

赵欧亚,侯利敏,孙世友,等.不同商品发酵菌剂对牛粪堆肥微生物群落的影响[J].江苏农业科学,2022,50(14):239-244.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.14.034

不同商品发酵菌剂对牛粪堆肥微生物群落的影响

赵欧亚¹,侯利敏¹,孙世友¹,茹淑华¹,肖广敏¹,王策¹,王凌¹,刘蕾¹,张国印¹,李瑞军²

(1.河北省农林科学院农业资源环境研究所/河北省肥料技术创新中心,河北石家庄 050051;

2.河北省饶阳县农业农村局,河北饶阳 053900)

摘要:为探究不同市售发酵菌剂对堆肥微生物群落结构的影响,以牛粪为堆肥原料,采用传统堆肥方法和高通量测序技术,添加4种不同商品发酵菌剂进行高温发酵,分析堆肥过程中温度的变化规律和堆肥结束后真菌、细菌、放线菌群落的结构特征。结果表明,添加4种发酵菌剂均可以有效提高堆肥温度,其中菌剂C处理组的堆肥温度增速最快且高温持续时间最长,在堆肥3 d时,堆肥温度达到54℃,整个堆肥过程的平均温度较对照组增加了6.33℃,明显促进了牛粪发酵的进程。通过 α 多样性、样本层级聚类分析和距离热图分析发现,牛粪堆肥的真菌群落中子囊菌门占主导地位,相对丰度达59.36%;曲霉菌属、毕赤酵母属、马拉色霉菌属、链格孢菌属、镰刀菌属为优势属;与对照组相比,添加4种发酵菌剂均显著降低了堆肥中节担菌属的相对丰度,也在一定程度上降低了堆肥的细菌、放线菌群落中厚壁菌门、拟杆菌门的相对丰度,以菌剂C的效果最佳,其相对丰度约显著下降了14个百分点,有效降低了堆肥过程中甲烷排放的风险。

关键词:牛粪;堆肥;发酵菌剂;微生物结构;高通量测序

中图分类号:S141.4

文献标志码:A

文章编号:1002-1302(2022)14-0239-06

作为畜禽养殖大国,我国每年的畜禽粪便产生量约为18亿t,然而综合利用率不到60%^[1],这严重制约了畜禽粪便资源化循环利用的步伐,同时粪污不恰当处理会造成严重的环境风险。好氧堆肥技术可以实现氮磷养分的高效循环,是有机废弃物再利用的主要技术^[2-4]。已有研究发现,在畜禽粪便堆肥发酵过程中添加微生物菌剂,发酵效果明显好于自然堆肥,可以有效减少粪便中的病原微生物,

促进纤维素等难降解物质的分解,且腐熟程度更好,同时不同菌剂对粪便堆肥具有不同的效果^[5-6]。也有研究发现,接种菌剂有利于堆肥中的有机质分解、降低氨气和二氧化碳的释放浓度,减排作用显著^[7-8]。目前,大多数研究集中于不同发酵菌种对堆肥过程中养分指标变化及大肠杆菌菌落数、蛔虫卵数、发芽率等有机肥质量限制指标的影响,基于高通量技术的畜禽粪便堆肥微生物群落结构的研究相对较少。徐莹莹等通过采用传统培养与聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳(PCR-DGGE)技术相结合的方法,研究接种菌剂对牛粪堆肥反硝化细菌群落的影响,结果表明,接种菌剂后加快了反硝化细菌群落的演替速率,并且从接种菌剂堆肥中检测到自然堆肥中不存在的反硝化细菌类群^[6]。许修宏等采用高通量测序技术研究牛粪自然堆肥过程中细菌群落的动态变化,发

收稿日期:2021-08-20

基金项目:河北省重点研发计划(编号:19227304D);国家重点研发计划(编号:2017YFD0801404);河北省农林科学院创新工程(编号:2019-1-4-3)。

作者简介:赵欧亚(1988—),女,河北饶阳人,硕士,助理研究员,主要从事农业环境研究。E-mail:1774610695@qq.com。

通信作者:茹淑华,硕士,研究员,主要从事施肥与农业环境方面的研究。E-mail:shuhuaru@163.com。

[16]张颂心,王辉,徐如浓.科技进步、绿色全要素生产率与农业碳排放关系分析——基于泛长三角26个城市面板数据[J].科技管理研究,2021,41(2):211-218.

