



专论与综述

微生物在有机固废堆肥中的作用与应用

赵彬涵^{1,2} 孙宪昀^{*1,2} 黄俊³ 李少杰^{*1,4}

1 中国科学院微生物研究所 北京 100101

2 中国科学院大学 北京 101408

3 山东劲牛集团股份有限公司 山东 济南 250001

4 江西省科学院微生物研究所 江西 南昌 330096

摘要: 好氧堆肥是实现有机固体废弃物资源化利用的主流处理方式。堆肥腐熟是一个由微生物主导的生理生化过程,堆料通过微生物发酵实现矿质化、腐殖化和无害化,转变成腐熟的有机肥。传统的好氧堆肥存在发酵周期长、养分损失、恶臭及温室气体排放等不足。在堆肥过程中添加微生物是弥补传统好氧堆肥缺陷、提高堆肥品质和功效的有效方法。近年来,国内外在好氧堆肥过程中主要微生物类群与其演替规律、外源添加微生物的作用与功能等方面取得了较大进展。本文简述好氧堆肥基本过程与主要影响因素,以及这个过程中主要微生物类群与其演替规律,重点介绍有关微生物添加剂在好氧堆肥中的应用及其作用方面的研究进展。同时,我们对目前微生物添加剂在应用中存在的问题进行分析并对解决途径进行探讨。

关键词: 微生物添加剂, 好氧堆肥, 有机固体废弃物, 有机肥

Application and effects of microbial additives in aerobic composting of organic solid wastes: a review

ZHAO Binhan^{1,2} SUN Xianyun^{*1,2} HUANG Jun³ LI Shaojie^{*1,4}

1 Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China

3 Shandong Jinniu Group Company Limited, Jinan, Shandong 250001, China

4 Institute of Microbiology, Jiangxi Academy of Sciences, Nanchang, Jiangxi 330096, China

Abstract: Aerobic composting is a physiological and biochemical process dominated by microorganisms and is widely used for the recycle-aimed treatment of organic solid wastes. By microbial fermentation, organic wastes can be mineralized, humified, detoxified, and finally converted to organic fertilizers. However, traditional methods of aerobic composting have several disadvantages, including long

Foundation items: National Key Research and Development Program of China (2018YFD0500202); Major Scientific and Technological Innovation Projects in Shandong Province (2019JZZY010712); “Double Thousand Plan” of Jiangxi Province

***Corresponding authors:** E-mail: SUN Xianyun: sunxy@im.ac.cn; LI Shaojie: lisj@im.ac.cn

Received: 24-05-2020; **Accepted:** 11-08-2020; **Published online:** 09-11-2020

基金项目: 国家重点研发计划(2018YFD0500202); 山东省重大科技创新工程项目(2019JZZY010712); 江西省“双千计划”

***通信作者:** E-mail: 孙宪昀: sunxy@im.ac.cn; 李少杰: lisj@im.ac.cn

收稿日期: 2020-05-24; **接受日期:** 2020-08-11; **网络首发日期:** 2020-11-09

fermentation period, nutrient losses, and emission of odor and greenhouse gases. Addition of microbial agents during composting process can effectively overcome these disadvantages and improve the quality of composted fertilizers. In this review, the main process of aerobic composting and the major factors influencing aerobic composting were briefly described. The recent proceedings in microbial composition and community succession during aerobic composting, and the application and effects of microbial additives in composting were summarized. In addition, problems in the application of microbial additives were analyzed and possible solutions were discussed.

Keywords: microbial additives, aerobic composting, organic solid waste, organic fertilizer

近年来,随着人口增长和工农业的发展,有机固体废弃物的产生量日益增加,对环境造成了巨大压力。有机固体废弃物的来源主要包括城市生活垃圾、畜禽粪便、农作物秸秆等。在我国,畜禽粪便和农作物秸秆是最主要的 2 种有机固体废弃物来源^[1]。根据 2017 年的统计,我国畜禽粪污年产生量达到 38 亿 t,综合利用率不足 60%,农作物秸秆年产生量约 10 亿 t,综合利用率约为 80%^[2]。大量未被利用的有机废弃物被丢弃,不但造成了巨大的资源浪费,也造成了严重的土壤、大气和水体污染,因此,当前迫切需要提高有机固体废弃物的资源化利用率。目前,有机固体废弃物的资源化利用途径包括肥料化、饲料化、能源化等^[3-4]。其中,通过好氧堆肥方式将有机废弃物转化为有机肥是实现废弃物资源化利用的主要途径之一。好氧堆肥因其具有成本较低、有机物降解较快、无害化程度高等优势^[5-6],在国内外得到广泛应用。堆肥腐熟是一个由微生物主导的生理生化过程,通过微生物发酵使堆料矿质化、腐殖化和无害化而变成腐熟肥料。传统的好氧堆肥技术存在周期较长、养分损失严重、臭味和温室气体排放等问题^[7-9],在堆肥过程中使用添加剂是解决这些问题的思路之一。根据成分不同,添加剂可以分为有机、无机和微生物添加剂。其中,微生物添加剂由于成本低、无二次污染、易操作等优点^[10]成为当前研发的热点。本文简述了好氧堆肥基本过程及这个过程中主要微生物类群与其演替规律,总结了有关微生物添加剂在好氧堆肥过程中的应用及其作用方面的研究进展,并对目前微生物添加剂在应用中存在的问题和解

决途径进行探讨和展望。

1 好氧堆肥过程及影响因素

1.1 好氧堆肥过程

好氧堆肥又称高温堆肥,是一个由微生物主导的有机物料通过高温发酵后矿质化、腐殖化和无害化而转变成腐熟肥料的过程。一个完整的好氧堆肥过程通常可以分为 4 个阶段:升温阶段、高温阶段、降温阶段和腐熟(固化)阶段^[11-12]。

(1) 升温阶段

升温阶段一般为堆肥起始的 1-3 d,这个阶段的微生物以嗜温微生物为主,主要分解糖类、蛋白质类等底物,产生 CO₂ 和 H₂O,同时释放热量^[13]。由于堆体具有良好的保温作用,随着堆肥的进行,堆体温度迅速升高。

(2) 高温阶段

当堆体温度升高到 45 °C 以上时,堆肥进入高温阶段^[14-15],该阶段一般持续 10-20 d。在这一温度条件下,嗜温微生物受到抑制甚至死亡,而嗜热微生物成为优势种群,开始分解堆肥中的脂肪、纤维素、半纤维素、果胶、木质素等较难分解的物质^[16]。同时,该阶段产生的高温可杀灭堆体中的病原菌、寄生虫、杂草种子等有害生物,实现堆肥的无害化处理。我国农业农村部发布的畜禽粪便堆肥技术规范(NY/T 3442-2019)^[17]规定,堆肥高温阶段的温度应达到 55 °C 以上并持续至少 5 d,以保证有机物料的无害化。这一阶段微生物代谢活跃,需氧量增加,需要通过曝气或抛翻来增加堆体中的氧气,从而满足微生物的生长和代谢对氧气的需求。

(3) 降温阶段

随着堆体内易降解有机物的减少,嗜热微生物的活动逐渐减弱,堆体温度逐渐降低,嗜温微生物重新成为优势种群,继续分解堆体中剩余的纤维素、半纤维素、木质素等难分解的有机物^[13]。但堆体中微生物的代谢活跃度下降,堆体内产生的热量减少,温度开始下降,有机物的组成逐渐趋于稳定化。

(4) 腐熟(固化)阶段

腐熟阶段也称为二次发酵阶段,在微生物的作用下,堆肥进行二次发酵,将堆体中复杂的有机物转化为腐殖质;同时,硝化反应也在该阶段发生^[18]。腐熟阶段一般持续 20–30 d,该阶段中堆体温度逐渐下降至环境温度,耗氧量大幅减少,含水量也逐渐降低,堆肥的稳定性和腐殖化程度逐渐提高。

1.2 好氧堆肥的影响因素

作为一个复杂的物理、化学和生物过程,堆肥过程受到多种因素的影响,主要包括温度、含水率、pH、C/N、通气量、有机质含量、微生物组成、堆体大小、原料颗粒大小、添加剂等。这些因素能够影响堆体的理化性质和其中微生物的代谢活动,从而影响堆肥过程中堆体的生化反应、养分和热量损失及臭味气体排放,并最终影响堆肥的效率和品质

(图 1)。Torres-Climent 等以含水率(50%、70%)和 C/N (28、31、33、36)及 pH (5.7、7.0、7.7、8.0) 为变量,通过优化实验选择有利于厌氧发酵残留物堆肥的组合,实验结果与数据分析表明,起始含水率 50%、C/N 在 28–31 之间、pH 7.7 是提高微生物活性的最优组合^[19]。Wang 等的研究表明,以制酒工业的蒸馏谷物废弃物为原料进行堆肥时,如果不调节 pH (pH 3.5),堆肥活动则无法启动,而使用 CaO 调节起始 pH 至 5.0 则有利于堆肥产品腐熟^[20]。Zang 等研究发现,以猪粪与玉米秸秆为原料进行堆肥时,曝气速率能够显著影响二甲基硫的排放,曝气速率为 $2.0 \text{ m}^3/(\text{m}^3 \cdot \text{h})$ 时二甲基硫的累积排放量最高(约为 0.03 mol),曝气速率为 $4.0 \text{ m}^3/(\text{m}^3 \cdot \text{h})$ 时累积排放量最低(约为 0.007 mol);猪粪与玉米秸秆配比显著影响二甲基二硫的排放,配比为 2.2:1 时二甲基二硫的累积排放量最大(约为 0.038 mol),配比为 0.7:1 时累计排放量最小(约为 0.01 mol)^[21]。以上结果说明对影响因素的优化提高了堆肥效率和品质,在应用中有借鉴价值,但这些研究只是在特定原料和堆肥方式条件下对影响因素的优化,在生产应用中还应该根据实际情况进行监控并调节各个因素,使得堆肥过程高效进行,保证堆肥的效率和品质。

