

啤酒厂污泥与鸡粪接种菌剂堆肥除臭效果及其作用机制

潘 飞, 蔡映杰, 俞 武, 宋博博, 曾庆福*

(武汉纺织大学纺织印染清洁生产教育部工程研究中心, 武汉 430073)

摘要:通过探讨功能性菌剂对堆肥化进程的影响,为减少啤酒厂污泥与鸡粪堆肥臭气产生提供理论依据,将自制具有去除臭味能力的微生物菌剂 DF-1 接种至啤酒厂污泥与鸡粪的堆体中, 测定堆肥化过程中各参数的变化和微生物群落及菌剂 DF-1 中优势微生物变化情况,以不接种堆体为参照。结果显示,菌剂 DF-1 中优势菌种为乳酸乳球菌、热带假丝酵母及绿色木霉。相对于不接种菌剂的堆体而言,接种菌剂 DF-1 的啤酒厂污泥与鸡粪堆体在升温期和高温期仅感觉到微弱的臭味,降温期勉强感觉到臭味,堆肥达到稳定状态后则感觉不到臭味。堆肥的升温期,菌剂中优势菌种乳酸乳球菌,热带假丝酵母和绿色木霉均可检测到;堆肥的高温期,菌剂中优势菌种仅检测到乳酸乳球菌;堆肥的降温期和腐熟期,菌剂中优势菌种仅检测到绿色木霉;菌剂 DF-1 中优势微生物在堆肥过程中存在一个交替演变的过程。

关键词:堆肥;啤酒厂污泥;鸡粪;除臭;微生物群落

中图分类号:S141.4 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2011)06-1236-06

The Effect of Deodorization of Brewery Sludge and Chicken Manure Composting by Inoculating Flora and Its Mechanism

PAN Fei, CAI Ying-jie, YU Wu, SONG Bo-bo, ZENG Qing-fu*

(Engineering Research Center for Clean Production of Textile Dyeing and Printing, Ministry of Education, Wuhan Textile University, Wuhan 430073, China)

Abstract: The self-made Flora DF-1 with the ability of removing odor was inoculated into the pile of brewery sludge and chicken manure to inspect its influence during the process of composting. Under the different composting time conditions, the microbial community structure, the releases of NH₃ and H₂S concentration, pH value and the dominant microbial of flora DF-1 were investigated. The deodorization effect was examined using the method of odor by sense. The results showed that *Lactococcus Lactis*, *Candida tropicalis* and *Trichoderma viride* were the dominant bacteria of flora DF-1. In the composting process of the pile of brewery sludge and chicken manure with the Flora DF-1, the odor was small in the temperature-rising period and high temperature period, and mild in the cooling period, but disappeared in the maturity period. It stated that the Flora DF-1 had an effective ability for deodorization in the pile composting. Three dominant bacteria of flora DF-1 were detected in the temperature-rising period of composting. Only *Lactococcus Lactis* was detected in high temperature period of composting. Only *Trichoderma viride* was detected in cooling period and maturity period of composting. It indicated that there was an alternating evolutionary process of the dominant bacteria of flora DF-1 during the composting process.

Keywords: composting; brewery sludge; chicken manure; deodorization; microbial community

好氧堆肥是我国处理畜禽粪便的重要途径和方

收稿日期:2010-11-17

基金项目:“十一五”国家科技支撑计划项目(2010BAD02B04);湖北省教育厅重点课题(Z20081701);湖北省科技攻关课题(2007AA301B62);武汉纺织大学校基金(2008Z22);湖北省教育厅指导性项目(B类)(B20111608)

作者简介:潘 飞(1980—),男,湖北武汉人,博士,讲师,主要从事环境微生物与固体废弃物资源化利用研究。

E-mail:pf_sky@163.com

* 通讯作者:曾庆福 E-mail:qfzeng@wtu.edu.cn

式,但是堆肥过程中往往释放包括 NH₃、硫化物、胺类等成分的臭气以及 N₂O 等温室气体,这些含氮气体的大量产生不仅带来了环境污染而且导致堆肥产品品质下降^[1]。为了加快好氧堆肥进程和减少该过程臭气的产生,印度学者采用不灭菌堆肥直接吸附哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*)方法^[2],但更多研究是在堆肥中添加促进腐熟的微生物菌剂^[3-4]。顾文杰等^[5]研究发现,添加外源性菌剂可以缩短堆肥进程,减少该过程