[17]West T O,Marland G. A synthesis of carbon sequestration, carbon emissions, and net carbon flux in agriculture: comparing tillage practices in the United States [J]. Agriculture Ecosystems & Environment,2002,91(1/2/3):217-232.

[18]Dubey A,Lal R. Carbon footprint and sustainability of agricultural production systems in Punjab,India,and Ohio,USA[J]. Journal of Crop Improvement,2009,23(4):332-350.

[19]侯孟阳,姚顺波.中国城市生态效率测定及其时空动态演变[J].中国人口·资源与环境,2018,28(3):13-21.

[20]邹艳芬,陆宇海.基于空间自回归模型的中国能源利用效率区域特征分析[J].统计研究,2005,(10):67-71.

现堆肥过程中细菌群落结构发生了显著变化,变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度在堆肥前期和高温期较高,酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度在堆肥后期较高^[8]。目前,对接种不同商品发酵菌剂条件下牛粪堆肥中微生物群落结构变化的研究尚未见报道。因此,本研究采用高通量测序技术,选取堆肥升温慢、发酵周期长、降解难的牛粪^[9-10]作为堆肥原料,以奶牛养殖厂附近小米加工厂所产生的米糠为配料,研究牛粪发酵过程中添加不同发酵菌剂对堆肥微生物群落结构的影响,以期牛粪快速发酵商品菌剂的选择提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验于河北省冀丰动物营养科技有限责任公司进行,牛粪为该公司产生的新鲜粪便,米糠购自该公司附近的小米加工厂。发酵菌剂编号如下:菌剂 A 为复合微生物产物,由北京航天恒丰科技股份有限公司生产,包含枯草芽孢杆菌、乳酸杆菌、毕赤酵母、赤热链霉菌等菌种,有效活菌数≥200 亿 CFU/g,用量为 0.10% (质量分数);菌剂 B 为复合微生物产品,由广州微元生物科技有限公司生产,其中包含多种芽孢杆菌、酶制剂、酵母菌、丝状真菌等,有效活菌数≥200 亿 CFU/g,用量为 0.01% (质量分数);菌剂 C 为有机肥发酵菌剂,由沧州兴业生物技术有限公司生产,由多种功能性有益微生物组成,如细菌、真菌、放线菌、细黄链霉菌和酵母菌,有效活菌数≥80 亿 CFU/g,用量为 0.10% (质量分数);菌剂 D 为有机肥发酵菌剂,由沧州旺发生物技术有限公司生产,包含枯草芽孢杆菌、放线菌酵母菌、巨大芽孢杆菌、胶冻芽孢杆菌、里氏木霉、纤维素酶等,有效活菌数≥100 亿 CFU/g,用量为 0.10% (质量分数)。

1.2 试验设计

本试验共设 5 个处理,包括对照(不添加发酵菌剂)、菌剂 A、菌剂 B、菌剂 C 和菌剂 D,详见表 1,菌种添加量均参照商品使用说明进行添加。每个处理设 3 次重复,各处理原料按质量分数配比均为 70% 牛粪 + 30% 谷糠,碳氮比调节在 25 ~ 35,含水率为 60% ~ 65%,混合均匀后将物料进行条垛式堆肥,每个堆体长 2 ~ 3 m,堆底宽 1.5 m、高 1.0 m,堆体间的间隔为 2 ~ 3 m。发酵周期为 60 d,每隔 7 d

翻堆 1 次。于 2020 年 5 月 21 日起堆,7 月 21 日结束。各菌剂按照产品使用说明进行添加,具体用量如表 1 所示。

表 1 不同组别的发酵菌剂添加量

处理编号	发酵菌剂类别	添加量 (%)
CK	对照(不添加)	
T ₁	A	0.10
T ₂	B	0.01
T ₃	C	0.10
T ₄	D	0.10

1.3 测定指标

温度的测定:将温度计插入距离堆体顶部 50 cm 处测量温度,每天 10:00、16:00 各测量 1 次,以 2 次测量的平均值作为当天的堆体温度,同时记录周围环境温度。堆肥结束时采集样品,测定微生物指标,采样深度为距堆体顶部 50 cm 处,采用 5 点取样法取样后混合均匀。委托上海派森诺有限公司进行微生物多样性的测定,其中真菌群落结构测序所用引物序列为:F,5′-GGAAGTAAAAGTCGTAA CAAGG-3′;R,5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′,测序区域为 ITS_V1,方法为 DADA2。细菌放线菌测序所用引物序列为:F,5′-ACTCCTACGGGAGG CAGCA-3′;R,5′-TCGGACTACHVGGGTWTCTAA T-3′,测序区域为 16S V3 ~ V4 区,数据库为 silva_132,方法为 DADA2。