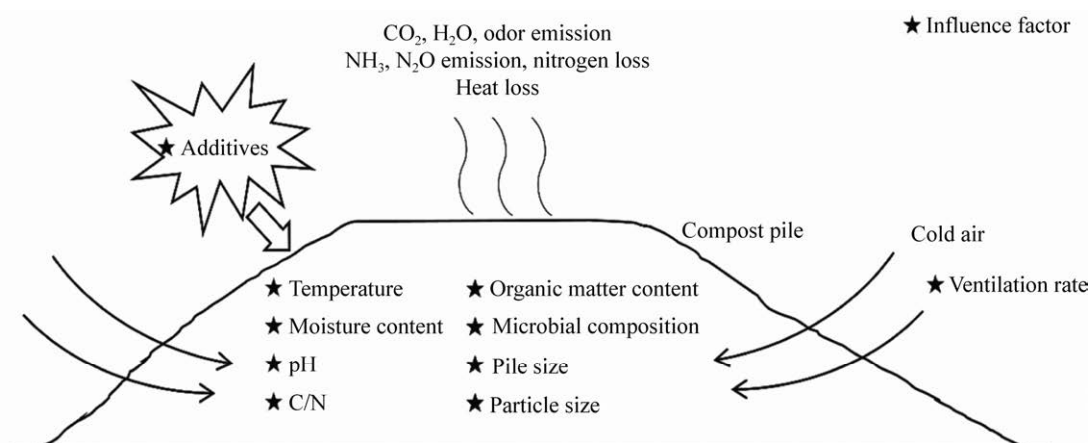


图 1 好氧堆肥的基本模式以及主要影响因素

Figure 1 The basic model and main influencing factors of aerobic composting

2 好氧堆肥过程中主要微生物类群及其演替

堆肥过程是一个由微生物主导的生化反应过程, 在每个阶段都有特定的微生物类群, 在这些不同类群和不同功能微生物的协同作用下, 有机废弃物逐渐转化为腐熟的有机肥料。参与堆肥过程的主要微生物种类是细菌、放线菌以及真菌, 早期基于传统微生物学方法的研究结果揭示, 在整个堆肥微生物群落中, 细菌占主导地位, 数量约为 10^8 – 10^9 个/g 干物料, 主要分布在假单胞菌属(*Pseudomonas*)、克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*); 放线菌数量约为 10^5 – 10^8 个/g 干物料, 主要分布在诺卡菌属(*Nocardia*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、高温放线菌属(*Thermoactinomyces*)和小单胞菌属(*Micromonospora*); 真菌数量约为 10^4 – 10^6 个/g 干物料, 主要为地霉属(*Ceotruchum*)、曲霉属(*Aspergillus*)等子囊菌门与担子菌门下的真菌类群^[22]。堆肥过程中微生物群落的演替规律可以概括为: 嗜温性细菌、真菌→纤维素分解菌(嗜热性细菌、真菌、放线菌)→纤维素分解菌(嗜热性细菌、放线菌)→木质素分解菌(放线菌等)^[22–24]。然而, 由于可培养微生物仅占自然界微生物总量的 0.1%–10%^[25], 早期的研究结果并不能准确地反映堆肥过程中微生物群落的组成与演替规律。

近年来, 分子生态学技术得到迅猛发展, 高通量测序手段被广泛应用于堆肥等不同环境微生物群落的研究中, 极大扩展了人们对堆肥过程中微生物群落组成与演替规律的认识。表 1 和表 2 总结了近年来应用高通量测序技术所揭示的堆肥过程中细菌和真菌群落组成和演替特征, 列出了堆肥各阶段主要的微生物类群。从表 1 和表 2 中可以看出, 不同堆肥发酵阶段微生物组成不同, 而且堆体内微生物的组成受原料影响。例如, 以牛粪为原料的堆肥, 升温阶段的微生物主要包括假单胞菌属(*Pseudomonas*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、佩特里单胞菌属(*Petrimonas*)等细菌类群以及念珠菌属(*Candida*)等真菌类群; 高

温阶段的微生物主要包括耐热芽孢杆菌属(*Thermobacillus*)、八叠球菌属(*Tepidimicrobium*)等细菌类群以及嗜热真菌属(*Thermomyces*)、曲霉属(*Aspergillus*)等真菌类群; 降温及腐熟阶段的微生物主要包括假单胞菌(*Pseudomonas*)、类固醇杆菌(*Steroidobacter*)等细菌以及子囊菌等真菌; 而以鸡粪为原料的堆肥, 升温阶段的微生物包括拟杆菌属(*Bacteroides*)等细菌类群以及念珠菌属(*Candida*)等真菌类群; 高温阶段的微生物主要包括一些可产生芽孢的细菌类群以及念珠菌属(*Candida*)等真菌类群; 降温及腐熟阶段的微生物主要包括极小单胞菌属(*Pusillimonas*)等细菌类群以及念珠菌属(*Candida*)等真菌类群。除了原料的影响, 这些结果也可能会受实验环境、取样时间、DNA 提取技术的影响, 无论这些结果是否能够反映真实情况, 它们还是加深了人们对堆肥过程中微生物组成与动态的了解。然而对于各种微生物在堆肥中具体作用的深入研究较少, 因此, 深入了解堆肥各阶段微生物类群的组成、演替规律和功能, 有助于提升微生物添加剂与土著微生物的协同作用, 改善微生物的添加效果, 促进新型微生物添加剂的研发。

3 微生物添加剂在好氧堆肥过程中的作用与应用

传统的堆肥腐熟过程是一个由堆体内自然微生物组参与的生理生化过程。通过添加外源微生物能够增加堆肥初期微生物群体数量并改善群体结构, 从而加速有机物的分解、加速堆体温度的提升, 缩短堆肥时间。同时, 外源微生物添加所引起的堆体内微生物组结构的改变也会对堆体内微生物代谢产生影响, 从而提高堆肥产品的质量。因此, 微生物添加剂的使用越来越受到人们的重视, 近年来国内外相关的研究也取得了较大进展, 主要体现在用于好氧堆肥添加的微生物种类更加丰富、功能更加明确多样、添加条件和方式进一步改进。

表 1 不同原料好氧堆肥过程中主要细菌群落的组成和演替

原料 Materials	升温阶段 Mesophilic stage	高温阶段 Thermophilic stage	降温阶段 Cooling stage	腐熟阶段 Maturity stage	References
园林废弃物+啤酒糟+污泥	<i>Chitinophaga</i> , <i>Acetobacter</i> , <i>Streptomyces</i> , <i>Sphingobacterium</i> , <i>Rummeliibacillus</i>	TM7, <i>Pseudoxanthomonas</i> , <i>Flavobacterium</i> , <i>Sphaerobacter</i> , <i>Steroidobacter</i>	\	<i>Sphaerobacter</i> , TM7, <i>Streptomyces</i> , <i>Chitinophaga</i> , <i>Pseudoxanthomonas</i>	[26]
Green waste+spent brewery grains+sludge	<i>Lysobacter</i> , <i>Pedobacter</i> , <i>Flavobacterium</i> , <i>Chryseobacterium</i> , <i>Symbiobacterium</i> , <i>Pseudoxanthomonas</i> , <i>Planobacterium</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Proteiniphilum</i> , <i>Pseudomonas</i>	<i>Ureibacillus</i> , <i>Tepidimicrobium</i> , <i>Symbiobacterium</i> , <i>Pseudoxanthomonas</i> , <i>Thermobifida</i> , <i>Planifilum</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Geobacillus</i> , <i>Thermobacillus</i>	\	<i>Kribbella</i> , <i>Bordetella</i> , <i>Olivibacter</i> , <i>Streptomyces</i> , <i>Parapedobacter</i> , <i>Mycobacterium</i> , <i>Bacillus</i>	[27]
牛粪+玉米芯	<i>Pseudomonas</i>	<i>Thermobacillus</i> , <i>Thermobacillus</i>	\	\	[28]
Cow manure+corn cobs	<i>Psychrobacter</i> , <i>Solibacillus</i> , <i>Lysinibacillus</i> , <i>Acinetobacter</i>	<i>Planococcaceae</i> <i>incertae sedi</i> , <i>Solibacillus</i> , <i>Chloroflexales</i> <i>norank</i> , <i>Actinomadura</i>	<i>Xanthomonadaceae</i> , <i>Chloroflexales</i>	<i>Thermopolyspora</i> , <i>Blastocatella</i> , <i>Bacteroidetes</i> <i>unclassified</i> , <i>Flexibacter</i> , <i>Roseiflexus</i>	[29]
Cow manure+wood chips	<i>Pseudomonas</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Ruminococcaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Corynebacterium</i> , <i>Petrimonas</i>	<i>Pseudomonas</i> , <i>Corynebacterium</i> , <i>Ruminococcaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Lachnospiraceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Tepidimicrobium</i> , <i>Caldicoprobacter</i> , <i>unclassified</i> , <i>Marinilabiaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Thermoflavimicrobium</i>	<i>Planococcaceae</i> <i>incertae sedi</i> , <i>Solibacillus</i> , <i>Thermopolyspora</i>	<i>Chryseolinea</i> , <i>Marinilabiaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Steroidobacter</i> , <i>Roseiflexus</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Azospira</i>	[30]
牛粪+锯末	<i>Pseudomonas</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Ruminococcaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Corynebacterium</i> , <i>Petrimonas</i>	<i>Corynebacterium</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Tepidimicrobium</i> , <i>Thermobacillus</i> , <i>Tepidanaerobacter</i>	<i>Pseudomonas</i> , <i>Marinilabiaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Chelatococcus</i> , <i>Leuconostoc</i>	<i>Chryseolinea</i> , <i>Marinilabiaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Xanthomonadaceae</i> <i>unclassified</i> , <i>Pseudofulvimonas</i> , <i>Steroidobacter</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>unclassified</i> , <i>Chitinophagaceae</i>	[31]
Chicken manure	<i>Bacteroides</i> , <i>Gottschalkia</i> , <i>Tissierella</i> , <i>Psychrobacter</i> , <i>Erysipelothrix</i> , <i>Sporosarcina</i>	<i>Paucisilabacillus</i> , <i>Lentibacillus</i> , <i>Virgibacillus</i> , <i>Erysipelothrix</i>	<i>Virgibacillus</i> , <i>Paucisilabacillus</i> , <i>Lentibacillus</i> , <i>Pustillimonas</i>	<i>Lentibacillus</i> , <i>Paenalcaldigenes</i> , <i>Paucisilabacillus</i> , <i>Moheibacter</i>	[32]
猪粪+玉米秸秆	<i>Flavobacteriaceae</i> , <i>Pseudomonadaceae</i> , <i>Bacillaceae</i> , <i>Planococcaceae</i> , <i>Celvirionaceae</i>	<i>Planococcaceae</i> , <i>Moraxellaceae</i> , <i>Flavobacteriaceae</i> , <i>Bacillaceae</i>	<i>Celvirionaceae</i> , <i>Flavobacteriaceae</i> , <i>Linnochordaceae</i> , <i>Bacillaceae</i> , <i>Linnochordaceae</i>	<i>Linnochordaceae</i> , <i>Bacillaceae</i> , <i>Nocardioseae</i>	[33]
Pig manure+com straw	<i>Planococcaceae</i> , <i>Celvirionaceae</i>	<i>Sinibacillus</i> , <i>Ammonibacillus</i> , <i>Gracilibacillus</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Pustillimonas</i> , <i>Truepera</i>	<i>Pseudofulvimonas</i> , <i>Pustillimonas</i> , <i>Petrimonas</i>	<i>Pseudofulvimonas</i> , <i>Pustillimonas</i> , <i>Petrimonas</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Halomonas</i>	[34]
家禽粪便+水稻秸秆	<i>Romboutsia</i> , <i>Clostridium</i> XI, <i>Clostridium sensu stricto</i> , <i>Jeotgalibaca</i> , <i>Bifidobacterium</i>	<i>Acinetobacter</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Azomonas</i>	<i>Azomonas</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Ohlckwangia</i> , <i>Ensifer</i>	<i>Luteimonas</i> , <i>Ensifer</i> , <i>Azomonas</i> , <i>Chryseolinea</i>	[35]
Poultry manure+rice straw	<i>Romboutsia</i> , <i>Clostridium</i> XI, <i>Clostridium sensu stricto</i> , <i>Jeotgalibaca</i> , <i>Bifidobacterium</i>	<i>Acinetobacter</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Azomonas</i>	<i>Azomonas</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Ohlckwangia</i> , <i>Ensifer</i>	<i>Luteimonas</i> , <i>Ensifer</i> , <i>Azomonas</i> , <i>Chryseolinea</i>	[36]
牛粪+木薯渣	<i>Romboutsia</i> , <i>Clostridium</i> XI, <i>Clostridium sensu stricto</i> , <i>Jeotgalibaca</i> , <i>Bifidobacterium</i>	<i>Acinetobacter</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Azomonas</i>	<i>Azomonas</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Ohlckwangia</i> , <i>Ensifer</i>	<i>Luteimonas</i> , <i>Ensifer</i> , <i>Azomonas</i> , <i>Chryseolinea</i>	[37]
Cow manure+ cassava residues	<i>Romboutsia</i> , <i>Clostridium</i> XI, <i>Clostridium sensu stricto</i> , <i>Jeotgalibaca</i> , <i>Bifidobacterium</i>	<i>Acinetobacter</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Azomonas</i>	<i>Azomonas</i> , <i>Luteimonas</i> , <i>Ohlckwangia</i> , <i>Ensifer</i>	<i>Luteimonas</i> , <i>Ensifer</i> , <i>Azomonas</i> , <i>Chryseolinea</i>	[38]

