

堆肥过程中的微生物种群结构

邱并生

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

堆肥化是有机固体废物无害化、减量化、资源化的根本途径。有机固体废弃物的堆肥化研究一直是环境科学领域研究的热点之一。产品中含有有机质、P、K 等多种植物所需的养分,可以提高农林等产品的产量,改善土壤结构,提高土壤肥力。微生物是堆肥过程的工作主体,早期对堆肥中微生物的研究主要采用分离培养的方法,局限性是自然界中 90%以上微生物不能被分离培养,不能很好地反映自然环境中微生物多样性的原始状态^[1]。基于 rDNA 基因序列分析的分子生物学方法为研究堆肥中微生物群落的多样性和动态变化提供了先进的技术手段,已有研究者将分子生态学技术引入堆肥微生物生态研究^[2-3]。本刊 2009 年第 11 期介绍了李凤和曾光明等发表的文章“农业有机废物与城市生活垃圾堆肥高温期微生物种群结构比较”^[4],作者对农业有机废物和城市生活垃圾进行堆肥化处理,通过克隆文库(Clone library)方法对堆肥高温期细菌和真菌种群多样性和群落结构做了进一步深入研究,以为堆肥工艺革新提供更多理论指导。

该实验室研究人员目前已对堆肥过程中木质纤维素降解相关微生物种群结构及变化规律进行了多方面的研究:采用木质纤维素含量丰富的有机固体废物进行堆肥,对其中木质素降解相关微生物种群结构变化规律进行了研究^[5-6];采用 PCR-DGGE 技术对持续高温堆肥中细菌种群结构变化规律进行了研究^[7];目前正对堆肥中木质纤维素降解相关酶编码基因的多样性进行研究,对其中的漆酶编码基因多样性进行了研究,得出堆肥过程中漆酶编码基因多样性的变化规律。

关键词: 堆肥, 克隆文库, 微生物种群

参 考 文 献

- [1] Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation[J]. *Microbiol Rev*, 1995, 59(1): 143-169.
- [2] Patrick DS, Anthony GH, David BW, et al. Quantifying bacterial population dynamics in compost using 16S rRNA gene probes[J]. *Appl Microbiol Biotech*, 2005, 66(4): 457-463.
- [3] Peters S, Koschinsky S, Schwieger F, et al. Succession of microbial communities during hot composting as detected by PCR-single-strand-conformation polymorphism-based genetic profiles of small-subunit rRNA genes[J]. *Appl Environ Microbiol*, 2000, 66(3): 930-936.
- [4] 李凤, 曾光明, 范长征, 等. 农业有机废物与城市生活垃圾堆肥高温期微生物种群结构比较[J]. *微生物学通报*, 2009, 36(11): 1657-1663.
- [5] 黄翠, 杨朝晖, 肖勇, 等. 堆肥嗜热纤维素分解菌的筛选鉴定及其强化堆肥研究[J]. *环境科学学报*, 2010, 30(12): 2457-2463.
- [6] 蒋荣清, 袁兴中, 曾光明, 等. 一组高效木质素降解复合菌的筛选[J]. *应用与环境生物学报*, 2010, 16(2): 247-251.
- [7] 张嘉超, 曾光明, 喻曼, 等. 农业废物好氧堆肥过程因子对细菌群落结构的影响[J]. *环境科学学报*, 2010, 30(5): 1002-1010.

Microbial communities during composting

QIU Bing-Sheng

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

Keywords: Composting, Clone library, Microbial communities