紫苏叶中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥发酵特性及细菌群落分析

张 斌1,袁志辉1,周德英2,邓征宇2,蒋笃忠2,王锡春2*

(1. 湖南科技学院化学与生物工程学院, 永州 425199; 2. 湖南省烟草公司 永州市公司, 永州 425000)

摘 要:为探究紫苏叶中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥的发酵特性及细菌群落变化,该研究将二者混合建堆,进行 80 d 自 然发酵。期间测量堆肥过程的相关参数与理化性质,并借助 16S rRNA 测序分析细菌群落变化。研究结果如下:1)发酵过程可划分为升温、高温、降温、腐熟四个阶段。各阶段中,温度、湿度、pH 值、电导率呈规律性变化,物料物理性质、养分及发芽指数也相应改变。2)细菌群落结构演变,多样性显著增加。升温期,厚壁菌门占主导;高温期,变形菌门占比显著上升;降温期,厚壁菌门与热袍菌门占优势;腐熟期,放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门成为主要优势菌群。3)不同优势菌属与水含量、电导率和 pH 值存在特定相关性。这表明混合堆肥过程中,相关参数和理化性质呈阶段性特征,细菌群落丰度增加且分布更均匀,优势菌群与堆肥环境存在紧密相互作用关系。基于此,可在不同阶段为优势菌群创造适宜条件,以提升堆肥质量,对堆肥实践具有指导意义。

关键词:紫苏叶;中药渣;杏鲍菇;菌渣;堆肥;发酵

doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.202412014

中图分类号: S216.2 文献标志码: A 文章编号: 1002-6819(2025)-10-0314-08

张斌,袁志辉,周德英,等.紫苏叶中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥发酵特性及细菌群落分析[J].农业工程学报,2025,41(10):314-321.doi:10.11975/j.issn.1002-6819.202412014 http://www.tcsae.org

ZHANG Bin, YUAN Zhihui, ZHOU Deying, et al. Analysis of fermentation characteristics and bacterial community in mixed composting of *Perilla frutescens* leaf herbal residues and *Pleurotus eryngii* mushroom substrates[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2025, 41(10): 314-321. (in Chinese with English abstract) doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.202412014 http://www.tcsae.org

0 引 言

在当前的农业发展进程中,农业生产废弃物循环利 用的重要意义正日益凸显^[1]。中药渣是一种富含纤维素、 半纤维素、木质素等成分的物质,其年产量逾3500万t, 但尚未得到充分开发与利用^[2]。食用菌菌渣产量巨大, 且富含蛋白质、多糖等营养物质,但资源化利用程度较 低^[3]。若这些中药渣和食用菌菌渣不加充分利用,会造 成巨大的资源浪费问题,如果不妥善处理,还会污染周 边环境^[2-3]。

近年来,农业废弃物处理及资源循环利用问题受到 了广泛关注,已成为研究热点领域之一。在此期间,新 型处理技术和方法不断涌现^[4]。其中,堆肥技术作为一 种行之有效的资源循环利用方式,在众多技术方法中脱 颖而出,受到了学界和业界的高度重视^[5-6]。这一技术为 解决农业废弃物问题、实现资源可持续利用提供了极具 价值的途径。众多学者针对葡萄枝条、猪粪、污泥等多 种类型的农业废弃物开展了堆肥相关研究。通过添加混

收稿日期: 2024-12-02 修订日期: 2025-04-18

合微生物、硝化抑制剂以及稻壳炭等物质,有效地加快 了堆肥的腐熟速度,提升了堆肥产品的质量^[7-9]。与此同 时,部分研究将焦点置于中药渣和食用菌渣的单独堆肥 处理上。对于中药渣堆肥而言,其关键在于促进纤维素 与木质素的降解^[10];而食用菌渣堆肥则需着重关注氮素 的转化过程^[11]。然而,二者单独堆肥均存在一定局限性, 而将中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥有望克服这些不足。 一方面,中药渣中的纤维素和木质素等成分可在混合堆 肥过程中为微生物提供更丰富的碳源,促进食用菌渣中 氮素的转化^[12];另一方面,食用菌菌渣含有大量蛋白质 以及降解纤维素和木质素的微生物^[13-14],为中药渣降解 提供氮源,其微生物分泌的酶可加速中药渣分解,进而 提升整个堆肥过程的效率和质量。因此,研究二者混合 堆肥对于优化农业废弃物处理和资源利用具有重要的潜 在价值。

目前关于中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥发酵的研究 尚显不足,在二者混合堆肥的适宜比例确定、关键参数 的精准控制以及腐熟程度的准确判断等方面,仍存在大 量亟待探索的未知领域。与此同时,在农业发展领域, 中药渣与食用菌渣单独堆肥发酵制成的有机肥料虽在改 善土壤结构、提升土壤肥力方面展现出广阔前景^[15],且 微生物作为堆肥发酵的关键因素,其种类、数量及活性 对发酵效率和产物质量有显著影响^[16-17],但针对二者混 合发酵时,微生物群落特性及细菌群落变化的具体影响 关系仍不明确,该领域存在亟待填补的研究空白。本研