注: \: 未对该阶段微生物群落组成开展研究

Note: \: The composition of microbial community in this stage was not studied

表 2 不同原料好氧堆肥过程中主要真菌群落的组成和演替
Table 2 Composition and succession of major fungal communities in aerobic composting with different materials

原料 Materials	升温阶段 Mesophilic stage	高温阶段 Thermophilic stage	降温阶段 Cooling stage	成熟阶段 Maturity stage	References
牛粪+玉米芯	<i>Mucor, Aspergillus, Candida</i>	<i>Thermomyces, Aspergillus</i>	\	\	[28]
Cow manure+com cobs					
中药渣	<i>Trichosporon, Candida, Aspergillus</i>	<i>Aspergillus, Candida, Ascomycota</i> unclassified, <i>Tremellomycetes</i> unclassified	\	<i>Aspergillus, Ascomycota</i> unclassified, <i>Coprinus</i>	[35]
Chinese medicinal herbal residues					
牛粪	<i>Orpinomyces, Candida, Debaryomyces</i>	<i>Mycothermus</i>	<i>Mycothermus</i>	<i>Mycothermus, Ascomycota</i> unclassified	[36]
Cow manure					
猪粪+蘑菇渣	<i>Trichoderma, Aspergillus, Arthrographis, Penicillium, Fusarium</i>	<i>Trichoderma, Aspergillus</i>	<i>Trichoderma, Aspergillus, Mycothermus</i>	<i>Trichoderma, Aspergillus, Remersonia, Mycothermus</i>	[37]
Swine manure+spent mushroom substrate					
市政污泥+锯末	<i>Guehomyces, Trichosporon</i>	<i>Aspergillus, Talaromyces, Penicillium, Trichoderma, Pseudeurotium</i>	\	<i>Trichoderma, Aspergillus, Talaromyces, Penicillium, Pseudeurotium</i>	[38]
Sewage sludge+sawdust					
市政污泥+锯末	<i>Candida glabrata</i> clade, <i>Mrakia, Aspergillus, Leucosporidium</i>	<i>Mrakia, Candida glabrata</i> clade, <i>Aspergillus</i>	<i>Mrakia, Aspergillus, Plectosphaerella, Arachnida</i> norank, <i>Scedosporium</i>	\	[39]
Sewage sludge+sawdust					
城市污泥+庭院修剪垃圾	<i>Eurotiales, Saccharomycetales, Agaricales, Sporidiobolales</i>	<i>Eurotiales, Sordariales, Mortierellales, Agaricales, Saccharomycetales</i>	<i>Mortierellales, Agaricales, Saccharomycetales</i>	<i>Mortierellales, Eurotiales, Sordariales</i>	[40]
Sewage sludge+yard trimming wastes					
橄榄油厂废料+羊粪	<i>Penicillium, Davidiella, Debaryomyces</i>	<i>Sarocladium, Debaryomyces, Athelia</i>	\	<i>Penicillium, Debaryomyces, Cystofilobasidium, Rhodosporidium</i>	[41]
Alpeorajo+sheep manure					
玉米秸秆厌氧发酵残留物	\	<i>Chaetomiaceae</i>	<i>Chaetomiaceae</i>	<i>Chaetomiaceae, Psathyrellaceae</i>	[42]
Biogas residues from corn stover anaerobic digestion					
鸡粪	<i>Candida, Trichosporon, Cryptococcus, Kodamaea</i>	<i>Candida, Cryptococcus, Botrytis, Trichosporon, Aspergillus, Cryptococcus, Rasamsonia, Kodantaea</i>	<i>Candida, Trichosporon, Aspergillus, Cryptococcus, Hypocreales</i> unclassified	<i>Kernia, Microascus, Candida, Pseudallescheria</i>	[31]
Chicken manure					

注：\：未对该阶段微生物群落组成开展研究
Note：\：The composition of microbial community in this stage was not studied

3.1 微生物添加剂的种类和来源

微生物添加剂可以由单一菌种构成,也可以由数种不同的微生物组成复合菌剂。目前常用于堆肥添加的微生物类群包括芽孢杆菌属(*Bacillus*)、乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、曲霉属(*Aspergillus*)、木霉属(*Trichoderma*)以及白腐菌(White-Rot Fungi)等^[43-44]。这些微生物可以是堆肥堆体中分离的土著微生物,也可以是购买商业菌剂或从特定生境中分离得到的具有较高生物活性的微生物^[43]。

作为堆肥用的微生物添加剂,在进入市场前需要获得我国农业农村部微生物肥料登记证。微生物菌种的选择首先要考虑生态安全性,需经过菌种安全评价或根据微生物肥料生物安全通用技术准则(NY/T 1109-2017)中微生物肥料生产用菌种安全性分级目录^[45]的要求选用。目前,该目录将微生物肥料生产用菌种按安全性分为4级:第1级是免做毒理学试验的菌种;第2级是需做急性经口毒性试验的菌种;第3级是需做致病性试验的菌种;第4级是禁用菌种。其中,第1级共93种微生物,包含根瘤菌类18种、固氮微生物7种、光合微生物12种、分解磷钾化合物细菌类20种、乳酸菌类14种、酵母菌类17种、丛枝菌根真菌类2种以及放线菌类3种。另外,不同的菌种制品各有其特点,应该根据有机物类型与特点、堆肥产品的用途选用合适的微生物菌种。

3.2 微生物添加剂的接种量与接种时间

堆肥中微生物添加剂的用量一般在0.05%–5.0%之间^[46-47]。在堆肥的不同时期进行接种,菌剂用量也有差别,在堆肥初期进行接种时菌剂用量一般为0.1%–1.0%。接种量会影响微生物添加剂功能的有效发挥,并不是接种量越多越好。Duan等报道,在牛粪和麦秸混合堆肥中,接种0.5%枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)制剂能够降低堆肥碳代谢基因的丰度,降低TCA循环和甲烷代谢的强度,减少

CO₂的产生,显著提高堆肥中总有机碳和腐殖质碳的含量,达到固碳的目的,提高堆肥产品的质量;而接种量增加到2%后,会导致CO₂排放量增加^[48]。

微生物添加剂的接种时间多为堆肥初期,以促进堆肥快速升温,缩短堆肥时间。也有采用分阶段多次接种的方式,以提高添加微生物的存活能力。如Poorsoleiman等在通过堆肥处理石油污染污泥的研究中发现,先后在一次发酵和二次发酵2个阶段接种抗辐射不动杆菌(*Acinetobacter radioresistens*),可以更有效地降解总石油烃^[49];Chen等在通过堆肥钝化河道污泥中重金属的实验中,先后在堆肥升温-高温阶段、降温-腐熟阶段分2次接种黄孢原毛平革菌(*Phanerochaete chrysosporium*)^[50]。有研究发现在堆肥后期接种微生物可以改善堆肥产品的品质^[51-55],我们在堆肥的二次发酵时期添加抗真菌微生物莫海威芽孢杆菌(*B. mojavensis*) B282或解淀粉芽孢杆菌(*B. amyloliquefaciens*) B4216,这2株抗真菌微生物能在二次发酵堆体内增殖,可以提高堆肥的抗真菌“药效”^[54-55]。

3.3 添加微生物对堆肥过程的影响

3.3.1 加快升温速度,延长高温时间

牛粪等冷性堆肥原料以及农作物秸秆等富含纤维素类物质的原料堆肥时存在升温困难、发酵温度低的问题^[56-58]。在寒冷地区进行堆肥时,较低的气温使微生物活跃度降低,堆肥存在升温困难甚至无法升温的问题^[59]。这些问题不但导致物料腐熟的时间延长,而且不利于有机物料的无害化处理。在堆肥物料中添加某些特定微生物可以增加堆肥初期有效微生物的数量,增强微生物降解有机物的活性,从而加快升温过程,提高堆体温度,延长高温期的时间。Li等在猪粪和玉米秸秆为原料的堆肥中添加由皮特不动杆菌(*A. pittii*)、枯草芽孢杆菌粪便亚种(*B. subtilis* subsp. *stercoris*)、高山芽孢杆菌(*B. altitudinis*)组成的复合菌剂,使升温期从4 d缩短至2 d,高温期延长了2 d,最高温度从64.7 °C提高到67 °C^[32]。Wei等研究发现,在作物秸秆与

甘蔗渣混合堆肥中添加具有高纤维素酶活性的链霉菌(*Streptomyces* sp.) H1、分枝杆菌(*Mycobacterium* sp.) G1、小单孢菌(*Micromonospora* sp.) G7 和糖单孢菌(*Saccharomonospora* sp.) T9 可以缩短升温时间,显著提高高温期的温度^[60]。还有研究表明一些嗜冷微生物的添加可以帮助堆肥在低温下启动,对冬季堆肥或低温条件下的堆肥启动有重要意义。Sun 等发现,在鸡粪和锯末混合堆肥中接种嗜冷微生物菌株,包括嗜冷杆菌(*Psychrobacter* sp.) b110-1、节杆菌(*Arthrobacter* sp.) TSBY-50、肺炎嗜冷杆菌(*Psychrobacter pulmonis*) LMG 1012 和节杆菌(*Arthrobacter* sp.) G8,在低温环境下(10 °C)堆肥,可以提高堆体的温度,加快升温速度^[61]。Gou 等的研究表明,在低温环境下堆制的牛粪和水稻秸秆的混合堆肥中添加嗜冷微生物菌株,如缺陷短波单胞菌(*Brevundimonas diminuta*) CB1、玻璃黄杆菌(*Flavobacterium glaciei*) CB23 以及嗜热真菌黑曲霉(*Aspergillus niger*) CF5、团青霉(*Penicillium commune*) CF8,使得升温期缩短了 11 d,高温期延长了 7 d,最高温度提高了 7 °C^[62]。以上的研究通过微生物的添加促进了堆肥在低温环境下启动,加速了升温速度并延长了高温阶段的时间,但具体机制并不清楚。