1.4 数据处理

用 Excel、SPSS V17.0 进行分析,微生物多样性分析用派森诺基因云软件。

2 结果与分析

2.1 不同发酵菌剂处理下牛粪堆肥温度的变化

如图 1 所示,添加发酵菌剂可以有效提高堆肥温度。对堆肥过程中温度变化规律的分析结果表明,添加菌剂 A(T₁ 处理)、菌剂 B(T₂ 处理)、菌剂 C(T₃ 处理)、菌剂 D(T₄ 处理)后,堆肥平均温度分别较 CK 处理提高了 5.70、2.84、6.33、5.36 ℃。在不同发酵菌剂处理下,堆肥温度的增速不同,在 CK 处理下,堆肥进入高温期(50 ℃ 以上)需要 9 d;在 T₃ 处理下,堆肥 3 d 进入高温期;在 T₁、T₄ 处理下,堆肥进入高温期均需要 5 d;在 T₂ 处理下,堆肥进入高温期所需的时间与 CK 一致。由此可见,在 T₃ 处理下堆肥的增温效果最好。

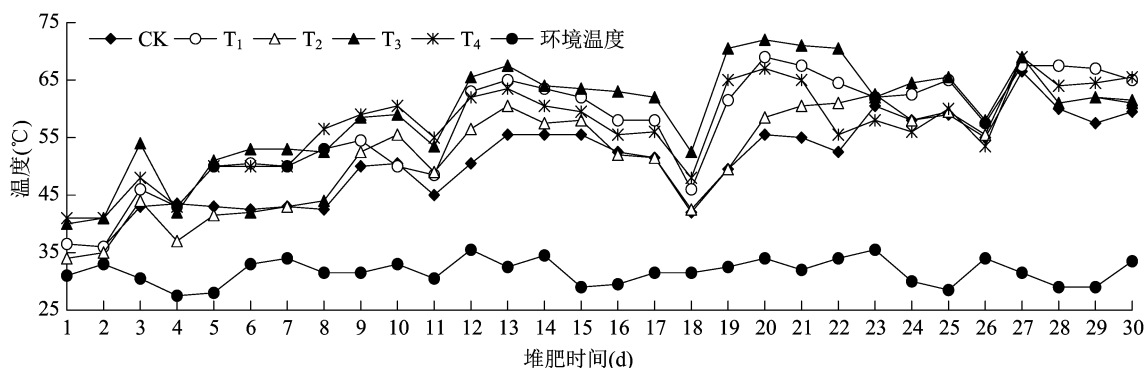


图1 不同发酵菌剂处理对牛粪发酵温度的影响

2.2 不同发酵菌剂处理堆肥中真菌群落结构的变化

2.2.1 丰度与多样性分析 由表2不同处理下真菌丰度与多样性可以看出,在不同处理下,真菌高质量序列数量为63 473~67 866条,将经过处理的高质量序列通过100%相似度的划分,各处理得到214~285个特征序列(ASV)。在CK处理下,ASV数量为239个;T₁处理下的ASV数量与CK接近;在T₂处理下,ASV数量为214,较CK减少10.46%;在T₃、T₄处理下,ASV数量均为285个,比CK处理高19.25%。

表2 不同发酵菌剂处理堆肥中的真菌丰度与多样性

处理	序列数量 (条)	高质量序列数量 (条)	ASV 数量 (个)
CK	74 024	64 795	239
T ₁	77 844	67 866	240
T ₂	72 462	63 473	214
T ₃	76 836	67 093	285
T ₄	76 836	67 093	285

Shannon 指数是群落多样性指标,其值越大,表明群落多样性越高,反之表明群落多样性越低。如图2所示,在添加发酵菌剂B处理(T₂)下,真菌微生物多样性指数(Shannon 指数)显著低于对照处理、添加其他发酵菌种处理;同时在CK、T₁、T₃、T₄这4个处理下,真菌微生物多样性指数间无显著差异。