散发的臭气。

本研究以本课题组构建的具有去除臭味能力的稳定菌剂 DF-1 为接种菌剂,应用于啤酒厂污泥与鸡粪的堆肥化过程中,测定堆肥化过程中各参数的变化;研究此过程中的微生物群落和菌剂 DF-1 中优势微生物在堆肥化过程中的变化动态,为堆肥化过程中接种微生物除臭剂提供理论和技术依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

菌剂:自制微生物菌剂 DF-1,主要菌种包括纤维素降解菌、半纤维素降解菌、木质素降解菌、霉菌、固氮菌等,接种前菌落数: $1\times10^9\text{ cfu}\cdot\text{mL}^{-1}$ 。

污泥:取自华润雪花啤酒(武汉)有限公司污水厂污泥。鸡粪为市售。主要参数指标见表 1。

表 1 啤酒厂剩余污泥和鸡粪主要化学性质

Table 1 Selected chemical properties of brewery sludge and chicken manure

指标	有机碳/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全氮/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	含水率/ %	pH 值(样品与 水质量比 1:10)
啤酒厂剩余污泥	384.5 ± 11.5	10.4 ± 0.31	79.2 ± 2.4	7.24 ± 0.21
鸡粪	360.6 ± 12.6	12.6 ± 0.56	12.2 ± 0.54	7.53 ± 0.33

1.2 试验方法

采集不同生境中菌液,混合,经过半年时间驯化,获得具有去除臭味能力的稳定菌剂 DF-1。菌剂 DF-1 的培养温度为 $40\text{ }^\circ\text{C}$,pH 值为 4.5 ± 0.1 ,静止培养。通过涂布和划线分离,确定菌剂中优势菌种;细菌、酵母和霉菌首先分别采用经典细菌鉴别方法、VITEK-32 鉴定及形态观察来初步鉴定,然后采用 16S rDNA 和 18S rDNA 序列分析对结果进行确认。

将 25 kg 啤酒厂剩余污泥与 25 kg 鸡粪及 46 g 尿素进行混合,调节 C/N 质量比为 30:1,含水率(质量比)为 60%,接种 0.5%(干重)的菌剂 DF-1,混匀后装入规格为 $90\text{ cm}\times52\text{ cm}$ 的聚丙烯树脂材质塑料编织袋(此材质塑料编织袋具有大量孔隙,是确保堆肥过程中堆体透气的措施之一;该堆肥工艺已申请国家发明专利),封口,共计 4 袋。另取 4 袋不接种菌剂 DF-1 作为对照。将两个堆体分别置于两台鼓风干燥箱中,早晚各定时鼓风 0.5 h。每日用温度计检测塑料编织袋封口以下 25 cm 处温度并定时取样 1 次(采用四分法取样),样品风干粉碎后,过 1 mm 筛贮存备用。每 4 d 采用 2 L 橡胶集气袋收集堆肥尾气,测定 NH_3 和

H_2S 的浓度。取两个堆体在堆肥第 1 d、堆肥升温期、堆肥高温期、堆肥降温期、堆肥腐熟期的样品(四分法取样),分别采用肉汤培养基平板、马丁-孟加拉红培养基平板、改良高氏 1 号培养基平板对两个堆体的堆肥样品进行微生物计数分析,同时采用平板划线分离来确定菌剂 DF-1 优势菌种在堆肥过程的演化情况。

1.3 测试指标及方法

(1)检测恶臭主要化学成分 NH_3 和测定 H_2S 的浓度。 NH_3 浓度采用纳氏试剂比色法; H_2S 浓度采用亚甲基蓝分光光度法^[6]。

(2)感官法测定恶臭等级,采用 6 级法划分气体臭度^[7]。0 级:无臭味,用“—”表示;1 级:勉强感觉到臭味,用“+”表示;2 级:微弱的臭味,用“++”表示;3 级:明显的臭味,用“+++”表示;4 级:很强的臭味,用“++++”表示;5 级:难以忍耐的臭味,用“+++++”表示。