基金项目: 湖南省烟草公司永州市公司科技项目(YZ2023KJ04); 湖南省 自然科学基金(2024JJ7190)

作者简介:张斌,博士,副教授,研究方向:植物发育生物学和耐逆性。 Email: zhangbin27104@163.com

[※]通信作者: 王锡春,高级农艺师,研究方向: 烟草栽培及生理生化。 E-mail: 530946968@qq.com

究选取紫苏(Perilla frutescens(L.)Britt.)叶中药渣与 杏鲍菇菌渣混合建堆进行自然发酵,对堆肥发酵参数以 及营养成分的变化进行全面监测,同时,深入剖析细菌 群落的变化情况。以期为农业废弃物的高效处理和有机 肥料生产提供创新方法。

1 材料与方法

1.1 试验材料

杏鲍菇菌渣,湖南省宇秀生物科技有限公司;紫苏 叶中药渣,湖南时代阳光药业股份有限公司;牛粪,永 州市思源农业科技有限公司。

1.2 混合堆肥发酵方法

2023 年 7 月至 10 月在永州市烟草公司烟叶生产技 术中心基地开展试验。起始材料为 100 t, 先将物料粉碎 至颗粒直径小于 0.5 cm, 然后按质量比 10:1:1 经大型 搅拌机混合杏鲍菇菌渣、紫苏叶中药渣和牛粪。用尿素 调节碳氮比至 25/1, 喷水使水分含量达到约 60%。堆成 3 条垛(15 m×3 m×1.5 m)自然发酵,每 10 d 翻堆一次, 共 80 d, 首日记为第 1 天。分别于升温期(第 1 天)、 高温期(第 5 天)、降温期(第 42 天)和腐熟期(第 61 天)采用对角线五点取样法从堆体顶部、中部和底部 采集样本,充分混合后分为两部分。第一部分室温风干、 粉碎过 0.1 mm 筛,用于测定物理性质、有机质、氮、磷、 钾和腐殖质; 第二部分保存在-80 ℃,以评估细菌多样 性。

1.3 测定指标及方法

 1)温度、水分含量、pH值和 Electrical Conductivity(EC值):每天早上 8:00 采用多路温度记录 仪记录堆体相关数据。

2)理化指标:有机质、氮、磷、钾依据《有机肥料》(NY/T 525-2021)和《肥料 硝态氮、铵态氮、酰 胺态氮含量的测定》(NY/T 1116-2014)标准方法测定; 容重、总孔隙度、通气孔隙度、持水孔隙度和腐殖质参 照文献测定^[18]。

3)种子发芽指数:称取 10g样品,加 50 mL 蒸馏 水,摇床振荡 30 min 后离心 10 min 得上清液。在无菌 9 cm 培养皿中放滤纸,取 20 粒质量均匀饱满的白菜种 子放入培养皿,加 5 mL 提取液,以蒸馏水为对照,于 25 ℃ 恒温培养室培养 72 h,测定发芽率和根长,每个处 理(含对照)重复3次。发芽指数 GI=(处理平均发芽 率×处理平均根长)/(对照平均发芽率×对照平均根 长)×100%。

4)细菌群落组成:采用 16S rRNA 基因测序分析。 操作如下:用磁珠法土壤和粪便基因组 DNA 提取试剂 盒(天根生化科技(北京)有限公司)提取样品细菌总 DNA,用引物 341F(5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3') 和 806R(5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3)对 16S rRNA 基因的 V3-V4 区进行扩增,利用 Illumina 平台对 PCR 产物测序,通过微科盟生物信息分析云平台进行微 生物生物学信息分析。

1.4 数据处理与统计分析

所有试验均重复 3 次,数据以平均值±标准偏差 (SD)表示,使用 SPSS 和 Duncan 方法,对数据进行方 差分析和多重测试分析。在 P <0.05 时表示处理的结果 存在差异性显著。采用 Microsoft Excel 2019 进行作图。

2 结果与分析

2.1 堆肥过程中温度、湿度、pH 值和电导率的动态变 化分析

堆肥过程中温度、湿度、pH 值和电导率是反映堆肥 发酵进程和质量的关键参数,与微生物的生长代谢、有 机物的分解转化以及堆肥产物的稳定性密切相关。由图 1 可知,温度在整个发酵过程可分为升温期(1~4d)、 高温期(5~41d)、降温期(42~60d)及腐熟期 (61~80d)四个阶段(图 1a)。