对不同发酵菌剂处理下堆肥中真菌ASV的组成进行样本距离矩阵与主坐标分析(PCoA)的结果显示,在T₄处理的样品与CK最接近,表明添加发酵菌剂C处理(T₄)的真菌群落结构与CK间的差异较小,而添加发酵菌剂A、B、C处理(T₁、T₂、T₃)的菌群落结构与CK处理间的差异较大(图3)。

2.2.2 分类学组成分析 相对丰度排名前五的真菌门类如图4所示,分别为子囊菌门,相对丰度为59.35%;担子菌门,相对丰度为16.48%;被孢霉门、

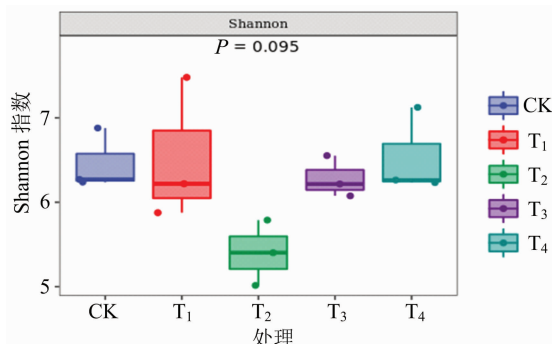


图2 不同发酵菌剂处理堆肥中的真菌群落多样性指数

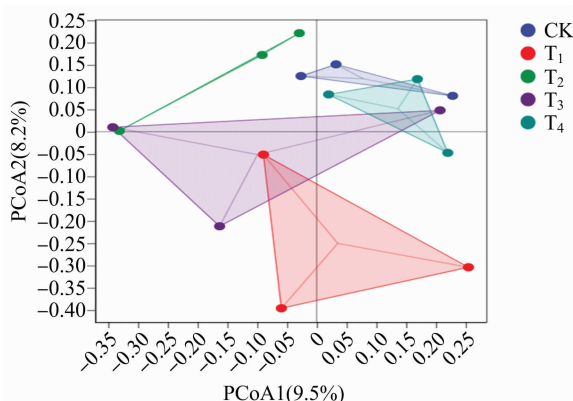
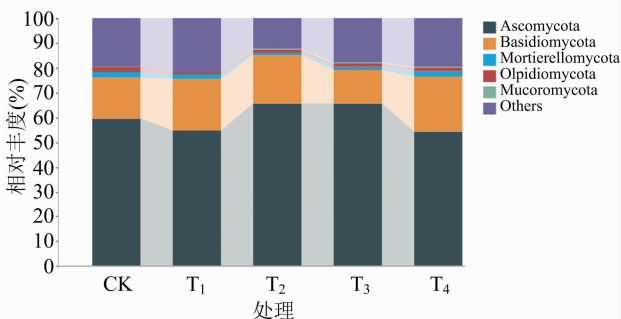


图3 堆肥中真菌群落组成的距离矩阵与PCoA

油壶菌门,相对丰度分别为2.33%、2.15%;毛霉门,相对丰度为0.08%;其他门的相对丰度为19.60%。

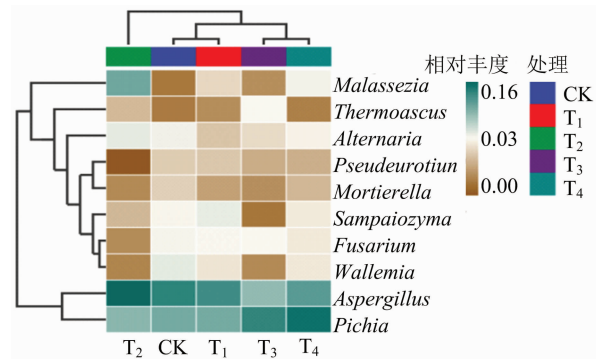
在牛粪堆肥中添加不同发酵菌剂后,主要影响子囊菌门、担子菌门真菌的相对丰度。与CK相比,T₁、T₄处理的子囊菌门相对丰度降低,担子菌门的相对丰度升高;T₂处理的子囊菌门、担子菌门的相对丰度均升高;T₃处理的子囊菌门的相对丰度升高,担子菌门的相对丰度降低。此外,添加不同发酵菌剂后,毛霉门的相对丰度均有所升高,升高幅度为0.1~0.4百分点。