(3)细菌 16S rDNA 扩增:采用细菌扩增通用引物 27f($5'\text{-AGA, CTT, TGA, TCC, TGG, CTC, AG-3'}$)和 1495r($5'\text{-CTA, CGG, CTA, CCT, TGT, TAC, GA-3'}$)^[8]。50 μL 的 PCR 反应体系为:1 μL 已纯化 DNA,5 μL 10 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTP 混合溶液,10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 正反引物各 1 μL ,10 \times PCR 反应缓冲液(已加 MgCl_2)5 μL ,Taq DNA 聚合酶 0.5 μL ,加无菌 Milli-Q 水补足 50 μL 。扩增条件:94 $^\circ\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^\circ\text{C}$ 变性 30 s,50 $^\circ\text{C}$ 退火 30 s,72 $^\circ\text{C}$ 延伸 1 min,30 个循环;72 $^\circ\text{C}$ 延伸 10 min,停止于 4 $^\circ\text{C}$ 。

(4)酵母 18S rDNA 扩增:采用酵母菌通用引物 NL1($5'\text{-GCA, TAT, CAA, TAA, GCG, GAG, GAA, AAG-3'}$)和 NL4($5'\text{-GGT, CCG, TGT, TTC, AAG, ACG, G-3'}$)^[9]。25 μL 的 PCR 反应体系为:2 μL 已纯化 DNA,2 μL 10 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTP 混合溶液,10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 正反引物各 1 μL ,10 \times PCR 反应缓冲液(已加 MgCl_2)2.5 μL ,Taq DNA 聚合酶 0.2 μL ,加无菌 Milli-Q 水补足 25 μL 。扩增条件:94 $^\circ\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^\circ\text{C}$ 变性 40 s,55 $^\circ\text{C}$ 退火 40 s,72 $^\circ\text{C}$ 延伸 40 s,35 个循环;72 $^\circ\text{C}$ 延伸 10 min,18 $^\circ\text{C}$ 保温 1 h。

(5)霉菌 18S rDNA 扩增:采用霉菌通用引物 ITS5 ($5'\text{-GGA, ACT, AAA, AGT, CGT, AAC, AAG, G-3'}$)和 ITS4 ($5'\text{-TCC, TCC, GCT, TAT, TGA, TAT, TCG, C-3'}$)^[10]。50 μL 的 PCR 反应体系为:2 μL 已纯化 DNA,4 μL 10 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTP 混合溶液,10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 正反引物各 2 μL ,10 \times PCR 反应缓冲液(已加 MgCl_2)5 μL ,Taq DNA 聚合酶 1 μL ,加无菌 Milli-Q 水补足 50 μL 。扩增条件:94 $^\circ\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^\circ\text{C}$ 变性 45 s,50 $^\circ\text{C}$

退火 45 s, 72 ℃延伸 1 min, 35 个循环; 72 ℃延伸 10 min, 停止于 4 ℃。

(6)pH 值: 样品与去离子水按照 1:10 质量体积比充分混合后, 用 pH 计测定溶液 pH 值^[11]。

2 结果与分析

2.1 菌剂 DF-1 优势菌种的筛选

菌剂 DF-1 通过涂布后的结果显示, 肉汤培养基平板、马丁-孟加拉红培养基平板、马铃薯培养基平板, 乳酸菌培养基平板中菌落很多, 改良高氏 1 号培养基平板则菌落很少, 说明菌剂中细菌、真菌的数量较大, 属于优势菌种; 而放线菌则数量较小, 不是优势菌种。不同平板划线分离结果显示, 最终分离得到的微生物菌株有 28 株, 其中细菌 4 株, 酵母 11 株, 霉菌 13 株。在同为优势菌种的真菌和细菌之间, 真菌数量要多于细菌。王立群等^[12]研究表明, 鸡粪好氧堆肥发酵过程中存在高效除臭微生物, 除臭效果的微生物种类排序是真菌>细菌>放线菌, 本研究结果与其一致。

2.2 菌剂 DF-1 优势菌种的鉴定

4 株细菌采用经典细菌鉴别方法鉴定均为乳酸乳球菌; 11 株酵母采用 VITEK-32 鉴定均为热带假丝酵母; 根据制片后镜检结果, 查阅《真菌鉴定手册》, 确定 13 株霉菌均为绿色木霉。然后采用分子生物学方法进行结果确定, 通过 GenBank 数据库的 BLAST 软件对所测得序列进行同源性比对, 其结果显示: 该细菌与乳酸乳球菌(*Lactococcus lactis*)同源性为 99%。该酵母与热带假丝酵母(*Candida tropicalis*)同源性为 99%。该霉菌与绿色木霉(*Trichoderma viride*)同源性为 99%。3 种