humidity, pH value and electrical conductivity(EC) during

composting process

Fig.1 Analysis diagram of dynamic changes of temperature,

堆肥初期,物料的易分解有机物促使嗜温性微生物 繁衍分解而放热,温度快速上升。进入高温期,嗜热性 微生物主导,温度进一步提升并维持高位。之后,易分 解有机物减少,微生物活动与产热减弱,进入降温期, 直至腐熟期,堆肥达稳定态,微生物平稳,温度无大幅 波动。水分含量在升温期稳定于 62% 左右,高温期逐渐 下降,降温期继续缓慢下降,腐熟期基本稳定在较低水 平(图 1b)。堆肥升温期,水分含量稳定在 62% 左右, 短期内微生物活动未显著改变其含水量。高温期,温度 升高致水分蒸发加快,微生物代谢也消耗水分,含水量 逐渐降低。降温期,虽然蒸发减缓,但微生物继续消耗 水分,且堆肥物理结构变化削弱保水能力,水分缓慢减 少。腐熟期,堆肥性质稳定,水分处于较低且稳定水平。 pH 值在升温期稳定于 7.3 ~ 7.5;高温期,含氮有机物 分解产生氨气等碱性物质,使 pH 值波动上升;降温期, 氨气挥发与酸性物质产生、积累速率相对平衡,pH值小幅波动且较稳定;腐熟期,有机物分解基本完成,物质转化稳定,pH值稳定在8.1~8.3(图1c)。微生物活动初期可溶性盐溶解释放慢,电导率在升温期从2.4 mS/cm缓升至2.6 mS/cm;高温期,有机物快速分解,钾、钠等离子态养分及微生物代谢带电离子大量释放,致电导率急升至4.9 mS/cm。降温期,有机物分解未停,部分养分继续释放,电导率再缓升至5.1 mS/cm。腐熟期,堆肥养分释放转化平衡,电导率在4.8~5.3 mS/cm间波动(图1d)。这表明在不同发酵阶段,温度、水分含量、pH值和电导率均呈现出不同的变化趋势,反映了发酵过程中微生物活动、物质转化等多种因素的综合作用。

2.2 堆肥发酵过程中物料物理性质的变化分析

物料的物理性质在堆肥发酵进程中扮演着至关重要的角色,其变化不仅直接关联着堆肥的质量与稳定性,还深刻影响着微生物的生长环境以及养分的转化与释放效率。本部分聚焦于堆肥发酵过程中物料的容重、持水 孔隙度、总孔隙度和通气孔隙度等关键物理性质的动态 演变规律。由图2可见,在堆肥发酵全程中,容重与持 水孔隙度显著上升(P<0.05),而总孔隙度和通气孔隙 度逐渐下降。在发酵过程中,一方面,微生物的生长繁 殖导致其生物量增加,填充了物料间的部分孔隙;另一 方面,有机物分解产生的一些小分子物质和胶体物质, 使它们更加紧密地聚集在一起,从而导致容重逐渐上升, 升温期为 0.26 g/cm³,高温期升至 0.31 g/cm³,降温期达 0.33 g/cm³,腐熟期稳定于 0.34 g/cm³(图 2a)。



注: 不同字母表示差异显著(P<0.05),下同。 Note: Different letters indicate significant difference at 0.05 level. The same as following.

图 2 堆肥发酵过程中物料物理性质的变化分析 Fig.2 Analysis of changes in physical properties of materials during composting fermentation

随着有机物的分解, 会产生一些腐殖质类物质, 填

充在孔隙中,增加了孔隙的持水能力;同时,物料结构 的紧实化也使得孔隙变小,水分在孔隙中的滞留能力增 强,从而导致持水孔隙度上升,升温期为40.1%,高温 期升至44.2%, 降温期达45.6%, 腐熟期高达46.2% (图 2b)。对于总孔隙度,升温期为 71.3%,高温期变 为68.1%,降温期降至67.4%,腐熟期进一步降至 66.2% (图 2c), 微生物活动和有机物分解产物导致物 料颗粒紧密结合, 使得大孔隙逐渐减少, 小孔隙虽然有 所增加,但总体孔隙体积下降,从而表现为总孔隙度逐 渐降低。物料结构的变化使得大的通气孔隙被填充和压 缩,微生物的生长繁殖也占据了部分孔隙空间,升温期 是 31.2%, 高温期降至 25.1%, 降温期变为 23.3%, 腐熟 期降至20.5%(图2d)。表明随着发酵的进行,物料逐 渐变得更加密实, 持水能力增强, 但通气性能有所减弱, 这一系列的改变直观地反映了堆肥发酵进程中物料物理 性质的复杂动态变化过程,为深入理解堆肥的腐熟机制 和质量演变提供了重要的依据。