图5为不同发酵菌剂处理下堆肥中属分类水平



Ascomycota—子囊菌门；Basidiomycota—担子菌门；
Mortierellomycota—被孢霉门；Olpidiomyces—油壶菌门；
Mucoromycota—毛霉门

图4 各处理样品中真菌在门分类水平上的群落组成



Aspergillus—曲霉属；Pichia—毕赤酵母属；Malassezia—
马拉色霉属；Alternaria—链格孢菌属；Fusarium—镰刀菌属；
Wallemia—节担菌属；Thermoascus—嗜热子囊菌属；
Mortierella—被孢霉属

图5 各处理样品中真菌在属分类水平上的群落组成

上的真菌群落种组成，可以看出，相对丰度排前 10 位的属分别为曲霉属、毕赤酵母属、马拉色霉属、链格孢菌属、镰刀菌属、Sampaiozyma、节担菌属、Pseudoeurotium、嗜热子囊菌和被孢霉属。在牛粪自然堆肥处理下，堆肥结束后样品中曲霉属的相对丰度最大，为 13.61%，其次为毕赤酵母属，相对丰度为 9.97%，而链格孢菌属、镰刀菌属、Sampaiozyma、节担菌属、Pseudoeurotium、被孢霉属的相对丰度为 2.23% ~ 4.25%，马拉色霉属、嗜热子囊菌属的相对丰度均小于 1%。

通过分析不同发酵菌剂处理对堆肥中微生物群落的影响发现，与 CK 相比，T₁ 处理的堆肥微生物群落结构组成差异较小；在 T₂ 处理下，堆肥马拉色霉属的相对丰度显著增加，且节担菌属、Pseudoeurotium 这 2 个属的相对丰度降低显著；在 T₃ 处理下，毕赤酵母属、嗜热子囊菌属的相对丰度增加明显，增幅为 2.39 ~ 3.48 百分点，且节担菌属的相对丰度下降显著；在 T₄ 处理下，各属相对丰度变化规律与 T₃ 处理基本一致，毕赤酵母属、马拉

色霉菌属、嗜热子囊菌属等 3 个属的相对丰度增加，其余 7 个属的相对丰度均有所下降。

2.3 不同发酵菌剂处理堆肥中细菌、放线菌群落结构的变化

2.3.1 群落丰富度及多样性 如表 3 所示，在各处理下，堆肥样品通过高通量测序得到 83 614 ~ 94 552 条细菌、放线菌序列。经过处理的高质量序列通过 100% 相似度划分，得到 181 ~ 285 个特征序列。在未添加发酵菌剂的 CK 处理下，ASV 数量为 239；在 T₁ 处理下，ASV 数量与 CK 接近；在 T₂、T₃ 处理下，ASV 数量均低于 CK，其中 T₂ 处理的 ASV 数量下降 24.27%；在 T₄ 处理下，ASV 数量为 285，比 CK 处理高 19.24%。

表 3 不同发酵菌剂处理堆肥的细菌、放线菌丰度与多样性

处理	序列数量 (条)	高质量序列数量 (条)	ASV 数量 (个)
CK	92 724	56 149	239
T ₁	94 522	55 348	233
T ₂	91 580	59 971	181
T ₃	84 288	53 211	214
T ₄	83 614	49 855	285

样品中表示细菌、放线菌微生物群落多样性的 Shannon 指数如图 6 所示。与 CK 相比，T₁、T₂、T₄ 处理的细菌、放线菌微生物多样性降低，T₃ 处理的细菌、放线菌微生物多样性高于 CK。

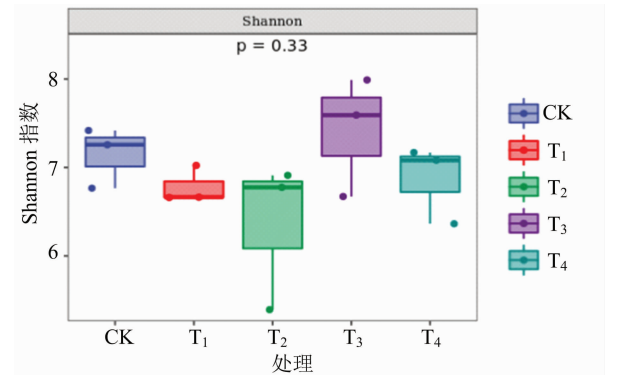


图6 不同发酵菌剂处理堆肥中的细菌、放线菌群落多样性指数

2.3.2 细菌、放线菌群落层次的聚类分析 在不同菌剂处理下，堆肥中细菌、放线菌群落层次的聚类分析结果见图 7。可以看出，在 CK、T₃ 处理下，3 次重复样品之间细菌、放线菌微生物群落结构聚类结果较为集中，重复效果较好，且 T₃ 处理与 CK 的聚类分析距离较远，表明在 T₃ 处理下，微生物群落结构与 CK 间的差异较大。此外，T₁、T₂、T₄ 这 3 个处