优势微生物的基因组 DNA 电泳图见图 1。

2.3 菌剂 DF-1 接种堆体后除臭效果

由图 2 可知, 不接种菌剂堆体至堆肥第 11 d 仍有明显的臭味, 至堆肥第 28 d 表现微弱的臭味; 而接种菌剂堆体在堆肥第 7 d 后就呈现微弱的臭味, 堆肥第 10 d 只勉强感觉到臭味。图 3 表明, 不接种菌剂堆体在整个堆肥过程中都含有 NH₃ 和 H₂S, NH₃ 含量呈现先上升后下降的变化趋势, H₂S 含量则呈现持续下降的变化情形; 图 3 显示接种菌剂堆体的尾气中 NH₃ 和 H₂S 含量也分别为先上升后下降和持续下降的变化, 但仅在堆肥的前 10 d 含有 NH₃ 和 H₂S。

整个堆肥过程中感觉到的臭味主要是 NH₃, H₂S 含量则相对较少。其原因是由于两个堆体的 pH 值均较高, 脱氨作用占主导, 氮类物质被微生物分解为 NH₄⁺-N, 其快速积累使 pH 值进一步提高(图 4)。NH₄⁺-N 一部分被微生物进一步转化为 NO₃⁻-N 和生物量态氮, 另一部分则在堆体达到 50 ℃以上、pH>7 的环境中, 与其他大多数挥发性有机物一起以气态挥发。由于高 pH 值会抑制脱羧作用, 并使脱羧作用所产生的 H₂S 溶解, 两个堆体在堆肥过程中臭气的主要形式是 NH₃, 而微生物在氮类物质降解、NH₄⁺-N 利用方面起着至关重要的作用。由此推断, 自制菌剂 DF-1 除臭的机理可能就是调控了堆肥过程中的碳氮代谢, 减少了氮类物质向氨氮气体的分解, 促使氮类物质向蛋白氮和硝酸氮转化, 保留了更多的氮养分, 故而减少了臭气的产生。此结论与浦一涛等^[13-14]的研究结果一致。

相对于不接种菌剂的堆体而言, 接种菌剂 DF-1 的堆体在升温期和高温期仅感觉到微弱的臭味, 降温

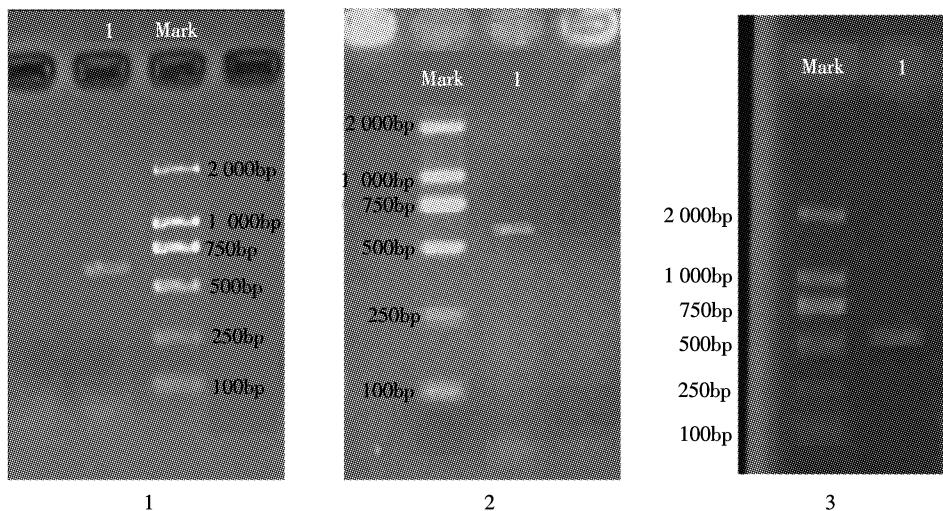


图 1 3 种优势微生物的 PCR 扩增电泳图(1.细菌;2.酵母;3.霉菌)