3.3.2 加快有机物分解,促进堆肥腐熟

农作物秸秆、园林废弃物含有大量的纤维素、半纤维素和木质素等物质,这些物质较难被分解,成为阻碍堆肥腐熟的一大障碍。青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、木霉属(*Trichoderma*)、白腐菌(White-Rot Fungi)、放线菌目(*Actinomycetales*)以及部分芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)都是报道较多的能够高效降解木质纤维素类物质的微生物种类^[44]。国内外已有大量关于在堆肥过程中添加木质纤维素类物质降解菌来加速有机物分解、促进堆肥腐熟的研究。Hu 等在蘑菇渣和猪粪混合堆肥中接种木质纤维素降解菌群,该菌群由包括短芽孢杆菌(*Brevibacillus*)、类芽孢杆菌(*Paenibacillus*)、芽孢

杆菌(*Bacillus*)、赖氨酸芽孢杆菌(*Lysinibacillus*)和柯恩氏菌(*Cohnella*)等在内的超过 30 个属的微生物组成,使接种组真菌群落多样性更高,纤维素降解基因的相对丰度在堆肥后期显著高于对照组,纤维素、半纤维素、木质素的降解率分别提高了 19.64%、8.77% 和 34.45%^[37]。因此,接种微生物可以加快木质纤维素的降解,促进堆肥腐熟。Wan 等在鸡粪和玉米秸秆混合堆肥中添加包括地衣芽孢杆菌(*B. licheniformis*)、解淀粉芽孢杆菌(*B. amyloliquefaciens*)、巨大芽孢杆菌(*B. megaterium*)、短小芽孢杆菌(*B. pumilus*)、嗜热球形脉芽孢杆菌(*Ureibacillus thermosphaericus*)、苍白地芽孢杆菌(*Geobacillus pallidus*)以及脱氮副球菌(*Paracoccus denitrificans*)等在内的 32 株纤维素降解菌,发现添加微生物可以加快堆肥中有机物的分解,延长高温期时间,提高堆肥产品的腐熟度^[63]。Chen 等研究发现,在油菜渣和玉米秸秆混合堆肥过程的降温阶段接种黄孢原毛平革菌(*P. chrysosporium*),可以提高堆体中木质素过氧化物酶和锰过氧化物酶的活性,促进纤维素、木质素的降解以及腐殖质的形成,加快堆肥的腐熟过程^[51]。堆肥过程中纤维素类物质的降解依赖于不同类型微生物的协同作用,了解不同微生物类群在纤维素类物质降解过程中发挥的作用,解析这一复杂过程中不同微生物的协同作用机制,将有利于提高堆肥效率,更好地提升堆肥品质。

3.3.3 减少养分损失,提高堆肥产品肥效

有机废弃物含有丰富的氮、磷、钾元素和有机质,好氧堆肥会导致部分养分的损失。堆肥中碳素的损失主要来自 CO₂ 的排放。在堆肥升温 and 高温期,绝大多数糖类等碳代谢中间产物被微生物降解,产生大量的 CO₂;有研究发现,调节微生物的代谢途径可以减少堆肥中 CO₂ 的产生,促进有机物转化为腐殖质,有效固定堆肥中的碳素^[64-65]。Zhao 等在牛粪和玉米秸秆混合堆肥的各阶段接种耐热纤维素降解菌链霉菌(*Streptomyces* sp.) H1、G1、G2 和放线菌 T9,结果表明,在堆肥各阶段,

特别是高温阶段接种纤维素降解菌,可以有效提高纤维素酶活性,促进纤维素降解,并且能够提高纤维素降解产物转化为腐殖质的效率,增加堆肥中腐殖质的含量,从而减少因糖分解造成的 CO_2 排放,达到固碳的目的^[66]。 NH_3 等含氮气体的产生则是堆肥中氮素损失的主要原因。堆肥初期,含氮有机物在氨化作用下产生 $\text{NH}_4^+\text{-N}$,随着发酵的继续,堆肥进入高温阶段,物料 pH 值也随之升高,这种条件有利于 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 转化为 NH_3 而挥发; N_2O 等气体主要是堆肥初期和腐熟期微生物通过硝化作用和反硝化作用产生。减少含氮气体的产生,促进含氮化合物向稳定形式转化,可以有效减少氮素损失^[67-68]。Guo 等研究发现,在猪粪和麦秸混合堆肥中添加 5% 的巨大芽孢杆菌(*B. megaterium*)可以促进高温期氨氧化细菌的生长、增加硝化基因 *amoA* 的丰度、调节硝化和反硝化过程,从而减少 NH_3 和 N_2O 的排放^[67]。Tu 等将主要由乳酸杆菌(*Lactobacillus*)、黄杆菌(*Flavobacterium*)、念珠菌(*Candida*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、马杜拉放线菌(*Actinomadura*)、土壤芽孢杆菌(*Solibacillus*)和嗜冷杆菌(*Psychrobacter*)组成的商业微生物菌剂与生物炭组合在一起,添加到猪粪与锯末混合的堆肥中,与对照组相比,添加组 NH_3 的累计排放量减少了 70.50%, N_2O 的累计排放量减少了 29.00%, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量提高了 50.00%,总凯氏氮的含量提高了 59.00%,有效实现了氮素保留^[68]。以上研究表明,接种微生物能够减少堆肥中碳、氮元素以气体形式散失,促进 2 种元素向稳定形式转化,从而有效锁住养分。有关添加微生物影响堆肥碳氮循环的具体机制目前尚未完全清楚。解析添加微生物在堆肥碳氮转化方面的代谢途径,对于更有目的地添加微生物和提升养分保留效果具有重要意义。

除了通过减少气体排放和促进养分固定来维持堆肥肥效,也有研究通过添加溶磷菌和钾细菌增加堆肥中易吸收养分的含量,以此提高堆肥产品肥效。Wei 等研究发现,在城市固体废弃物与秸秆混合堆肥的起始阶段和降温阶段,添加磷矿粉以及由

地衣芽孢杆菌(*B. licheniformis*)、枯草芽孢杆菌(*B. subtilis*)、乳酸肠球菌(*Enterococcus lactis*)、变异棒状杆菌(*Corynebacterium variabile*)、变栖克雷伯氏菌(*Klebsiella variicola*)、芽孢杆菌(*Bacillus* sp.)、克雷伯氏菌(*Klebsiella* sp.)等 7 株细菌组成的复合溶磷菌剂,能够增加堆肥产品中溶磷菌以及总的细菌数量,并增加堆肥中总磷以及有效磷的含量^[69]。李甲亮等在污水厂剩余污泥与营养土(生活垃圾的衍生物)混合堆肥中添加钾长石粉,比较不接种钾细菌、发酵前接种以及发酵第 5 天接种对堆肥营养成分等参数的影响,结果表明,在发酵前接种钾细菌可以有效增加堆肥中钾细菌的数量,并能提高堆肥产品中速效磷和速效钾的含量,提高堆肥产品肥效^[70]。在关注堆肥中速效磷和速效钾含量的同时,需要研究两元素在堆肥中的循环过程。此外,还应该研究如何提高溶磷菌和溶钾菌在堆肥中的生存能力,以维持其在堆肥中的数量,达到发挥其长效作用的目的。

3.3.4 减少臭味气体和温室气体排放

传统好氧堆肥过程中会产生大量的恶臭气体(含氮化合物、含硫化合物以及其他挥发性有机物)和温室气体(CO_2 、 CH_4 、 N_2O),加重大气污染和温室效应。研究证实,在堆肥中添加微生物可以减少恶臭气体和温室气体的排放。Gu 等研究了在堆肥中添加排硫硫杆菌(*Thiobacillus thioparus*) 1904 和硫磺对含氮和含硫气体排放的影响,结果表明,较单独添加排硫硫杆菌 1904 或硫磺,二者共同添加可以更有效地减少堆肥中 NH_3 、 N_2O 的累积排放量;而单独添加排硫硫杆菌 1904 在减少 H_2S 、甲基硫化物、甲硫醇、二甲基二硫的累计排放量以及增加堆肥产品中有效硫含量方面的效果更加显著,排硫硫杆菌 1904 有助于硫的氧化,促进有机硫和元素硫向硫酸盐转化,有效提高堆肥中有效硫的比例^[71]。卢彬等在牛粪与稻壳混合堆肥中接种 0.3% 的自制复合微生物菌剂,研究菌剂对温室气体排放的影响,结果表明,接种微生物菌剂可减少温室气体的排放,与空白对照组相比,接种组 CH_4 和 N_2O

排放量分别减少 33% 和 45%^[72]。堆肥中臭味气体和温室气体的产生是不同类型微生物代谢活动的结果,通过组学方法研究添加微生物对堆肥土著微生物群落组成和结构的影响,找出堆肥中对这些气体的产生起到主要作用的微生物类群,能够更有针对性地实现减少臭气和温室气体排放的目的。

3.3.5 去除抗生素和抗生素抗性基因

随着畜禽养殖业的迅猛发展,抗生素的使用量大幅增加,但畜禽对抗生素难以完全吸收和代谢,大量抗生素及其代谢产物随粪便或尿液排出。排出的抗生素如果不加处理,不但污染了环境,还会导致环境中抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)的产生和富集,增加病原微生物耐药菌株产生的风险。畜禽粪便中的抗生素残留严重制约了其资源化利用,已经成为亟待解决的问题。

好氧堆肥可以在一定程度上去除抗生素,但好氧堆肥过程中抗生素的降解效果受到堆体温度、微生物活性、抗生素种类和初始浓度、通风方式等因素的影响,使得好氧堆肥并不能完全去除抗生素^[73],堆肥产品中依然存在抗生素残留^[74]。一些从特定环境中分离的微生物能够降解抗生素^[75-77],可以通过添加这些微生物来提高堆肥过程中抗生素的降解速率。Liang 等研究发现,在堆肥的起始阶段和腐熟阶段分 2 次接种由伯克霍尔德菌(*Burkholderia*)、苍白杆菌(*Ochrobactrum*)和念珠菌(*Candida*)组成的复合菌剂,对于强力霉素的去除率增加了约 7.13%,而且能够降低四环素抗性基因传播的风险^[78]。肖礼等研究了在猪粪堆肥中添加白腐真菌以及白腐真菌、氨化和硝化菌剂的混合菌剂对猪粪中四环素类抗生素的降解影响,实验结果表明,添加菌剂可以加速堆肥过程中四环素的降解^[79]。目前,对于好氧堆肥过程中抗生素降解的机理以及这个过程中微生物群落的变化尚未完全清楚,仍需深入研究。此外,通过添加微生物提高好氧堆肥过程中抗生素的降解效率具有良好的发展潜力,应继续研究微生物降解抗生素的机理,筛选培育高效抗生素降解菌株,探索适宜抗生素降解菌株发挥功能的堆肥