2.3 堆肥发酵过程中养分、有机质及发芽指数分析

堆肥过程中养分、有机质的动态变化以及发芽指数 的改变对于评估堆肥的质量、成熟度具有至关重要的意 义。由图3可知,发酵四个阶段中碱解氮、有效磷、速 效钾及腐殖质含量呈上升趋势。升温期碱解氮含量 2.23 g/kg, 高温期升至 2.87 g/kg, 这主要是因为在高温 阶段, 微生物活动旺盛, 尤其是一些具有氨化作用的微 生物大量繁殖,将有机氮转化为氨态氮,使得碱解氮含 量显著增加(P<0.05);由于随着易分解的含氮有机物 逐渐减少,导致碱解氮含量稍有下降,降温期略降至 2.82 g/kg, 腐熟期达 2.75 g/kg (图 3a)。有效磷升温期 为 0.29 g/kg, 高温期升至 0.32 g/kg, 微生物分泌的有机 酸等物质能够溶解物料中难溶性的磷,使其转化为有效 磷;同时,有机物的分解也会释放出一部分原本与有机 物结合的磷,增加了有效磷的含量;随着发酵的持续进 行,磷的转化过程逐渐趋于稳定,降温期为0.34 g/kg, 腐熟期稳定在 0.34 g/kg (图 3b)。速效钾升温期含量为 0.72 g/kg, 高温期升至 0.80 g/kg, 这是由于在高温阶段, 含钾矿物质的分解以及有机物中钾的释放速度加快,使 得速效钾含量上升;降温期继续上升至0.82 g/kg,腐熟 期达 0.85 g/kg (图 3c),可能是因为随着发酵进程推进, 更多的钾元素从复杂的物质结构中被释放出来。随着发 酵的深入,在微生物的作用下,有机物参与到腐殖质 的形成过程中,使得腐殖质含量持续增加,升温期 302.5 g/kg, 高温期增长至 326.2 g/kg, 降温期升至 336.4 g/kg, 腐熟期升至 344.6 g/kg (图 3 d)。经统计学 差异性分析表明,这些养分含量在不同阶段的变化具有 显著差异(P<0.05),说明随着发酵的进行,养分不断 转化和积累,为后续的土壤改良和作物生长提供了潜在 的营养支持。微生物在发酵过程中将有机质作为能源物 质进行分解代谢,大量的有机物被分解为二氧化碳、水 和小分子的有机化合物,升温期为442.7 g/kg,高温期降 至 419.2 g/kg, 降温期缓慢降至 410.4 g/kg, 腐熟期持续

降至 404.2 g/kg (图 3e),与升温期相比,各阶段下降 具有显著意义(P<0.05),反映了有机物在发酵过程中 的分解和转化,这是堆肥腐熟过程中的必然趋势,随着 有机质的分解,堆肥逐渐趋于稳定和成熟。发芽指数先 降后升,升温期 62.3%,高温期降至 52.1%,降温期升 至 73.2%,腐熟期继续升至 93.5%;在发酵初期,堆肥 中可能存在一些未完全分解的有机物,它们在微生物作 用下会产生一些对种子发芽有抑制作用的物质,如有机 酸、酚类化合物等;随着发酵的进行,有害物质逐渐被 分解转化,反而为种子发芽提供了良好的养分和环境条 件,使得堆肥产物对种子发芽的抑制作用减弱,甚至转 为促进作用,这也表明堆肥逐渐成熟,堆肥质量达到了 较高的水平(图 3f)。





2.4 堆肥发酵过程中细菌群落结构演变、多样性变化及 与环境因素的相关性分析

细菌群落结构及其多样性在堆肥发酵过程中扮演着 关键角色,不仅深刻反映了堆肥内部生态系统的动态变 化,还与堆肥的质量、效率以及最终产品的稳定性紧密 相连。本研究聚焦于深入剖析堆肥发酵各阶段细菌群落 从物种组成到群落结构的演变机制,运用多样性指数精 确量化其变化趋势,并借助主成分分析直观呈现群落结构的差异特征。同时,通过 Spearman 相关性分析探究环境因素与优势细菌门类之间的内在关联。在堆肥发酵初期,物料中含有相对丰富的易分解有机物,能够被各类微生物广泛利用,从而使得多种微生物都能在这个阶段存活和生长;随着发酵的推进,不同微生物对营养物质的利用能力和偏好逐渐显现差异;从分类层级动态来看,高级分类单元(界、门)的组成在发酵全程保持稳定,而低级分类单元(属、种)的多样性随发酵阶段变化(图 4a)。不同阶段的环境筛选作用使得能够适应相应条件的细菌得以生存和发展,最终形成了各阶段独特的细菌群落结构以及相对稳定的14 个核心细菌类群(图 4b)。

在发酵初期优势菌群迅速生长,抑制了其他细菌类 群的发展,导致群落的均匀度较低,物种丰富度相对不 高, 使得整体多样性处于较低水平; 而随着发酵的进行, 进入其他阶段后,环境条件的变化、有机物的持续分解 转化以及微生物之间的相互作用,使得更多种类的细菌 能够获得适宜的生长条件,体现出 Chaol 指数上升(图 4c), 和升温期 Simpson 和 Shannon 指数较低,其他阶段升高 (图 4 d~e)。在堆肥的各个阶段,环境因素和物料的 化学组成持续发生变化,这些变化对不同细菌类群的生 长和生存产生了选择性压力,导致细菌群落的组成和结 构不断调整和演变,从而在主坐标分析中表现为不同阶 段的细菌群落分布在不同的位置,且随着发酵阶段的推 进,这种差异逐渐增大(图4f)。升温期厚壁菌门主导, 高温期变形菌门占比高,降温期厚壁菌门和热袍菌门占 优, 腐熟期放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门为主(图4g)。 Spearman 相关性分析显示,绿弯菌门、放线菌门、厚壁 菌门 G 与呈水负相关, 而变形菌门与水呈正相关; 这可 能是因为绿弯菌门、放线菌门、厚壁菌门_G中的部分细 菌对水分含量较为敏感,过高的水分可能会影响它们的 气体交换、营养物质的摄取,从而限制了它们的生长和 代谢活动; 而变形菌门中的一些类群可能更适应较高的 水分环境,有利于它们获取营养物质、扩散代谢产物, 因此表现出与水正相关。变形菌门、厚壁菌门 D 与电导 率负相关,可能是因为这些细菌在低离子浓度环境下更 有利于其细胞膜的稳定性和物质运输等生理过程,高电 导率环境可能会干扰它们的正常代谢; 放线菌门、绿弯 菌门和厚壁菌门 G 正相关,可能是由于这些细菌具有一 些特殊的离子转运机制或代谢途径,能够适应较高的离 子浓度环境,甚至可以利用这些离子来满足自身的生长 和代谢需求; 拟杆菌门与 pH 值正相关(图 4 h), 这是 因为拟杆菌门中的许多细菌具有适应相对较高 pH 值环 境的生理特性,在堆肥过程中随着 pH 值的升高,拟杆 菌门的相对丰度增加。这些结果表明堆肥发酵中环境因 素通过影响优势细菌门的生长代谢,进而对细菌群落结 构、功能、发酵效率和质量产生重要影响,揭示了堆肥过 程中微生物群落与环境之间复杂而紧密的相互作用关系。