Figure 1 The genomic DNA electrophoresis of three dominant microbial(1 was bacterial; 2 was yeast; 3 was mold)

期则勉强感觉到臭味,堆肥达到稳定状态后感觉不到臭味。说明菌剂DF-1接种堆体后除臭效果良好。

2.4 两个堆体中细菌和菌剂DF-1中优势细菌随堆肥化演变情况

从图5可知,在堆肥的升温期(第1~3 d),两个堆体中的细菌均大量繁殖,但是接种菌剂的堆体细菌数量增幅更大,这也说明此堆体微生物活动更加活跃;作为菌剂DF-1中优势菌种,接种菌剂的堆体中乳酸

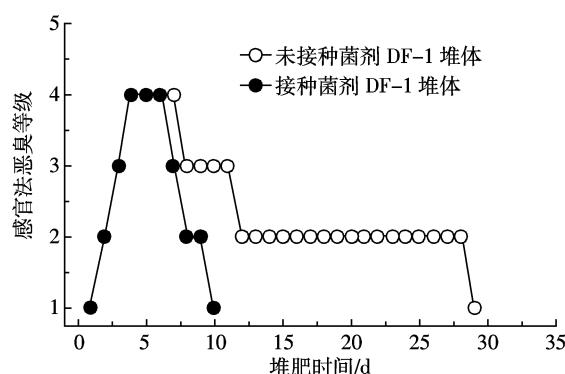


图2 两个堆体尾气臭味感官法结果

Figure 2 The odor by sense versus time of two composting

乳球菌数量较之初始时刻有明显增加;在堆肥高温期,中温细菌受到抑制,此时堆肥中嗜热细菌是优势菌剂,但是细菌总数量开始减少,乳酸乳球菌数量也明显减少;堆肥开始降温后,两个堆体中细菌数量进一步下降,此阶段在接种菌剂的堆体中未检测到乳酸乳球菌。堆肥腐熟期,细菌数量进一步减少,但还是维持在 10^5 数量级,此阶段仍未检测到乳酸乳球菌。两个堆体堆肥化过程中细菌总数的变化情况与庞金华等^[15]的研究结果一致。

2.5 两个堆体中真菌和菌剂DF-1中优势真菌随堆肥化演变情况

从图6可知,堆肥初始时刻,两个堆体中真菌总数量明显少于细菌总数,数量上相差4个数量级;堆肥升温期,中温真菌大量繁殖,使得真菌总数增长迅速(图7);作为菌剂DF-1中的优势菌种,接种菌剂的堆体中热带假丝酵母和绿色木霉的数量较之初始时刻有明显增加(图8、图9);进入高温期,真菌数量迅速下降,原因是真菌一般在40~50℃活跃,温度大于60℃时几乎完全消失^[16],此时在接种菌剂的堆体中未检测到热带假丝酵母和绿色木霉;堆体降温期,