参数,为相关应用奠定基础。

除了去除抗生素,好氧堆肥也能够一定程度上去除堆体中的 ARGs,但同样存在无法完全消除的问题,使得堆肥产品中依然存在 ARGs^[80-81]。ARGs 主要以水平基因转移(Horizontal Gene Transfer, HGT)方式传播,它们可以整合到质粒、整合子和转座子等可移动基因元件(Mobile Gene Elements, MGEs)中,进而在菌株之间传播^[82],增加耐药菌产生的风险。如何高效消除堆肥中的 ARGs 成为大家关注的重点。许多研究揭示在堆肥中添加微生物可以降低 ARGs 的丰度。Hu 等研究发现,在堆肥中添加纤维素降解菌能够抑制堆肥中潜在的病原菌,从而减少 ARGs 潜在宿主数量,降低可移动遗传元件(MGEs)的相对丰度,从而抑制了水平基因转移的发生,这两方面因素共同导致堆肥中 ARGs 相对丰度的降低^[83]。Duan 等研究不同接种量的枯草芽孢杆菌(*B. subtilis*)对堆肥中 ARGs 和 MGEs 丰度的影响,结果表明,接种 0.5% 的枯草芽孢杆菌不会影响 ARGs 的绝对丰度,但可以显著降低 ARGs 的相对丰度以及堆肥产品中病原菌的数量^[84]。总体来说,添加微生物去除堆肥中 ARGs 的研究还处在初期阶段,关于添加微生物去除 ARGs 的机制仍待深入研究。

3.3.6 钝化或去除重金属

由于部分重金属具有促进畜禽生长和提高免疫力等作用,因此畜禽养殖饲料中添加了过量的 Cu、Zn、As 等重金属,而大部分重金属不能被机体吸收而随粪便排出,使得畜禽粪便中普遍存在重金属超标的现象。此外,市政污泥、生活垃圾等材料也含有一定量的重金属。这些原料如果未被妥善处理就施入土壤,必然造成土壤重金属污染,危害植物生长以及人类健康。

目前,对于重金属污染的治理主要有 2 个思路,即钝化重金属和去除重金属^[85]。研究表明,好氧堆肥可以实现重金属的钝化,降低重金属的生物活性和毒性^[86]。堆肥钝化重金属的原理主要是堆肥过程中发生腐殖化作用形成胡敏酸等复杂的

大分子腐殖类物质,可以与堆体中的重金属发生络合,降低重金属的生物有效性^[87]。此外,堆体中部分微生物类群也可以对重金属进行吸附和转化,降低重金属的毒性^[88]。尽管如此,堆肥结束后堆体内依然存在较高含量的生物有效态重金属^[89],严重制约了有机肥的推广和应用。

在堆肥过程中添加钝化剂可以提高重金属钝化效率,降低重金属的生物有效性,从而降低环境污染风险。目前常用的钝化剂包括物理钝化剂、化学钝化剂和生物钝化剂等。其中,物理钝化剂存在与堆肥产品难分离、钝化效率不高等问题,仍需进一步研发高效钝化剂。化学钝化剂对重金属钝化效果较好,但易对环境造成二次污染。与上述两类材料相比,生物钝化剂具有易获得、投资少、无二次污染、产物大多稳定无害等优势,因此拥有巨大的发展潜力^[90]。白腐菌等真菌是研究较多的应用于堆肥的生物钝化剂。Zhang 等研究发现,在堆肥中添加黄孢原毛平革菌(*P. chrysosporium*)可以提升对 Zn、Pb、Cu、Ni 的钝化效果,效果的提升可能与黄孢原毛平革菌促进腐殖质形成有关^[91];而 Chen 等的研究则表明,添加黄孢原毛平革菌可以提高 Cu、Pb、Cd 的钝化效果,但对 Zn 的钝化效果不明显^[50]。也有研究将生物钝化剂与其他钝化材料复合使用,提高重金属的钝化效率。李冉等研究发现,猪粪堆肥中添加 24%花生壳生物炭和 1%由乳酸菌群、酵母菌群、芽孢杆菌群、光合细菌群及放线菌群等组成的复合菌剂对 Pb 表现出相对较强的钝化能力,钝化效率为 74.60%;添加 24%木屑炭和 1.5%菌剂对 Cd 表现出相对较强的钝化作用,钝化效率为 58.13%^[92]。Wei 等分离堆肥中的胡敏素和重金属抗性细菌,通过摇瓶吸附实验评价两者对重金属的去除能力,实验结果表明,胡敏素与重金属抗性细菌结合使用可以更有效地去除重金属并提高细菌群落的多样性和生物量,使用从堆肥腐熟期分离的胡敏素后这种协同效果更为明显;结构方程模型表明,微生物生物量和胡敏素腐殖化程度是影响重金属生物吸附的关键因素,该结果证

明将堆肥腐熟期来源的胡敏素与重金属抗性细菌结合使用可以促进重金属的去除,为减少堆肥中重金属污染提供了一种环保型的可能手段^[93]。

目前对于生物钝化剂的研究依然不足,生物钝化剂对堆肥中重金属的钝化效果已在相关研究中得到验证,但其钝化重金属的机理尚无深入的研究,进一步探索生物钝化剂发挥作用的机理,可以为生物钝化剂的应用提供理论基础。此外,还应加强对于生物钝化剂与其他钝化材料复合使用的研究,研发新型高效复合钝化剂,提高堆肥重金属钝化效率。

重金属的钝化可以降低堆体中重金属的毒性,减少堆肥产品的环境污染风险,但并不能移除堆肥产品中的重金属;在特定条件下,非活性态重金属可能再次转变成生物活性态重金属,威胁人类健康^[94]。Yang 等提出一种利用微生物和吸附材料去除堆肥中重金属的方法,即先在堆肥中添加功能微生物来吸附其中的重金属,随后将携带重金属的微生物通过吸附材料吸附,从而去除重金属^[85]。随后的实验结果证实,在堆肥中添加具有良好吸附能力的微生物类芽孢杆菌(*Paenibacillus* sp.) WP-1 和开目芽孢杆菌(*B. gaemokensis*) EB-28,以海绵或棉花作为吸附材料,可以有效去除堆肥中的 Cu、Zn、Pb、Cr、Cd,但对 Ni 没有去除效果^[85]。该研究为消除堆肥中的重金属提供了新的思路,下一步应继续挖掘能够在堆肥中存活并高效吸附重金属的微生物,评价不同添加微生物与吸附材料搭配对重金属的去除效率,为此方法的实际应用奠定基础。

3.3.7 提高堆肥产品的附加值

除了用作常规的有机肥料,在发酵好的堆肥产品中添加特定功能(固氮、溶磷、溶钾等)的微生物,经过短期好氧发酵或不进行发酵,就可将堆肥产品转变成成为功能性生物有机肥或微生物肥。Tahir 等以沼渣、堆肥产品以及磷矿粉为原料,先后添加溶磷菌芽孢杆菌(*Bacillus*) MWT-14 和固氮螺菌(*Azospirillum*)进行短期好氧发酵制成生物有机肥,该生物有机肥可以显著提高土壤肥力,提高小麦产

量,而将该肥料与溶磷菌一同施入土壤效果更加明显^[95]。Chen 等将牛粪堆肥产品、生物炭、 γ -聚谷氨酸以及能够降解阿特拉津(Atrazine)的节杆菌(*Arthrobacter* sp.) DNS10 混合在一起,经 24 h 风干后制成生物有机肥,该生物有机肥可以有效减少土壤中残留的阿特拉津,减轻阿特拉津对大豆生长的胁迫,促进大豆生长^[96]。将堆肥产品与功能微生物混合后施入土壤,一方面可以发挥堆肥作为肥料的作用,另一方面也能降低或消除功能微生物单独施用的不利因素,更好地发挥功能微生物的效果,实现堆肥产品的高附加值应用。生物有机肥发挥作用的前提是功能微生物与堆肥产品高效结合在一起,提升功能微生物与堆肥产品的兼容性是下一步的工作重点。

3.4 抗真菌微生物在好氧堆肥过程中的应用

自然界存在许多能够抑制植物病原真菌生长的微生物,将这类微生物引入土壤可以起到防治植物病害的效果。然而在实际应用中,单独接种至土壤中的外源抗真菌微生物由于营养和环境因素等影响,多数无法在土壤中定殖或存活,导致防治效果不理想甚至无防效。Cucu 等的研究表明,在受辣椒疫霉病菌(*Phytophthora capsici*)感染的土壤中施加木霉菌(*Trichoderma* sp.) TW2、园林废弃物堆肥产品以及两者混合后的产品,均可显著降低土壤中辣椒疫霉病菌的丰度,而且在连续 2 年的田间试验后,施加混合产品组西葫芦疫病的病情指数显著低于单独施加 TW2 组^[97]。Zhang 等以猪粪堆肥产品和氨基酸肥料为原料,添加植物根际促生菌解淀粉芽孢杆菌(*B. amyloliquefaciens*) NJPRHSDAQ-1,经 6 d 的二次发酵后制成生物有机肥,盆栽和大田试验表明,使用该生物有机肥可以显著降低生姜根腐病的发病率,促进植株生长,调节土壤微生物群落,提高生姜产量^[98]。Wu 等将鸡粪堆肥产品和稻草混合并灭菌,接种解淀粉芽孢杆菌(*B. amyloliquefaciens*) Ljx101 和枯草芽孢杆菌(*B. subtilis*) Lja002,经过 4 d 固体发酵后制成生物

有机肥,盆栽和田间实验表明,该生物有机肥不仅能够防治辣椒枯萎病,而且能够促进辣椒生长并提高辣椒产量^[99]。上述研究表明,将抗真菌微生物与堆肥产品相结合后施入土壤,能够同时发挥抗真菌微生物防治植物病害的效果以及堆肥产品的促生效果,可以作为一种防控植物病害的新策略,具有良好的应用前景。