注: 图 4b 中的数字为操作分类单元; 图 4c、d、e、h 中的*, **, 分别代表 P<0.05, P<0.01。 Note: The numbers in Figure 4b represent the operational classification units;*, * *, respectively represent P<0.05 and P<0.01.

图 4 堆肥过程细菌群落结构演变、多样性变化及与环境因素的相关性分析

Fig.4 Analysis of bacterial community structure evolution, diversity dynamics, and correlations with environmental factors during composting

3 讨 论

本研究验证了堆肥过程四阶段划分及其理化性质与 微生物变化规律,与宋芸等^[19]、徐瑞蔓等^[20]的研究结论 一致,特别是温度变化与微生物代谢的关联性^[21]。与 MA等^[16]的差异可能源于原料成分差异及其添加菌剂对 微生物群落的调控作用,导致其升温更快但高温期较 短^[20,22]。采用的大规模自然堆肥虽然存在环境控制精度 不足、未系统分析原料特异性影响等局限性,但更贴近 实际生产且具备保温优势^[23]。种子发芽指数的先降后升 趋势印证了堆肥生物毒性动态,初期有机酸/酚类物质抑 制^[24-25]与后期高温降解^[26-27]的协同作用解释了该现象, 与松木屑发酵规律相似^[28]。

堆肥过程中微生物群落的动态演替主导着有机物降 解进程。本研究表明,细菌群落随发酵进程呈现显著结 构演替,其多样性增加导致原有优势菌群地位更迭。厚 壁菌门、变形菌门、放线菌门和拟杆菌门作为核心菌群 被不同体系堆肥研究反复验证^[29-30],暗示其对堆肥环境 的关键功能具有广泛适应性。值得注意的是,王孝芳等^[31] 提出的微生物阶段性占优规律在本研究中得到印证:温 度场与微生物活动存在双向调控机制,菌群代谢驱动堆 体温度变化,而热环境演变又反向选择适生菌种。需指 出,食用菌菌渣预处理虽部分降解纤维素组分,但对真 菌功能解析尚存局限。后续拟结合多组学技术和基质组 分分析,系统揭示微生物互作网络,为优化堆肥工艺提 供理论支撑。

堆肥过程中微生物群落呈现阶段性演替。升温阶段, 厚壁菌门通过降解易分解有机物促进温度上升,其生长 规律具有跨体系普遍性^[32-33],可通过优化原料预处理 (如增加易分解有机物)强化其活性。高温期,变形菌 门取代厚壁菌门成为优势菌群^[34],加速有机物分解及腐 殖质形成^[35],需调控通风与保温以维持其功能。降温阶 段,厚壁菌门通过利用中间产物保障堆肥系统平稳过渡^[36], 需避免温度剧烈波动。腐熟期,放线菌门、厚壁菌门与 拟杆菌门协同作用:放线菌门通过次级代谢产物抑制有 害菌^[37],厚壁菌门分解残余有机物^[38],拟杆菌门降解顽 固多糖^[39],三者共同推动腐熟,需调控湿度、pH等参数 优化其活性。未来研究应进一步解析纤维素和木质素的 动态降解过程,并系统评估不同原料配比对堆肥效率及 微生物功能的影响,以优化农业废弃物资源化利用工艺。

4 结 论

本研究表明,紫苏叶中药渣与杏鲍菇菌渣混合堆肥 历经升温、高温、降温及腐熟四个阶段,过程中各项指 标呈现规律性动态改变。

1)物理性质方面,容重从 0.26 g/cm³ 显著上升至 0.34 g/cm³;持水孔隙度从 40.1%增加至 46.2%;总孔隙 度和通气孔隙度则分别从 31.2%、71.3% 下降至 20.5%、 66.2%;

2)养分含量方面,除有机质下降外,碱解氮、有效 磷等其余养分含量均上升,发芽指数从 62.3% 先降到 52.1% 后升到 93.5%;

3)细菌群落结构方面,从升温期厚壁菌门主导逐渐 演变为腐熟期放线菌门等为主,多样性和均匀度增加且 优势菌群主导地位减弱,同时不同细菌类群与水、电导 率、pH值存在特定相关性,整体揭示了堆肥过程中物质 转化与微生物活动的协同机制。

