峻,生态问题日益成为人们关注的重要问题。生态经济林的提出在强调生态效益的同时,更注重其经济效益,是实施以生态建设为主的林业发展战略的历史选择^[43],而将生态经济林产生的木本废弃物进行堆肥化处理具有高效循环利用的优点,符合城市未来的发展趋势,也符合国家发展循环经济和节约型社会的要求,完全可以取代过去焚烧、填埋等浪费且不生态的处理方式。木本废弃物堆肥产品可大量运用于城市绿地、工厂化花卉和苗木生产等,这些相关产业都是未来建设生态城市所必需的,市场前景十分广阔。将木本有机废弃物堆肥应用于植物绿化保养,可以减少化学肥料的使用,减少对地下水和土壤的污染,降低温室效应和热岛效应,具有较好的经济效益和生态效益。

木本废弃物不同于禽畜粪肥等其他废弃物,木本废弃物中含有的木质纤维难以降解,导致堆肥耗时长、堆肥产品质量参差不齐,从而限制了木本废弃物堆肥规模化、产业化发展。微生物菌剂的使用是目前提高堆肥效率和品质的有效方法,同时,菌肥还具有改良土壤和生物防治的附加价值。不断深入推动微生物菌剂在废弃物堆肥中的研究和应用,有利于城市、社会的可持续发展,从而为人类创造更大的经济效益和社会效益。

参考文献:

[1]周新伟,沈明星,王海候,等. 微生物菌剂加速废弃物堆腐的效应[J]. 江苏农业科学,2016,44(10):434-437.

[2]祝虹钰,刘 闯,李蓬勃,等. 微生物菌剂的应用及其研究进展[J]. 湖北农业科学,2017,56(5):805-808.

[3]王胜永,吴 晗,张天颖. 园林绿化废弃物资源化利用技术进展探究[J]. 现代园艺,2017(10):158.

[4]曹文胜,曹 军,王 阳,等. 微生物接种应用于好氧堆肥的研究进展[J]. 绿色科技,2016(24):18-19,21.

[5]Bernal M P, Alburquerque J A, Moral R. Composting of animal manures and chemical criteria for compost maturity assessment: a review[J]. *Bioresource Technology*,2009,100(22):5444-5453.

[6]孙克君,阮 琳,林鸿辉. 园林有机废弃物堆肥处理技术及堆肥产品的应用[J]. 中国园林,2009(4):12-14.

[7]Zhou H X, Zhao Y, Yang H Y, et al. Transformation of organic

nitrogen fractions with different molecular weights during different organic wastes composting[J]. *Bioresource Technology*,2018,262:221-228.

[8]尚秀华,谢耀坚,彭 彦,等. 育苗基质用的有机废弃物腐熟堆沤技术研究进展[J]. 桉树科技,2009,26(1):65-71.

[9]翁 洵,王 炎,郑孟菲,等. 堆肥过程中氮素转化及保氮措施研究进展[J]. 中国农学通报,2017,33(27):26-32.

[10]Chen M L, Huang Y M, Liu H J, et al. Impact of different nitrogen source on the compost quality and greenhouse gas emissions during composting of garden waste[J]. *Process Safety and Environmental Protection*,2019,124:326-335.

[11]Sanchez - Monedero M A, Cayuela M L, Roig A, et al. Role of biochar as an additive in organic waste composting[J]. *Bioresource Technology*,2017,247:1155-1164.

[12]Zhu L G, Yang H Y, Zhao Y, et al. Biochar combined with montmorillonite amendments increase bioavailable organic nitrogen and reduce nitrogen loss during composting [J]. *Bioresource Technology*,2019,294:122-224.

[13]王伟东,王小芬,朴 哲,等. 堆肥化过程中微生物群落的动态[J]. 环境科学,2007,28(11):2591-2597.

[14]Takaku H, Kodaira S, Kimoto A, et al. Microbial communities in the garbage composting with rice hull as an amendment revealed by culture - dependent and - independent approaches[J]. *Journal of Bioscience & Bioengineering*,2006,101(1):42-50.