以上研究主要是通过通过在腐熟好的堆肥产品中添加抗真菌微生物进行短期好氧发酵或不进行发酵来生产生物有机肥,发挥防控植物病害的效果,该方法存在微生物菌剂用量多、微生物与堆肥产品兼容性差等问题。最近我们建立了一种通过向一次发酵后的堆肥中添加抗真菌微生物进行二次发酵来提高堆肥产品抗真菌“药效”和品质的新方法;从畜禽养殖废弃物的二次堆肥过程中分离具有抗真菌活性的微生物,并对 4 株抗菌谱广的微生物通过堆肥添加实验评价其在堆肥二次发酵过程中的功效,结果显示,莫海威芽孢杆菌(*B. mojavensis*) B282 和解淀粉芽孢杆菌(*B. amyloliquefaciens*) B4216 可以在二次发酵堆体内通过 10–20 d 的发酵实现 10–100 倍的增殖^[54–55]。这种方法以堆肥后期的堆体为基质进行有益微生物的发酵与增殖,解决了传统生物有机肥制作中的微生物菌剂添加量大和兼容性差等不足,值得在生产中推广应用。

4 结语与展望

好氧堆肥是实现有机废弃物资源化利用经济有效的方法,微生物在堆肥腐熟过程中发挥了主导作用,加深对不同堆肥物料在堆肥不同时期微生物组的动态变化和功能研究,对于提高堆肥的效率和堆肥产品品质以及减少堆肥过程中恶臭与温室气体排放具有重要意义。传统的好氧堆肥存在发酵周期长、养分损失多、恶臭和温室气体排放量大、肥效较低等问题,制约了好氧堆肥的应用。在堆肥中添加微生物可以起到加快腐熟、提高肥效、减少气体排放、提高安全性、提高堆肥产品附加值等多方面效果,具有良好的应用前景。

然而, 部分微生物添加剂在应用时也存在效果不佳甚至无效果、适用范围窄等问题, 主要原因在于添加的微生物对堆肥环境适应性较差以及堆肥中土著微生物与添加微生物之间存在竞争^[100-101]。要解决这些问题, 一方面要研究如何提高添加微生物在堆肥中的存活力和活性, 主要包括: (1) 调节堆肥过程中的 pH、C/N、含水率、通氧量等参数, 使之有利于添加微生物的生长和繁殖; (2) 使用从堆肥中所分离的具有较高活性的土著微生物, 从而提高添加微生物的适生性; (3) 在堆肥降温或腐熟阶段添加微生物, 避免高温等不利条件对添加的微生物产生不良影响; (4) 分阶段多次添加微生物, 保持微生物在堆体中的数量和活性; (5) 将微生物与起爆剂(如糖蜜、红糖和淀粉等)或其他材料(如生物炭等)结合后添加, 这些材料可以为微生物提供最初的营养底物或良好的生长繁殖场所, 抵御外界不良环境, 快速启动发酵进程。另一方面, 对于不同原料的堆肥在堆肥过程中土著微生物群落组成、演替以及功能仍缺乏全面深入的认识^[26,102]。基于现代生物学技术, 深入了解土著微生物类群的组成、演替规律与功能, 不仅有助于堆肥用微生物添加剂的研发, 而且有助于形成科学控制堆肥过程的理论与方法。

REFERENCES

- [1] Li LT, Li WM, Sun JM, Chu F, Rao ZX, Huang FQ. Research status and prospects of the resource utilization of organic waste in urban and rural areas[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2019, 36(3): 264-271 (in Chinese)
李龙涛, 李万明, 孙继民, 褚飞, 饶中秀, 黄凤球. 城乡有机废弃物资源化利用现状及展望[J]. *农业资源与环境学报*, 2019, 36(3): 264-271
- [2] General Office of the Ministry of Agriculture. 2016-2020 Plan for demonstration project construction to comprehensively control agricultural non-point source pollution in key river valleys[Z]. 2017 (in Chinese)
农业部办公厅. 重点流域农业面源污染综合治理示范工程建设规划(2016—2020年)[Z]. 2017
- [3] Yan K, Liu ZN, Cheng PY, Zhao HY. Status quo of agricultural waste resource utilization in China and its prospects[J]. *Agricultural Outlook*, 2019, 15(7): 62-65 (in Chinese)
严铠, 刘仲妮, 成鹏远, 赵海燕. 中国农业废弃物资源化利用现状及展望[J]. *农业展望*, 2019, 15(7): 62-65
- [4] Zhou J, Wang MY, Wang GH, Ma LQ, Luo LW, Huang HZ. Research status and prospect of food waste utilization technology[J]. *Biotic Resources*, 2020, 42(1): 87-96 (in Chinese)
周俊, 王梦瑶, 王改红, 马利钦, 罗丽雯, 黄焕忠. 餐厨垃圾资源化利用技术研究现状及展望[J]. *生物资源*, 2020, 42(1): 87-96
- [5] Vaverková MD, Adamcová D, Winkler J, Koda E, Petrželová L, Maxianová A. Alternative method of composting on a reclaimed municipal waste landfill in accordance with the circular economy: benefits and risks[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 723: 137971
- [6] Geng XS, Tang QF, Xing MY, Wang Y. Research progress of aerobic composting of urban sludge[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2016, 44(18): 107-110 (in Chinese)
耿晓洒, 汤庆丰, 邢美燕, 王寅. 城市污泥好氧堆肥研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2016, 44(18): 107-110
- [7] Wang SG, Zeng Y. Ammonia emission mitigation in food waste composting: a review[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 248: 13-19
- [8] Muttalib SAA, Ismail SNS, Praveena SM. Application of Effective Microorganism (EM) in food waste composting: a review[J]. *Asia Pacific Environmental and Occupational Health Journal*, 2016, 2(2): 37-47
- [9] Lin L, Xu FQ, Ge XM, Li YB. Improving the sustainability of organic waste management practices in the food-energy-water nexus: a comparative review of anaerobic digestion and composting[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2018, 89: 151-167
- [10] Li CN, Li HY, Yao T, Su M, Ran F, Han B, Li JH, Lan XJ, Zhang YC, Yang XM, et al. Microbial inoculation influences bacterial community succession and physicochemical characteristics during pig manure composting with corn straw[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 289: 121653
- [11] Du XR, Li B, Chen KJ, Zhao C, Xu LJ, Yang ZD, Sun Q, Chandio FA, Wu GR. Rice straw addition and biological inoculation promote the maturation of aerobic compost of rice straw biogas residue[J]. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 2020. DOI: 10.1007/s13399-019-00587-y
- [12] Chin KL, H'Ng PS, Chai EW, Khoo PS, Lee CL, Go WZ. Valorization of lignocellulosic food industry waste in Malaysia by accelerated co-composting method: changes in physicochemical and microbial community[J]. *Waste and Biomass Valorization*, 2020, 11(9): 4871-4884
- [13] Bernal MP, Albuquerque JA, Moral R. Composting of animal manures and chemical criteria for compost maturity assessment. A review[J]. *Bioresource Technology*, 2009,

- 100(22): 5444-5453
- [14] Nigussie A, Bruun S, Kuyper TW, de Neergaard A. Delayed addition of nitrogen-rich substrates during composting of municipal waste: effects on nitrogen loss, greenhouse gas emissions and compost stability[J]. *Chemosphere*, 2017, 166: 352-362
- [15] Xu J, Xu XH, Han Y, Sheng SY, Meng QX, Wang ZY, Liu WY, Di LB. Evaluation of a novel thermophilic nitrifying *Bacillaceae* species *Aliibacillus thermotolerans* BM62^T promoting nitrogen retention in livestock manure compost[J]. *Environmental Progress & Sustainable Energy*, 2020, 39(3): e13357
- [16] Bhattacharya A, Pletschke BI. Thermophilic *Bacilli* and their enzymes in composting[A]//Maheshwari DK. *Composting for Sustainable Agriculture*[M]. Cham: Springer, 2014: 103-124
- [17] Ministry of Agriculture and Rural Areas of the People's Republic of China. NY/T 3442-2019 Technical specification for animal manure composting[S]. Beijing: China Agricultural Press, 2019 (in Chinese)
中华人民共和国农业农村部. NY/T 3442-2019 畜禽粪便堆肥技术规范[S]. 北京: 中国农业出版社, 2019
- [18] Antil RS, Raj D, Abdalla N, Inubushi K. Physical, chemical and biological parameters for compost maturity assessment: a review[A]//Maheshwari DK. *Composting for Sustainable Agriculture*[M]. Cham: Springer, 2014: 83-101
- [19] Torres-Climent A, Martin-Mata J, Marhuenda-Egea F, Moral R, Barber X, Perez-Murcia MD, Paredes C. Composting of the solid phase of digestate from biogas production: optimization of the moisture, C/N ratio, and pH conditions[J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2015, 46(S1): 197-207
- [20] Wang SP, Zhong XZ, Wang TT, Sun ZY, Tang YQ, Kida K. Aerobic composting of distilled grain waste eluted from a Chinese spirit-making process: the effects of initial pH adjustment[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 245: 778-785
- [21] Zang B, Li SY, Michel Jr F, Li GX, Luo Y, Zhang DF, Li YY. Effects of mix ratio, moisture content and aeration rate on sulfur odor emissions during pig manure composting[J]. *Waste Management*, 2016, 56: 498-505
- [22] Li J, Peng SP. *The Practical Handbook of Compost Engineering*[M]. 2nd ed. Beijing: Chemical Industry Press, 2011: 12-13 (in Chinese)
李季, 彭生平. *堆肥工程实用手册*[M]. 2 版. 北京: 化学工业出版社, 2011: 12-13
- [23] Zhou QY, Wang SF. *Microbiology of Environmental Engineering*[M]. 3rd ed. Beijing: Higher Education Press, 2008: 349-350 (in Chinese)
周群英, 王士芬. *环境工程微生物学*[M]. 3 版. 北京: 高等教育出版社, 2008: 349-350
- [24] Wang JL, Li SP, Huang Z. *Environmental Microbiology*[M]. 2nd ed. Beijing: Higher Education Press, 2004: 255-256 (in Chinese)
- 王家玲, 李顺鹏, 黄正. *环境微生物学*[M]. 2 版. 北京: 高等教育出版社, 2004: 255-256
- [25] Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation[J]. *Microbiological Reviews*, 1995, 59(1): 143-169
- [26] Storey S, Chualain DN, Doyle O, Clipson N, Doyle E. Comparison of bacterial succession in green waste composts amended with inorganic fertiliser and wastewater treatment plant sludge[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 179: 71-77
- [27] Lv BY, Xing MY, Yang J, Zhang LB. Pyrosequencing reveals bacterial community differences in composting and vermicomposting on the stabilization of mixed sewage sludge and cattle dung[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(24): 10703-10712
- [28] Zhang LL, Zhang HQ, Wang ZH, Chen GJ, Wang LS. Dynamic changes of the dominant functioning microbial community in the compost of a 90-m³ aerobic solid state fermentor revealed by integrated meta-omics[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 203: 1-10
- [29] Wang K, Chu C, Li XK, Wang W, Ren NQ. Succession of bacterial community function in cow manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 267: 63-70
- [30] Zhong XZ, Ma SC, Wang SP, Wang TT, Sun ZY, Tang YQ, Deng Y, Kida K. A comparative study of composting the solid fraction of dairy manure with or without bulking material: performance and microbial community dynamics[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 247: 443-452
- [31] Mao HL, Wang K, Wang Z, Peng J, Ren NQ. Metabolic function, trophic mode, organics degradation ability and influence factor of bacterial and fungal communities in chicken manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 302: 122883
- [32] Li CN, Li HY, Yao T, Su M, Li JH, Liu ZY, Xin YQ, Wang LD, Chen JG, Gun SB. Effects of microbial inoculation on enzyme activity, available nitrogen content, and bacterial succession during pig manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 306: 123167
- [33] Zainudin MH, Mustapha NA, Maeda T, Ramli N, Sakai K, Hassan M. Biochar enhanced the nitrifying and denitrifying bacterial communities during the composting of poultry manure and rice straw[J]. *Waste Management*, 2020, 106: 240-249
- [34] Li G, Zhu QH, Jiang ZW, Li MQ, Ma CF, Li XT, Liu HB, Liu YY, Li QL. Roles of non-ionic surfactant sucrose ester on the conversion of organic matters and bacterial community structure during composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 308: 123279
- [35] Tian XP, Yang T, He JZ, Chu Q, Jia XJ, Huang J. Fungal community and cellulose-degrading genes in the composting process of Chinese medicinal herbal residues[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 241: 374-383