本研究揭示了紫苏叶药渣-菌渣混合堆肥过程中物质 转化与微生物活动的协同机制,为优化农业废弃物资源 化利用提供了理论依据,并可通过调控优势菌群提升堆 肥产品稳定性。

[参考文献]

[1] 温志英,刘晶.我国农业生产废弃物资源循环利用模式探 究[J].农产品加工,2023,567(1):84-87. WEN Zhiying, LIU Jing. Study on circulating recycling utilization mode of agricultural production wastes resources in China[J]. Farm Products Processing, 2023, 567(1): 84-87. (in Chinese with English abstract)

- [2] 高静静, 庄新辉, 谭雪松, 等. 中药渣资源化利用研究进 展[J]. 中成药, 2024, 46(2): 536-541.
- [3] 于海洋, 王延锋, 史磊, 等. 食用菌菌渣综合利用研究综述[J]. 食用菌, 2024, 46(4): 6-9.
- [4] PÉREZ-CHÁVEZ A M, MAYER L, ALBERTÓ E. Mushroom cultivation and biogas production: A sustainable reuse of organic resources[J]. Energy Sustainability and Development, 2019, 50: 50-60.
- [5] 解新宇,史明子,齐海石,等. 堆肥腐殖化:非生物学与 生物学调控机制概述[J]. 生物技术通报, 2022, 38(5): 29-35.
 XIE Xinyu, SHI Mingzi, QI Haishi, et al. Compost humification: An overview of abiotic and biological regulatory mechanisms[J]. Biotechnology Bulletin, 2022, 38(5): 29-35. (in Chinese with English abstract)
- [6] JAIN M S, JAMBHULKAR R, KALAMDHAD A S. Biochar amendment for batch composting of nitrogen rich organic waste: Effect on degradation kinetics, composting physics and nutritional properties[J]. Bioresource Technology, 2018, 253: 204-213.
- [7] 王吉平,卢铁东,梁芷姮,等.不同来源微生物对葡萄枝 条猪粪共堆肥过程的影响[J].中国农业科技导报,2024, 26(9): 224-233.
 WANG Jiping, LU Tiedong, LIANG Zhiheng, et al. Effects of microorganisms from different sources on the composting process of grape branches and pig manure[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2024, 26(9): 224-233. (in Chinese with English abstract)
- [8] 张芳,屈素斋.硝化抑制剂和脲酶抑制剂在高温堆肥中的应用研究进展[J].磷肥与复肥,2022,37(6):14-17.
 ZHANG Fang, QU Suzhai. Application of nitrification inhibitor and urease inhibitor in high temperature composting[J].
 Phosphate & Compound Fertilizer,2022,37(6):14 -17. (in Chinese with English abstract)

[9] 王兴明, 汪颖, 范廷玉, 等. 稻壳炭驱动的污泥蚯蚓堆肥 过程中重金属吸收途径研究[J]. 环境工程, 2024, 42(10): 147-154.
WANG Xingming, WANG Ying, FAN Tingyu, et al. Pathways of heavy metals absorption by earthworms in sludge vermi composting enhanced by rice husk charcoal[J]. Environmental Engineering, 2024, 42(10): 147-154. (in Chinese with English abstract)

- [10] 许秋双,姜琳,任丽丽,等.中药废渣制备有机肥的生产 技术工艺研究[J].天津中医药大学学报,2023,42(3):360-365. XU Qiushuang, JIANG Lin, REN Lili, et al. Research on production technology of organic fertilizer from Chinese medicinal herbal residues[J]. Journal of Tianjin University of Traditional Chinese Medicine, 2023, 42(3): 360-365. (in Chinese with English abstract)
- [11] 王定美,麦力文,杨霞,等.粪便对食用菌渣堆肥中碳氮 转化的影响[J].环境污染与防治,2020,42(11):1368-1374.
 WANG Dingmei, MAI Liwen, YANG Xia, et al. Effects of animal manures on the conversion of carbon and nitrogen in edible fungi residue compost[J]. Environmental Pollution and Control, 2020, 42(11):1368-1374. (in Chinese with English abstract)
- [12] 鲁耀雄,高鹏,崔新卫,等.中药渣堆肥过程中氮素转化及相关微生物菌群变化的研究[J].农业现代化研究,2018,39(3):527-534.
 [11] Yaquiang, CAO, Pang, CUI, Yinuni, et al. Study on

LU Yaoxiong, GAO Peng, CUI Xinwei, et al. Study on nitrogen transformation and related microbial community changes during the composting process of Chinese medicinal herbal residues[J]. Research of Agricultural Modernization, 2018, 39(3): 527-534. (in Chinese with English abstract)