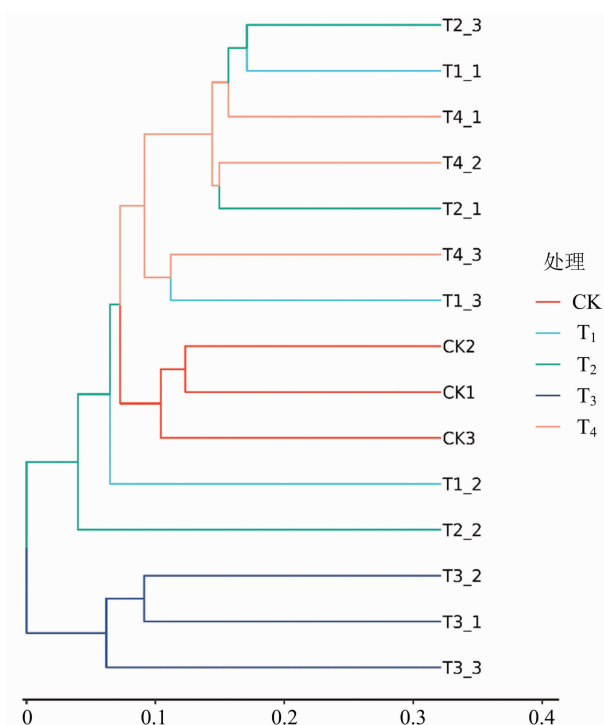


图7 不同发酵菌剂处理下堆肥中细菌、放线菌群落的聚类分析结果

理的聚类分析距离较近,且均接近 CK,表明在 T_1 、 T_2 、 T_4 这 3 个处理下,细菌、放线菌微生物群均与 CK 处理的细菌、放线菌群落结构接近。

2.3.3 分类学组成分析 图 8 为不同发酵菌剂处理堆肥中细菌、放线菌在门分类水平上的群落种组成,选取相对丰度排名前五的门类。在常规堆肥 (CK) 处理下,厚壁菌门的相对丰度为 67.46%,其次是变形菌门,相对丰度为 8.48%,放线菌门、*Halanaerobiaeota* 的相对丰度均约为 7.6%,拟杆菌门的相对丰度为 2.42%,其他菌门的相对丰度为 6.31%。

度显著下降了约 7 百分点;在 T_2 处理下,堆肥中放线菌门的相对丰度显著增加了约 7 百分点,同时 *Halanaerobiaeota* 的相对丰度显著下降了约 7 百分点;在 T_3 处理下,厚壁菌门的相对丰度显著下降了约 18 百分点,变形菌门、拟杆菌门的相对丰度增加了 4~5 百分点;在 T_4 处理下,放线菌门、变形菌门的相对丰度分别增加了约 9、2 百分点,而厚壁菌门、拟杆菌门、*Halanaerobiaeota* 的相对丰度下降了 1~5 百分点。

由于厚壁菌门、拟杆菌门为产甲烷过程的优势群落,因此对这 2 种细菌的相对丰度之和进行分析。结果(图 9)表明,在 CK 处理下,产甲烷菌的相对丰度之和最大,为 69.88%;在 T_2 处理下,产甲烷菌的相对丰度和与 CK 基本一致;而在 T_1 、 T_3 、 T_4 处理下,产甲烷菌的相对丰度均低于 CK,并以 T_3 处理下产甲烷菌的相对丰度之和最低,与对照处理相比显著降低了 13.56 百分点。由此可见,在牛粪堆肥过程中添加发酵菌剂 C 可使产甲烷菌的相对丰度之和显著降低约 14 百分点,从而有效降低堆肥过程中甲烷排放的风险。