- [36] Wang K, Yin XB, Mao HL, Chu C, Tian Y. Changes in structure and function of fungal community in cow manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 255: 123-130
- [37] Hu T, Wang XJ, Zhen LS, Gu J, Zhang KY, Wang QZ, Ma JY, Peng HL, Lei LS, Zhao WY. Effects of inoculating with lignocellulose-degrading consortium on cellulose-degrading genes and fungal community during co-composting of spent mushroom substrate with swine manure[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 291: 121876
- [38] Jiang JS, Pan YW, Yang XL, Liu J, Miao HH, Ren YQ, Zhang CY, Yan GX, Lv JH, Li YB. Beneficial influences of peletlith and dicyandiamide on gaseous emissions and the fungal community during sewage sludge composting[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2019, 26(9): 8928-8938
- [39] Ma C, Hu B, Wei MB, Zhao JH, Zhang HZ. Influence of matured compost inoculation on sewage sludge composting: enzyme activity, bacterial and fungal community succession[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 294: 122165
- [40] Robledo-Mahón, Gómez-Silván C, Andersen GL, Calvo C, Aranda E. Assessment of bacterial and fungal communities in a full-scale thermophilic sewage sludge composting pile under a semipermeable cover[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 298: 122550
- [41] Tortosa G, Torralbo F, Maza-Márquez P, Aranda E, Calvo C, González-Murua C, Bedmar EJ. Assessment of the diversity and abundance of the total and active fungal population and its correlation with humification during two-phase olive mill waste (“alperujo”) composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 295: 122267
- [42] Meng XY, Yan J, Zuo B, Wang YH, Yuan XF, Cui ZJ. Full-scale of composting process of biogas residues from corn stover anaerobic digestion: physical-chemical, biology parameters and maturity indexes during whole process[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 302: 122742
- [43] Cai R, Xu CC. Research progress on microorganisms commonly used in composting and their effects[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2019(5): 1-7 (in Chinese)
蔡瑞, 徐春城. 堆肥用微生物及其效果研究进展[J]. *中国土壤与肥料*, 2019(5): 1-7
- [44] Harindintwali JD, Zhou JL, Yu XB. Lignocellulosic crop residue composting by cellulolytic nitrogen-fixing bacteria: a novel tool for environmental sustainability[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 715: 136912
- [45] Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. NY/T 1109-2017 General biosafety standard for microbial fertilizers[S]. Beijing: China Agricultural Press, 2017 (in Chinese)
中华人民共和国农业部. NY/T 1109-2017 微生物肥料生物安全通用技术准则[S]. 北京: 中国农业出版社, 2017
- [46] Feng H, Li HX. The functions of microbial inoculum and its application in composting[J]. *Ecology and Environment*, 2004, 13(3): 439-441 (in Chinese)
冯宏, 李华兴. 菌剂对堆肥的作用及其应用[J]. *生态环境*, 2004, 13(3): 439-441
- [47] Lu J, He MM. Research progress on aerobic composting of river sediment[J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2017, 58(8): 1456-1461, 1464 (in Chinese)
卢珏, 和苗苗. 河道底泥好氧堆肥化处理研究进展[J]. *浙江农业科学*, 2017, 58(8): 1456-1461, 1464
- [48] Duan ML, Zhang YH, Zhou BB, Qin ZL, Wu JH, Wang QJ, Yin YN. Effects of *Bacillus subtilis* on carbon components and microbial functional metabolism during cow manure-straw composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 303: 122868
- [49] Poorsoleiman MS, Hosseini SA, Etminan A, Abtahi H, Koolivand A. Effect of two-step bioaugmentation of an indigenous bacterial strain isolated from oily waste sludge on petroleum hydrocarbons biodegradation: scaling-up from a liquid mineral medium to a two-stage composting process[J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2020, 17: 100558
- [50] Chen YR, Chen YN, Li YP, Wu YX, Zeng ZP, Xu R, Wang S, Li H, Zhang JC. Changes of heavy metal fractions during co-composting of agricultural waste and river sediment with inoculation of *Phanerochaete chrysosporium*[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, 378: 120757
- [51] Chen Y, Wang YY, Xu Z, Liu YY, Duan HP. Enhanced humification of maize straw and canola residue during composting by inoculating *Phanerochaete chrysosporium* in the cooling period[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 293: 122075
- [52] Ma L, Zhang HY, Zhou XK, Yang CG, Zheng SC, Duo JL, Mo MH. Biological control tobacco bacterial wilt and black shank and root colonization by bio-organic fertilizer containing bacterium *Pseudomonas aeruginosa* NXHG29[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 129: 136-144
- [53] Yuan SF, Li MY, Fang ZY, Liu Y, Shi W, Pan B, Wu K, Shi JX, Shen B, Shen QR. Biological control of tobacco bacterial wilt using *Trichoderma harzianum* amended bioorganic fertilizer and the arbuscular mycorrhizal fungi *Glomus mosseae*[J]. *Biological Control*, 2016, 92: 164-171
- [54] Sun XY, Zhao BH, Li SJ, Zhang ZY. *Bacillus amyloliquefaciens* B4216 and application thereof: CN, CN201910866235.1[P]. 2019-11-15 (in Chinese)
孙宪昀, 赵彬涵, 李少杰, 张振颖. 一株解淀粉芽孢杆菌 B4216 及其应用: 中国, CN201910866235.1[P]. 2019-11-15
- [55] Sun XY, Zhao BH, Li SJ, Zhang ZY. *Bacillus mojavensis* B282 and application thereof: CN, CN201910641326.5[P]. 2019-11-22 (in Chinese)
孙宪昀, 赵彬涵, 李少杰, 张振颖. 一株莫海威芽孢杆菌 B282 及其应用: 中国, CN201910641326.5[P]. 2019-11-22
- [56] Li GX, Li YC, Li YF. Advance on composting of solid waste and utilization of additives[J]. *Journal of*

- Agro-Environment Science, 2003, 22(2): 252-256 (in Chinese)
- 李国学, 李玉春, 李彦富. 固体废物堆肥化及堆肥添加剂研究进展[J]. 农业环境科学学报, 2003, 22(2): 252-256
- [57] Niu MF, Zhao MM, Guo R, Zhao X. Research of temperature indicators during livestock manure composting with inoculation of microbial agents[J]. Environmental Protection and Recycling Economy, 2010, 30(5): 51-52,62 (in Chinese)
- 牛明芬, 赵明梅, 郭睿, 赵旭. 不同微生物菌剂对畜禽粪便堆肥效果的温度指标研究[J]. 环境保护与循环经济, 2010, 30(5): 51-52,62
- [58] Zhang LL, Jia YY, Zhang XM, Feng XH, Wu JJ, Wang LS, Chen GJ. Wheat straw: an inefficient substrate for rapid natural lignocellulosic composting[J]. Bioresource Technology, 2016, 209: 402-406
- [59] Xie XY, Zhao Y, Sun QH, Wang XQ, Cui HY, Zhang X, Li YJ, Wei ZM. A novel method for contributing to composting start-up at low temperature by inoculating cold-adapted microbial consortium[J]. Bioresource Technology, 2017, 238: 39-47
- [60] Wei YQ, Wu D, Wei D, Zhao Y, Wu JQ, Xie XY, Zhang RJ, Wei ZM. 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
- [61] Sun QH, Wu D, Zhang ZC, Zhao Y, Xie XY, Wu JQ, Lu Q, Wei ZM. Effect of cold-adapted microbial agent inoculation on enzyme activities during composting start-up at low temperature[J]. Bioresource Technology, 2017, 244: 635-640
- [62] Gou CL, Wang YQ, Zhang XQ, Lou YJ, Gao YH. Inoculation with a psychrotrophic-thermophilic complex microbial agent accelerates onset and promotes maturity of dairy manure-rice straw composting under cold climate conditions[J]. Bioresource Technology, 2017, 243: 339-346
- [63] Wan LB, Wang XT, Cong C, Li JB, Xu YP, Li XY, Hou FQ, Wu YY, Wang LL. Effect of inoculating microorganisms in chicken manure composting with maize straw[J]. Bioresource Technology, 2020, 301: 122730
- [64] Lu Q, Zhao Y, Gao XT, Wu JQ, Zhou HX, Tang PF, Wei QB, Wei ZM. Effect of tricarboxylic acid cycle regulator on carbon retention and organic component transformation during food waste composting[J]. Bioresource Technology, 2018, 256: 128-136
- [65] Wang LQ, Zhao Y, Ge JP, Zhu LJ, Wei ZM, Wu JQ, Zhang ZC, Pan CN. Effect of tricarboxylic acid cycle regulators on the formation of humic substance during composting: the performance in labile and refractory materials[J]. Bioresource Technology, 2019, 292: 121949
- [66] Zhao Y, Zhao Y, Zhang ZC, Wei YQ, Wang H, Lu Q, Li YJ, Wei ZM. Effect of thermo-tolerant actinomycetes inoculation on cellulose degradation and the formation of humic substances during composting[J]. Waste Management, 2017, 68: 64-73
- [67] Guo HH, Gu J, Wang XJ, Nasir M, Yu J, Lei LS, Wang J, Zhao WY, Dai XX. Beneficial effects of bacterial agent/bentonite on nitrogen transformation and microbial community dynamics during aerobic composting of pig manure[J]. Bioresource Technology, 2020, 298: 122384
- [68] Tu ZN, Ren XN, Zhao JC, Awasthi SK, Wang Q, Awasthi MK, Zhang ZQ, Li RH. Synergistic effects of biochar/microbial inoculation on the enhancement of pig manure composting[J]. Biochar, 2019, 1(1): 127-137
- [69] Wei YQ, Zhao Y, Fan YY, Lu Q, Li MX, Wei QB, Zhao Y, Cao ZY, Wei ZM. Impact of phosphate-solubilizing bacteria inoculation methods on phosphorus transformation and long-term utilization in composting[J]. Bioresource Technology, 2017, 241: 134-141
- [70] Li JL, Shan CQ, Li XP. Study on K-releasing bacteria's inoculation mode in co-composting of residual sludge and nutrient soil[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015, 31(20): 142-147 (in Chinese)
- 李甲亮, 单长青, 李学平. 污泥-营养土联合堆肥中钾细菌接种模式研究[J]. 中国农学通报, 2015, 31(20): 142-147
- [71] Gu WJ, Sun W, Lu YS, Li X, Xu PZ, Xie KZ, Sun LL, Wu HT. Effect of *Thiobacillus thioparus* 1904 and sulphur addition on odour emission during aerobic composting[J]. Bioresource Technology, 2018, 249: 254-260
- [72] Lu B, Wu XY. Effects of compound microbial agents on high-temperature composting process and harmful gas emissions[J]. The Chinese Journal of Process Engineering, 2018, 18(S1): 122-128 (in Chinese)
- 卢彬, 武肖媛. 复合微生物菌剂对高温堆肥进程及有害气体排放的影响[J]. 过程工程学报, 2018, 18(S1): 122-128
- [73] Hua GL, Ding JT, Meng HB, Shen YJ, Cheng HS, Wang J. Research progress of antibiotics degradation in aerobic composting[J]. Environmental Engineering, 2019, 37(5): 184-190 (in Chinese)
- 华冠林, 丁京涛, 孟海波, 沈玉君, 程红胜, 王健. 好氧堆肥降解抗生素的研究进展[J]. 环境工程, 2019, 37(5): 184-190
- [74] Zhang M, He LY, Liu YS, Zhao JL, Liu WR, Zhang JN, Chen J, He LK, Zhang QQ, Ying GG. Fate of veterinary antibiotics during animal manure composting[J]. Science of the Total Environment, 2019, 650: 1363-1370
- [75] Pan LJ, Li J, Li CX, Tang XD, Yu GW, Wang Y. Study of ciprofloxacin biodegradation by a *Thermus* sp. isolated from pharmaceutical sludge[J]. Journal of Hazardous Materials, 2018, 343: 59-67
- [76] Kong XX, Jiang JL, Qiao B, Liu H, Cheng JS, Yuan YJ. The biodegradation of cefuroxime, cefotaxime and ceftiofime by the synthetic consortium with probiotic *Bacillus clausii* and