- [13] 鲍大鹏,谭琦.我国食用菌产业发展面临的重大科学问题和技术问题[J].食药用菌,2024,32(4):217-225.
 BAO Dapeng, TAN Qi. The major scientific and technical issues in the development of Chinese edible mushroom industry[J]. Edible and Medicinal Fungi, 2024, 32(4):217-225. (in Chinese with English abstract)
- [14] 王秋颖,张薇薇,张国庆,等. 食用菌菌渣高温堆肥中木 质纤维素高效降解菌的分离、鉴定与降解活性[J]. 应用与 环境生物学报,2024,30(5):1015-1025.
 WANG Qiuying, ZHANG Weiwei, ZHANG Guoqing, et al. Isolation, identification, and degradation activity of efficiency lignocellulosic-degrading microorganism in high-temperature composting of spent mushroom substrate[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2024, 30(5): 1015-1025. (in Chinese with English abstract)
- [15] 宋修超,黑若楠,姚怡,等.不同中药渣组合好氧堆肥产物对土壤碳矿化特性的影响[J].土壤,2023,55(1):45-52. SONG Xiuchao, HEI Ruonan, YAO Yi, et al. Effects of compost products of different Chinese medicinal residues on soil carbon mineralization[J]. Soils, 2023, 55(1):45-52. (in Chinese with English abstract)
- [16] MA Y, LIU L, ZHOU X, et al. Optimizing straw-rotting cultivation for sustainable edible mushroom production: Composting spent mushroom substrate with straw additions[J]. Journal of Fungi (Basel), 2023, 9(9): 925-939.
- [17] LIN W R, LI H Y, LIN L C, et al. Dynamics of microbial community during the co-composting of swine and poultry manure with spent mushroom substrates at an industrial scale. Microorganisms[J]. Microorganisms, 2022, 10(10): 2064-2676.
- [18] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版)[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.
- [19] 宋芸, 樊平, 王敏, 等. 几种废弃物基质有氧堆肥腐解因素比较分析[J]. 中国农学通报, 2022, 38(11): 53-57. SONG Yun, FAN Ping, WANG Min, et al. Comparative analysis of decomposition factors of aerobic composting with several waste substrates[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2022, 38(11): 53-57. (in Chinese with English abstract)
- [20] 徐瑞蔓,李茜,孙宇,等.食用菌菌糠堆肥化发酵特性及腐熟进程[J].中国农业大学学报,2022,27(3):181-193.
 XU Ruiman, LI Qian, SUN Yu, et al. Fermentation characteristics and decay process of edible fungi chaff composting[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(3):181-193. (in Chinese with English abstract)
- [21] 聂晓瑀,于春静,卢倩,等. 微生物在农作物秸秆好氧堆 肥过程中的研究进展[J]. 中国农学通报, 2022, 38(26): 76-81.
 NIE Xiaoyu, YU Chunjing, LU Qian, et al. The effects of microorganisms in aerobic composting of crop straw: research progress[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2022, 38(26): 76-81. (in Chinese with English abstract)
- [22] ZHANG W, ZHAO Y, LU Q, et al. Evaluating differences in humic substances formation based on the shikimic acid pathway during different materials composting[J]. Bioresource Technology, 2022, 364: 128060.
- [23] WANG Y, YU Q, ZHENG C, et al. The impact of microbial inoculants on large-scale composting of straw and manure under natural low-temperature conditions[J]. Bioresource Technology, 2024, 400: 130696.
- [24] 胡永恒,张程,万华琴,等.不同园林废弃物堆肥过程中 化学性状变化及其对发芽指数的影响[J].南京林业大学学 报(自然科学版),2023,47(6):133-140.
 HU Yongheng, ZHANG Cheng, WAN Huaqin, et al. Changes of chemical properties during composting of different garden

wastes and their effects on germination index[J]. Journal of Nanjing Forestry University(Natural Sciences Edition), 2023, 47(6): 133-140. (in Chinese with English abstract)