[15]Xu J Q, Jiang Z W, Li M Q, et al. A compost - derived thermophilic microbial consortium enhances the humification process and alters the microbial diversity during composting [J]. *Journal of Environmental Management*,2019,243:240-249.

[16]Ryckeboer J R, Mergaert J, Vaes K, et al. A survey of bacteria and fungi occurring during composting and self - heating processes[J]. *Annals of Microbiology*,2003,53(4):349-410.

[17]Galitskaya P, Biktasheva L R, Saveliev A A, et al. Fungal and bacterial successions in the process of co - composting of organic wastes as revealed by 454 pyrosequencing[J]. *PLoS ONE*,2017,12(10):e0186051.

[18]Frankewhittle H, Confalonieri A, Insam H, et al. Changes in the microbial communities during co - composting of digestates[J]. *Waste Management*,2014,34(3):632-641.

[19]Wang C, Guo X H, Deng H, et al. New insights into the structure and dynamics of actinomycetal community during manure composting [J]. *Applied Microbiology & Biotechnology*,2014,98(7):3327-3337.

[20]Tian W, Sun Q, Xu D B, et al. Succession of bacterial communities during composting process as detected by 16S rRNA clone libraries analysis[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*,2013,78:58-66.

[21]Wang S G, Zeng Y. Ammonia emission mitigation in food waste composting: a review[J]. *Bioresource Technology*,2017,248(A):13-19.

[22]Mooshammer M, Wanek W, Hämmerle I, et al. Adjustment of microbial nitrogen use efficiency to carbon; nitrogen imbalances

- regulates soil nitrogen cycling[J]. *Nature Communications*,2014,5(1):36–94.
- [23] Maeda K, Hanajima D, Toyoda S, et al. Microbiology of nitrogen cycle in animal manure compost [J]. *Microbial Biotechnology*, 2011,4(6):700–709.
- [24] Ge S J, Wang S Y, Yang X, et al. Detection of nitrifiers and evaluation of partial nitrification for wastewater treatment: a review [J]. *Chemosphere*,2015,140:85–98.
- [25] 赵恺凝,赵国柱,国辉,等. 园林废弃物堆肥化技术中微生物菌剂的功能与作用[J]. *生物技术通报*,2016(1):41–48.
- [26] Zhong X Z, Zeng Y, Wang S P, et al. Insight into the microbiology of nitrogen cycle in the dairy manure composting process revealed by combining high-throughput sequencing and quantitative PCR [J]. *Bioresource Technology*,2020,301:122–760.
- [27] Zeng Z T, Guo X Y, Xu P, et al. Responses of microbial carbon metabolism and function diversity induced by complex fungal enzymes in lignocellulosic waste composting [J]. *Science of The Total Environment*,2018,643:530–547.
- [28] Huang D, Guo X, Peng Z, et al. White rot fungi and advanced combined biotechnology with nanomaterials: promising tools for endocrine-disrupting compounds biotransformation [J]. *Critical Reviews in Biotechnology*,2017,38(5):671–689.
- [29] Ventorino V, Ionata E, Birolo L, et al. Lignocellulose-adapted endo-cellulase producing streptomyces strains for bioconversion of cellulose-based materials [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016,7:2061.
- [30] Wei Y Q, Wu D, Wu D, et al. Improved lignocellulose-degrading performance during straw composting from diverse sources with actinomycetes inoculation by regulating the key enzyme activities [J]. *Bioresource Technology*,2019,271:66–74.
- [31] Liu J, Xu X H, Li H T, et al. Effect of microbiological inocula on chemical and physical properties and microbial community of cow manure compost [J]. *Biomass & Bioenergy*,2011,35(8):3433–3439.
- [32] 王海滨,韩立荣,冯俊涛,等. 高效纤维素降解菌的筛选及复合菌系的构建[J]. *农业生物技术学报*,2015,23(4):421–431.
- [33] 李静,张瀚能,赵翀,等. 高效纤维素降解菌分离筛选、复合菌系构建及秸秆降解效果分析[J]. *应用与环境生物学报*, 2016(4):689–696.
- [34] 吴颖,侯璐丹,张杰. 复合微生物菌剂中各菌株间的拮抗试验及培养条件的筛选[J]. *浙江农业学报*,2016,28(5):820–827.
- [35] Zhao J, Liu J, Liang H, et al. Manipulation of the rhizosphere microbial community through application of a new bio-organic fertilizer improves watermelon quality and health [J]. *PLoS One*, 2018,13(2):e0192967.
- [36] 曹恩琿,侯宪文,李光义,等. 复合菌剂对盆栽番茄土壤理化性质及微生物活性的影响[J]. *生态环境学报*,2011,20(5):875–880.
- [37] 聂文翰,戚志萍,冯海玮,等. 复合菌剂秸秆堆肥对土壤碳氮含量和酶活性的影响[J]. *环境科学*,2017,38(2):783–791.
- [38] 胡可,李华兴,卢维盛,等. 生物有机肥对土壤微生物活性的影响[J]. *中国生态农业学报*,2010(2):85–88.
- [39] 冯雯雯,董永华,蔡涵冰,等. 微生物菌剂对畜禽粪便与秸秆混合发酵过程参数影响及腐熟度综合评价[J]. *江苏农业科学*, 2020,48(6):265–271.
- [40] Jiang J S, Huang H, Huang Y M, et al. Relationship between maturity and microbial communities during pig manure composting by phospholipid fatty acid (PLFA) and correlation analysis [J]. *Journal of Environmental Management*,2018,206:532–539.
- [41] Wang C, Huang C, Qian J, et al. Rapid and accurate evaluation of the quality of commercial organic fertilizers using near infrared spectroscopy [J]. *PLoS One*,2014,9(2):e88279.
- [42] Cesaro A, Belgiojorno V, Guida M, et al. Compost from organic solid waste: quality assessment and European regulations for its sustainable use [J]. *Resources, Conservation and Recycling*,2015,94:72–79.
- [43] 王纯琳. 生态经济林建设与可持续发展探讨 [J]. *花卉*,2019(16):171–172.