- investigation of their potential biodegradation pathways[J]. Science of the Total Environment, 2019, 651: 271-280
- [77] Yin ZF, Xia D, Shen M, Zhu DW, Cai HJ, Wu M, Zhu QR, Kang YJ. Tetracycline degradation by *Klebsiella* sp. strain TR5: proposed degradation pathway and possible genes involved[J]. Chemosphere, 2020, 253: 126729
- [78] Liang JD, Jin YM, Wen X, Mi JD, Wu YB. Adding a complex microbial agent twice to the composting of laying-hen manure promoted doxycycline degradation with a low risk on spreading tetracycline resistance genes[J]. Environmental Pollution, 2020, 265: 114202
- [79] Xiao L, Huang YM, Zhao JF, Zhou LN. Effects of exogenous microbial agents on pig manure compost quality and tetracycline antibiotic degradation[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2016, 35(1): 172-178 (in Chinese)
肖礼, 黄懿梅, 赵俊峰, 周莉娜. 外源菌剂对猪粪堆肥质量及四环素类抗生素降解的影响[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(1): 172-178
- [80] Qian X, Sun W, Gu J, Wang XJ, Sun JJ, Yin YN, Duan ML. Variable effects of oxytetracycline on antibiotic resistance gene abundance and the bacterial community during aerobic composting of cow manure[J]. Journal of Hazardous Materials, 2016, 315: 61-69
- [81] Su JQ, Wei B, Ouyang WY, Huang FY, Zhao Y, Xu HJ, Zhu YG. Antibiotic resistome and its association with bacterial communities during sewage sludge composting[J]. Environmental Science & Technology, 2015, 49(12): 7356-7363
- [82] Wu JP, Chen JW, Liu Y, Zhang H, Li JJ. Effect of co-composting of chicken manure with Chinese medicinal herbal residues on antibiotic resistance genes[J]. Environmental Science, 2019, 40(7): 3276-3284 (in Chinese)
武晋萍, 陈建文, 刘勇, 张红, 李君剑. 鸡粪与中药渣共堆肥对抗生素抗性基因的影响[J]. 环境科学, 2019, 40(7): 3276-3284
- [83] Hu T, Wang XJ, Zhen LS, Gu J, Zhang KY, Wang QZ, Ma JY, Peng HL. Effects of inoculation with lignocellulose-degrading microorganisms on antibiotic resistance genes and the bacterial community during co-composting of swine manure with spent mushroom substrate[J]. Environmental Pollution, 2019, 252: 110-118
- [84] Duan ML, Zhang YH, Zhou BB, Wang QJ, Gu J, Liu GH, Qin ZL, Li ZJ. Changes in antibiotic resistance genes and mobile genetic elements during cattle manure composting after inoculation with *Bacillus subtilis*[J]. Bioresource Technology, 2019, 292: 122011
- [85] Yang KJ, Zhu LJ, Zhao Y, Wei ZM, Chen XM, Yao CH, Meng QQ, Zhao R. A novel method for removing heavy metals from composting system: the combination of functional bacteria and adsorbent materials[J]. Bioresource Technology, 2019, 293: 122095
- [86] Zhao JC, Sun XN, Awasthi MK, Wang Q, Ren XN, Li RH, Chen HY, Wang MJ, Liu T, Zhang ZQ. Performance evaluation of gaseous emissions and Zn speciation during Zn-rich antibiotic manufacturing wastes and pig manure composting[J]. Bioresource Technology, 2018, 267: 688-695
- [87] Hou YQ, Shen YJ, Liu SQ. Present status of heavy metal pollution from livestock waste and progress on passivation measures[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2014, 16(3): 112-118 (in Chinese)
侯月卿, 沈玉君, 刘树庆. 我国畜禽粪便重金属污染现状及其钝化措施研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2014, 16(3): 112-118
- [88] Chen XM, Zhao Y, Zeng CC, Li YJ, Zhu LJ, Wu JQ, Chen J, Wei ZM. Assessment contributions of physicochemical properties and bacterial community to mitigate the bioavailability of heavy metals during composting based on structural equation models[J]. Bioresource Technology, 2019, 289: 121657
- [89] Wang Q, Wang Z, Awasthi MK, Jiang YH, Li RH, Ren XN, Zhao JC, Shen F, Wang MJ, Zhang ZQ. Evaluation of medical stone amendment for the reduction of nitrogen loss and bioavailability of heavy metals during pig manure composting[J]. Bioresource Technology, 2016, 220: 297-304
- [90] Li R, Zhao LX, Meng HB, Zhou HB, Wang J, Shen YJ. Research progress of heavy metal immobilization and its mechanism during composting[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2018, 20(1): 121-129 (in Chinese)
李冉, 赵立欣, 孟海波, 周海宾, 王健, 沈玉君. 有机废弃物堆肥过程重金属钝化研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2018, 20(1): 121-129
- [91] Zhang CS, Xu Y, Zhao MH, Rong HW, Zhang KF. Influence of inoculating white-rot fungi on organic matter transformations and mobility of heavy metals in sewage sludge based composting[J]. Journal of Hazardous Materials, 2018, 344: 163-168
- [92] Li R, Meng HB, Zhao LX, Zhou HB, Zhang X, Shen YJ. Immobilization effect of Pb and Cd during composting of pig manure by combination of biochar and microbial agent[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2018, 34(23): 164-169 (in Chinese)
李冉, 孟海波, 赵立欣, 周海宾, 张曦, 沈玉君. 微生物和生物炭联用对猪粪堆肥后重金属 Pb 和 Cd 的钝化效果[J]. 农业工程学报, 2018, 34(23): 164-169
- [93] Wei YQ, Zhao Y, Zhao XY, Gao XT, Zheng YS, Zuo HD, Wei ZM. Roles of different humin and heavy-metal resistant bacteria from composting on heavy metal removal[J]. Bioresource Technology, 2020, 296: 122375
- [94] Wang Q, Awasthi MK, Ren XN, Zhao JC, Li RH, Shen F, Zhang ZQ. Effect of calcium bentonite on Zn and Cu

- mobility and their accumulation in vegetable growth in soil amended with compost during consecutive planting[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2017, 24(18): 15645-15654
- [95] Tahir M, Khalid U, Ijaz M, Shah GM, Naeem MA, Shahid M, Mahmood K, Ahmad N, Kareem F. Combined application of bio-organic phosphate and phosphorus solubilizing bacteria (*Bacillus* strain MWT 14) improve the performance of bread wheat with low fertilizer input under an arid climate[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2018, 49(S1): 15-24
- [96] Chen YK, Jiang Z, Wu D, Wang HL, Li JJ, Bi MC, Zhang Y. Development of a novel bio-organic fertilizer for the removal of atrazine in soil[J]. Journal of Environmental Management, 2019, 233: 553-560
- [97] Cucu MA, Gilardi G, Pugliese M, Ferrocino I, Gullino ML. Effects of biocontrol agents and compost against the *Phytophthora capsici* of zucchini and their impact on the rhizosphere microbiota[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 154: 103659
- [98] Zhang N, Pan RH, Shen YF, Yuan J, Wang L, Luo X, Raza W, Ling N, Huang QW, Shen QR. Development of a novel bio-organic fertilizer for plant growth promotion and suppression of rhizome rot in ginger[J]. Biological Control, 2017, 114: 97-105
- [99] Wu Y, Zhao CY, Farmer J, Sun JD. Effects of bio-organic fertilizer on pepper growth and *Fusarium* wilt biocontrol[J]. Scientia Horticulturae, 2015, 193: 114-120
- [100] Abtahi H, Parhamfar M, Saeedi R, Villaseñor J, Sartaj M, Kumar V, Coulon F, Parhamfar M, Didehdar M, Hamed S, et al. Effect of competition between petroleum-degrading bacteria and indigenous compost microorganisms on the efficiency of petroleum sludge bioremediation: field application of mineral-based culture in the composting process[J]. Journal of Environmental Management, 2020, 258: 110013
- [101] Awasthi MK, Selvam A, Chan MT, Wong JWC. Bio-degradation of oily food waste employing thermophilic bacterial strains[J]. Bioresource Technology, 2018, 248: 141-147
- [102] Sánchez ÓJ, Ospina DA, Montoya S. Compost supplementation with nutrients and microorganisms in composting process[J]. Waste Management, 2017, 69: 136-153