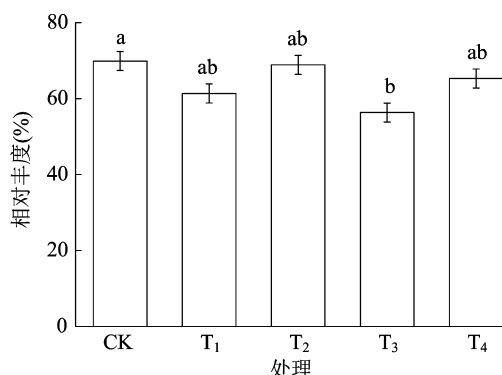


图9 不同发酵菌剂处理堆肥中产甲烷菌优势菌种的相对丰度之和

3 讨论与结论

温度是决定微生物种群相对优势、评价堆肥效果的重要指标^[11-12]。本研究中,通过添加 4 种不同发酵菌剂均能有效提高牛粪堆肥过程中的温度,平均发酵温度较 CK 增加 2.84~6.33℃;在添加发酵菌剂 A、C、D 处理下,堆肥温度升高至 50℃ 以上所需时间分别为 5、3、5 d,分别较 CK 提前 4、6、4 d。堆肥温度上升至 50℃ 后,持续高温时间超过 5 d,符合国家粪便无害化卫生标准^[13]。本研究结果与王信等得出的在牛粪堆肥后 2~3 d 进入高温期的结果^[14]存在差异,但与金香琴等通过微生物菌剂对畜禽粪便堆肥影响的研究得出的牛粪堆肥在 4~

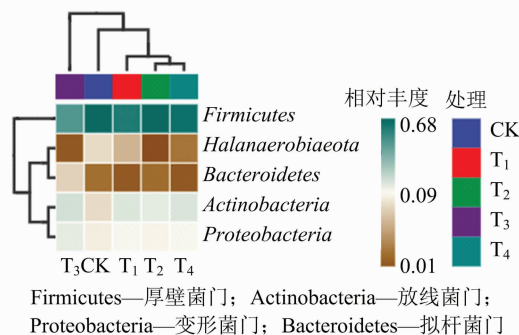


图8 不同发酵菌剂处理堆肥中细菌、放线菌在门分类水平上的群落组成

与 CK 相比,在 T_1 处理下,堆肥中放线菌门的相对丰度显著增加约 8 百分点,厚壁菌门的相对丰

12 d 后温度上升到 50 ℃ 进入高温期的研究结果^[15]基本一致。本研究结果与张玉凤等得出的接种发酵菌剂处理下堆肥温度达到 50 ℃ 的时间比不接种处理提前 4 d、高温持续 24 d 的研究结果基本一致^[16]。此外,高云航等的研究表明,在环境温度较低时进行牛粪堆肥,接种发酵菌剂堆肥处理下 11 d 进入高温期^[17]。由此可见,堆肥发酵菌剂的升温时长还受环境温度影响。

在本研究中,不同菌剂处理堆肥的真菌优势群落(相对丰度大于 5%)为子囊菌门、担子菌门,相对丰度分别为 59.35%、16.48%,这与许修宏关于牛粪好氧堆肥中真菌群落组成研究得出的降温期优势菌为类子囊菌门的研究结果^[18]基本一致。不同发酵菌剂的添加均可促进马拉色霉菌属、嗜热子囊菌属、毛霉菌属菌株繁殖,增加其相对丰度;并对镰刀菌、*Sampaiozyma*、节担菌属、*Pseudeurotium* 菌株繁殖产生抑制,降低其相对丰度,以节担菌属的抑制作用最为显著。不同菌剂处理堆肥中牛粪堆肥细菌的优势菌门为厚壁菌门、放线菌门、变形菌门、*Halanaerobiaeota*,相对丰度总和约为 91.14%。与 CK 相比,在 T₁、T₂、T₄ 处理下,细菌、放线菌的微生物多样降低,在 T₃ 处理下,细菌、放线菌的微生物多样性高于 CK。本研究结果与王秀红等得出的牛粪与秸秆好氧堆肥优势菌门有厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、放线菌门和浮霉菌门,其相对丰度总和为 77.61%~94.26% 的研究结果^[19]基本一致。