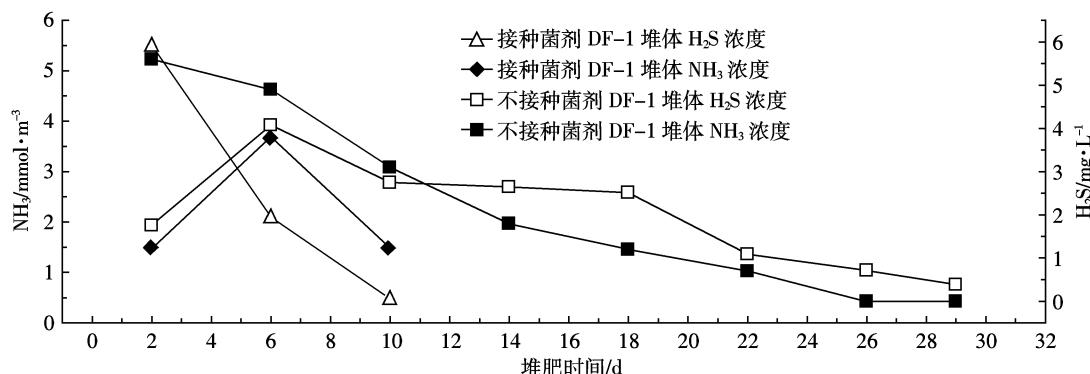


图3 两个堆体尾气中NH₃和H₂S随时间变化情况

Figure 3 The release of NH₃ and H₂S versus time of two composting

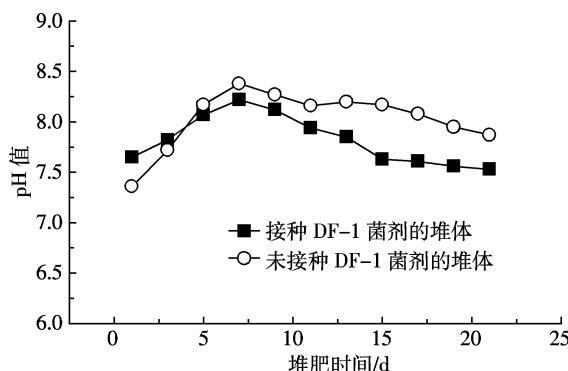


图4 两个堆体pH值随时间变化情况

Figure 4 Change of pH versus time of two composting

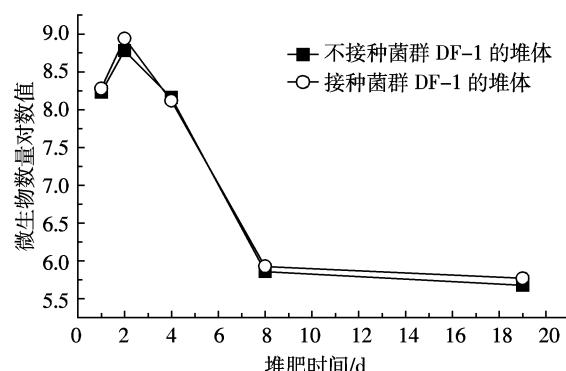


图5 两个堆体堆肥过程中细菌数量变化

Figure 5 Change of the bacteria versus time of two composting

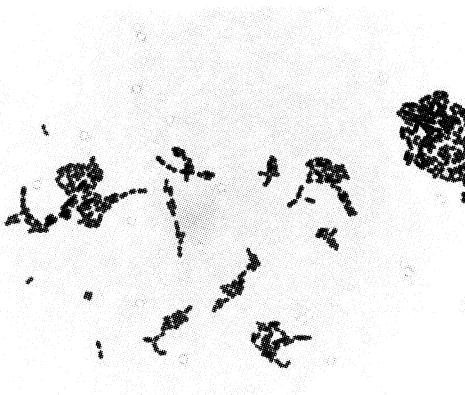


图 6 乳酸乳球菌革兰氏染色镜检结果(放大倍数 16×100)

Figure 6 The results of gram staining of *Lactococcus Lactis*
(Magnification was 16×100)

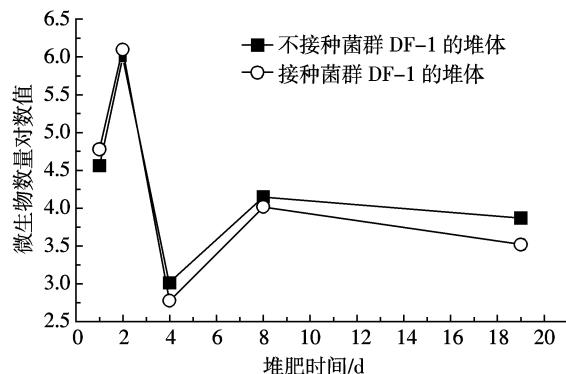


图 7 两个堆体堆肥过程中真菌数量变化

Figure 7 Change of the number of fungi versus time of
two composting

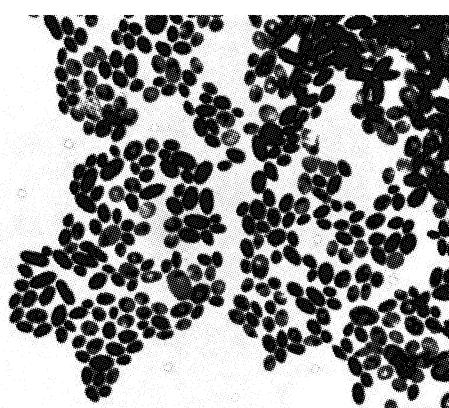


图 8 热带假丝酵母染色镜检结果(放大倍数为 16×100)