(上接第51页)

- [89] 张金云,王清羿. 切花月季品种的比较及其花枝生产规律的研究[J]. *安徽农业科学*,2004,32(5):945–946.
- [90] Govrin E M, Levine A. The hypersensitive response facilitates plant infection by the necrotrophic pathogen *Botrytis cinerea* [J]. *Current Biology*,2000,10(13):751–757.
- [91] Ten H A, Breuil W, Wubben J P, et al. *Botrytis cinerea* endopolygalacturonase genes are differentially expressed in various plant tissues [J]. *Fungal Genetics and Biology*,2001,33(2):97–105.
- [92] 张真建,向贵生,陈敏,等. 月季黑斑病及其抗性研究进展 [J]. *江苏农业科学*,2019,47(5):78–84.
- [93] 纪程,邱显钦,张颢,等. 中国古老月季资源的白粉病抗性鉴定 [J]. *北方园艺*,2013(9):146–148.
- [94] 邱显钦. 月季抗白粉病基因 *Mlo* 的克隆和功能分析 [D]. 武汉:华中农业大学,2015.
- [95] 周青. 高通量 SSR 标记开发及二倍体月季分子连锁图谱构建 [D]. 武汉:华中农业大学,2014.
- [96] 于超. 四倍体月季遗传连锁图谱的构建及部分观赏性状的 QTLs 分析 [D]. 北京:北京林业大学,2015.
- [97] Kohorn B D. The state of cell wall pectin monitored by wall associated kinases: a model [J]. *Plant Signaling & Behavior*,2015,10(7):e1035854.
- [98] Kanneganti V, Gupta A K. Wall associated kinases from plants—an overview [J]. *Physiol Mol Biol Plant*,2008,14(1/2):109–118.
- [99] Thomma B P, Penninckx I A, Broekaert W F, et al. The complexity of disease signaling in *Arabidopsis* [J]. *Current Opinion in Immunology*,2001,13(1):63–68.
- [100] 陈宇飞,文景芝,李立军. 葡萄灰霉病研究进展 [J]. *东北农业大学学报*,2006,37(5):693–699.
- [101] 陈玉森,祁建民,方树民. 红麻灰霉菌生物学特性及其交叉感染 [J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*,2004,33(3):308–312.