卢洋洋研究发现,添加外源微生物菌剂可以显著降低氨气、二氧化碳的释放浓度,温室气体减排效果显著,在堆肥的第 5 天,氨气浓度释放量峰值较 CK 下降 14%~31%^[7]。在本研究中,在牛粪堆肥发酵过程中添加不同发酵菌剂主要会影响厚壁菌门、放线菌门、拟杆菌门的相对丰度。而厚壁菌门、拟杆菌门为产甲烷过程中的优势群落,甲烷的增温势更是为二氧化碳的 25 倍,具有极大的环境风险。在牛粪自然堆肥处理下,2 种细菌的相对丰度之和达 69.88%,添加发酵菌剂 C 可以显著降低厚壁菌门、拟杆菌门的相对丰度。与对照相比,2 种细菌的相对丰度之和下降了 14 个百分点,有助于降低牛粪发酵过程中甲烷的排放。综上可见,不同发酵菌剂产品的甲烷减排效果存在差别。关于提高添加发酵

菌剂的环境效益、实现养殖废物氨减排、降低温室气体排放等方面的工作有待进一步研究。

参考文献:

- [1] 李莉,杨昕涧,何家俊,等. 我国畜禽粪便资源化利用的现状 & 展望[J]. 中国奶牛,2020(11):55-60.
- [2] Guo R, Li G X, Jiang T, et al. Effect of aeration rate, C/N ratio and moisture content on the stability and maturity of compost[J]. Bioresource Technology, 2012, 112: 171-178.
- [3] Butler T A, Sikora L J, Steinhilber P M, et al. Compost age and sample storage effects on maturity indicators of biosolids compost[J]. Journal of Environmental Quality, 2001, 30(6): 2141-2148.
- [4] 赵彬涵,孙宪昀,李少杰. 微生物在有机固废堆肥中的作用与应用[J]. 微生物通报, 2021, 48(1): 223-240.
- [5] 岳世林,马晓勇,姜国均. 微生物复合菌剂在畜禽粪便堆肥发酵中的应用研究[J]. 四川畜牧兽医, 2019, 46(6): 30-32.
- [6] 徐莹莹,许修宏,任广明,等. 接种菌剂对牛粪堆肥反硝化细菌群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(3): 570-577.
- [7] 卢洋洋. 不同菌种组合对牛粪好氧堆肥发酵的影响研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2019.
- [8] 许修宏,成利军,许本姝,等. 基于高通量测序分析牛粪堆肥中细菌群落动态变化[J]. 东北农业大学学报, 2018, 49(3): 10-20.
- [9] 牛明芬,梁文涓,武肖媛,等. 复合微生物菌剂在牛粪堆肥中的应用效果[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(11): 427-429.
- [10] 葛勉慎,周海宾,沈玉君,等. 添加剂对牛粪堆肥不同阶段真菌群落演替的影响[J]. 中国环境科学, 2019, 39(12): 5173-5181.
- [11] Takii K. Microbial succession during a composting process as evaluated by denaturing gradient gel electrophoresis analysis[J]. Journal of Applied Microbiology, 2000, 89(5): 768-777.
- [12] Zheng G, Chen T, Yu J, et al. Impact of composting strategies on the degradation of nonylphenol in sewage sludge[J]. Eco-Toxicology, 2015, 24(10): 2081-2087.
- [13] 中华人民共和国卫生部. 粪便无害化卫生要求:GB 7959—2012[S]. 北京:中国标准出版社, 2012.
- [14] 王信,蔡晓剑,王亚艺. 牛粪高温好氧堆肥中发酵菌剂筛选研究[J]. 青海大学学报, 2019, 37(5): 20-25.
- [15] 金香琴,段丽杰,马继力,等. 不同微生物菌剂对畜禽粪便资源化堆肥效果的影响[J]. 科学技术与工程, 2015, 15(7): 280-283.
- [16] 张玉凤,田慎重,边文范,等. 牛粪和玉米秸秆混合堆肥好氧发酵菌剂筛选[J]. 中国土壤与肥料, 2019(3): 172-178.
- [17] 高云航,勾长龙,王雨琼,等. 低温复合菌剂对牛粪堆肥发酵影响的研究[J]. 环境科学学报, 2014, 34(12): 3166-3170.
- [18] 许修宏,门梦琪,孟庆欣,等. 牛粪好氧堆肥中真菌群落组成的动态特征[J]. 东北农业大学学报, 2019, 50(4): 48-56.
- [19] 王秀红,李欣欣,史向远,等. 好氧堆肥微生物代谢多样性及其细菌群落结构[J]. 环境科学研究, 2018, 31(8): 1457-1463.