Figure 8 The results of *Candida tropicalis* staining
(Magnification was 16×100)

当温度低于 45 ℃时,两个堆体的真菌数量均又回升,接种菌剂的堆体中检测到绿色木霉,未检测到热带假丝酵母;此时堆体底物以纤维素和木质素为主,因此推测真菌数量的增加可能是由于堆肥中存在纤维

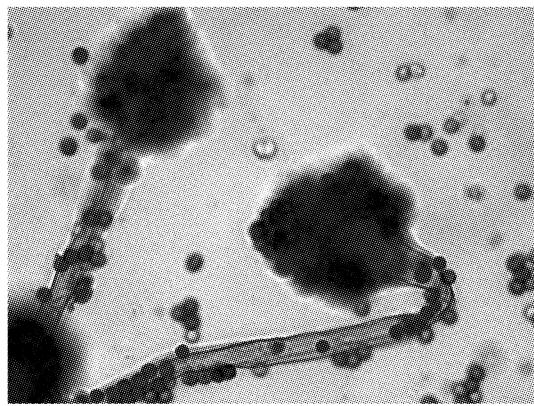


图 9 绿色木霉染色镜检结果(放大倍数为 16×100)

Figure 9 the results of *Trichoderma viride* staining
(Magnification was 16×100)

素和木质素的原因^[17]。堆肥腐熟期,真菌数量又开始下降,但是下降幅度不大,数量级还是分别维持在两个堆体降温期的水平;此时不接种菌剂堆体的真菌数量低于开始的起始值,但是仍维持在同一数量级,而接种菌剂堆体的真菌数量则明显低于开始的起始值,数量上低了 1 个数量级。此时接种菌剂的堆体中检测到绿色木霉,未检测到热带假丝酵母。两个堆体堆肥化过程中真菌总数的变化情况与顾文杰等^[5]的结果一致。

3 结论

(1) 菌剂 DF-1 中优势菌种为乳酸乳球菌、热带假丝酵母及绿色木霉。

(2) 相对于不接种菌剂的堆体而言,接种菌剂 DF-1 的啤酒厂污泥与鸡粪堆体在升温期和高温期仅感觉到微弱的臭味,降温期只勉强感觉到臭味,堆肥达到稳定状态后则感觉不到臭味。说明菌剂 DF-1 接种堆体后除臭效果良好。

(3) 堆肥的升温期,菌剂 DF-1 中的优势微生物乳酸乳球菌,热带假丝酵母和绿色木霉均可检测到;堆肥的高温期,DF-1 中的优势微生物仅检测到乳酸乳球菌;堆肥的降温期和腐熟期,DF-1 中的优势微生物仅检测到绿色木霉;说明菌剂 DF-1 中优势微生物在堆肥过程中存在一个交替演变的过程。

参考文献:

- [1] 秦 莉, 沈玉君, 李国学, 等. 不同 C/N 比对堆肥腐熟度和含氮气体排放变化的影响[J]. 农业环境科学学报, 2009, 28(12):2668–2673.
- QIN Li, SHEN Yu-jun, LI Guo-xue, et al. The impact of composting with different C/N on maturity variation and emission of gas concluding N[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2009, 28(12):2668–2673.

- [2] Sharma P K, Sahu K K. Farm production of T-64 using different organic materials from hilly zones of Chhattisgarh[J]. *Advances in Plant Sciences*, 2008, 21(1):39-41.
- [3] 徐同宝, 李昌木, 甄长丰, 等. 不同微生物对猪粪堆肥过程及其养分状况的影响[J]. 农业工程学报, 2008, 24(11):217-221.
XU Tong-bao, LI Lv-mu, ZHEN Chang-feng, et al. Effects of different microorganism consortiums on composting process of pig manures and their nutrient status[J]. *Transactions of the CASE*, 2008, 24(11):217-221.
- [4] 张志红, 李华兴, 冯宏, 等. 堆肥作为微生物菌剂载体的研究[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(7):1382-1387.
ZHANG Zhi-hong, LI Hua-xing, FENG Hong, et al. Composting as a carrier for microbial inoculants[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2010, 29(7):1382-1387.
- [5] 顾文杰, 张发宝, 徐培智, 等. 接种菌剂对堆肥微生物数量和酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2009, 28(8):1718-1722.
GU Wen-jie, ZHANG Fa-bao, XU Pei-zhi, et al. Inoculum additions during composting: impacts on microbial populations and enzyme activity[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2009, 28(8):1718-1722.
- [6] 陆小妹. 两种硫化氢测定方法的比较[J]. 石油化工安全环保技术, 2007, 23(3):52-54.
LU Xiao-mei. Comparison of two methods of determination H₂S [J]. *Petrochemical Safety and Environmental Protection Technology*, 2007, 23(3):52-54.
- [7] 石磊, 边炳鑫, 赵由才. 城市生活垃圾卫生填埋场恶臭的防治技术进展[J]. 环境污染治理技术和设备, 2005, 6(2):6-9.
SHI Lei, BIAN Bing-xin, ZHAO You-cai. Research advances of municipal solid waste landfill odor prevention and treatment [J]. *Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control*, 2005, 6(2):6-9.
- [8] Heuer H, Krsek M, Baker P, et al. Analysis of actinomycete communities by specific amplification of genes encoding 16S rDNA and Gel-Electrophoretic separation in denaturing gradient[J]. *Appl Environ Microbiol*, 1997, 63(8):3233-3241.
- [9] Kurtzman C P, Robnett C J. Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences[J]. *Antomie Leeuwenhoek*, 1998, 73:331-371.
- [10] 章初龙, 徐同. 木霉属 Trichoderma 组和 Pachybasium 组的分子系统学研究[J]. 菌物系统, 2002, 21(4):538-546.
ZHANG Chu-long, XU Tong. Molecular phylogenetic analysis of section trichoderma and pachybasium in the genus trichoderma[J]. *Mycosistema*, 2002, 21(4):538-546.
- [11] 潘飞, 曾庆福, 陈悟, 等. 啤酒厂污泥与棉籽饼袋式堆肥及效果[J]. 农业工程学报, 2010, 26(1):309-312.
PAN Fei, ZENG Qing-fu, CHEN Wu, et al. Rapid and high-efficient composting process by bag-type of brewery sludge and cottonseed cake[J]. *Transactions of the CSAE*, 2010, 26(1):309-312.
- [12] 王立群, 顾文杰, 王广旭, 等. 鸡粪好氧堆肥发酵高效除臭菌的筛选[J]. 东北农业大学学报, 2009, 40(2):57-59.
WANG Li-qun, GU Wen-jie, WANG Guan-xu, et al. Screening of deodorizing microorganism in aerobic composting of chicken manure [J]. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2009, 40(2):57-59.
- [13] 浦一涛, 钟毅沪, 周万龙, 等. 氮菌和纤维分解菌的混合培养及其对生活垃圾降解的影响[J]. 环境科学与技术, 1999(1):15-17.
PU Yi-tao, ZHONG Yi-hu, ZHOU Wan-long. The mixed culturing of nitrogen-fixation bacteria and cellulose decomposing organism and the effects on the decomposing of the household garbage[J]. *Environmental Science and Technology*, 1999(1):15-17.
- [14] 庞金华, 程平宏, 余廷园. 两种微生物制剂对猪粪堆肥的效果[J]. 农业环境保护, 1998, 17(2):71-73.
PANG Jin-hua, CHEN Ping-hong, YU Ting-yuan. Effects of two microbiological formulations on the compost of pig excrement[J]. *Agro-Environmental Protection*, 1998, 17(2):71-73.
- [15] 许修宏, 刘颜平, 王博. 堆肥隧道式后发酵技术及效果[J]. 农业工程学报, 2009, 25(11):297-300.
XU Xiu-hong, LIU YAN-ping, WANG Bo. Technology and effect of Phase II composting in compost tunnel[J]. *Transactions of the CSAE*, 2009, 25(11):297-300.
- [16] Khalil A I, Beheary M S, Salem E M. Monitoring of microbial population and their cellulolytic activities during the composting of municipal solid waste[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2001, 17:155-161.
- [17] Tiquia S M, Wan H C, Tam N F Y. Microbial population dynamics and enzyme activities during composting[J]. *Compost Science and Utilization*, 2002, 10(2):150-161.