- [25] 李其胜,殷小冬,董青君,等.生物炭和微生物菌剂添加 对菇渣好氧堆肥过程及其养分变化的影响[J]. 江苏农业科 学,2023,51(11):212-218.
- [26] CHANG R, LI Y, CHEN Q, et al. Comparing the effects of three in situ methods on nitrogen loss control, temperature dynamics and maturity during composting of agricultural wastes with a stage of temperatures over 70 °C[J]. Journal of Environmental Management, 2019, 230: 119-127.
- [27] 崔迪,卫浩,李亚慧,等.中药渣半透膜好氧堆肥效能分析及功能微生物群落结构解析[J]. 微生物学通报,2024,51(6):1917-1933.
 CUI Di, WEI Hao, LI Yahui, et al. Semipermeable membrane aerobic composting of Chinese medicine residues: performance and functional microbial community structure[J]. Microbiology China, 2024, 51(6):1917-1933. (in Chinese with English abstract)
- [28] 康超,王万坤,郑旋,等. 松木屑发酵过程中松节油含量及堆体理化性质变化[J]. 农业工程学报,2024,40(14):146-154.
 KANG Chao, WANG Wankun, ZHENG Xuan, et al. Characteristics of changes in turpentine and physicochemical properties during the fermentation of pine sawdust[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering(Transactions of the CSAE),2024,40(14):146-154.
- (in Chinese with English abstract)
 [29] 杨晨,李慧丽,董津汝,等. 微生物菌剂对鸡粪堆肥理化指标和细菌群落组成的影响[J]. 农业资源与环境学报,2024,41(5):1035-1043.
 YANG Chen, LI Huili, DONG Jinru, et al. Effects of microbial agents on physicochemical indicators and bacterial community during the aerobic composting process of chicken manure[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, 2024,41(5):1035-1043. (in Chinese with English abstract)
- [30] 王献鑫,祁丽桦,宋江富,等.纤维素、木质素降解菌的 筛选及对菌渣堆肥的影响[J].河南农业科学,2024,53(9): 66-79.
 WANG Xianxin, QI Lihua, SONG Jiangfu, et al. Screening of cellulose and lignin degrading bacteria and their effect on composting of mushroom residue[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2024, 53(9): 66-79. (in Chinese with
- English abstract) [31] 王孝芳,万金鑫,韦中,等.畜禽粪便堆肥过程中微生物 群落演替[J]. 生物技术通报,2022,38(5):13-21. WANG Xiaofang, WAN Jinxin, WEI Zhong, et al. Succession of microbial communities during livestock manure composting[J]. Biotechnology Bulletin, 2022, 38(5):13-21. (in Chinese with English abstract)
- [32] 赵彬涵,孙宪昀,黄俊,等. 微生物在有机固废堆肥中的作用与应用[J]. 微生物学通报,2021,48(1):223-240.
 ZHAO Binhan, SUN Xianyun, HUANG Jun, et al. Application and effects of microbial additives in aerobic composting of organic solid wastes: a review[J]. Microbiology China, 2021, 48(1):223-240. (in Chinese with English abstract)
- [33] 王志慧,杨新平,茆军,等.外源菌剂对棉花秸秆堆肥过程中微生物群落及腐熟效果的影响[J].生态与农村环境学报,2024,40(10):1376-1384.
 WANG Zhihui, YANG Xinping, MAO Jun, et al. Influence of exogenous microbial agents on microbial community and maturity effect during cotton straw composting[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2024, 40(10): 1376-1384. (in Chinese with English abstract)
- [34] 段曼莉,徐洪波,覃振伦,等.磁化水复合保氮剂对堆肥

过程中氮素损失和微生物群落的影响[J]. 农业工程学报, 2024, 40(12): 202-212.

DUAN Manli, XU Hongbo, QIN Zhenlun, et al. Effects of magnetized water combined with nitrogen-preserving agents on nitrogen loss and microbial communities during composting[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering(Transactions of the CSAE), 2024, 40(12): 202-212. (in Chinese with English abstract)

- [35] LÓPEZ M J, JURADO M M, LÓPEZ-GONZÁLEZ J A, et al. Characterization of thermophilic lignocellulolytic microorganisms in composting[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 697480.
- [36] 徐小楠. 不同物料堆肥细菌多样性分异评价[D]. 哈尔滨: 东 北农业大学, 2014.
 XU Xiaonan. Analysis of bacterial diversity in the law of different materials compost[D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2014. (in Chinese with English abstract)
- [37] 李雪菲,靳拓,张凯,等.微生物菌剂对设施辣椒秸秆原 位堆肥土壤理化性质及细菌群落的影响[J].中国农业大学 学报,2022,27(10):33-43.

LI Xuefei, JIN Tuo,ZHANG Kai, et al. Effects of microbia lagents on the physical and chemical properties and bacterial community of pepper straw in situ compos ting soil[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(10): 33-43. (in Chinese with English abstract)

- [38] 刘肖应,李莹,耿家亘,等.施肥模式对设施土壤抗生素及 抗性基因的影响[J].中国环境科学,2023,43(2):772-780. LIU Xiaoying, LI Ying, GENG Jiageng, et al. Effects of fertilization regimes on antibiotics and antibiotic resistance genes in greenhouse soil.[J]. China Environmental Science, 2023,43(2):772-780. (in Chinese with English abstract)
- [39] 刘昊,麻仲花,刘威帆,等.不同耕作方式配施有机肥对 盐碱地玉米根际土壤微生物群落的影响[J].中国生态农业 学报(中英文), 2025, 33(1): 25-39.
 LIU Hao, MA Zhonghua, LIU Weifan, et al. Effects of different tillage practices with organic fertilizers on rhizosphere soil microbial communities of maize in salinealkali soils[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture (Chinese-English Version), 2025, 33(1): 25-39. (in Chinese with English abstract)

Analysis of fermentation characteristics and bacterial community in mixed composting of *Perilla frutescens* leaf herbal residues and *Pleurotus eryngii* mushroom substrates

ZHANG Bin¹, YUAN Zhihui¹, ZHOU Deying², DENG Zhengyu², JIANG Duzhong², WANG Xichun²*

School of Chemical and Biological Engineering, Hunan University of Science and Technology, Yongzhou 425199, China;
 Hunan Tobacco Company, Yongzhou Company, Yongzhou 425000, China)

Abstract: To investigate the fermentation characteristics and bacterial community dynamics during co-composting of *Perilla* leaf herbal residue and *Pleurotus eryngii* mushroom residue, this study established composting piles with a mass ratio of 10:1 (herbal residue:mushroom residue), adjusted the C/N ratio to 25:1 by adding cattle manure, and conducted an 80-day natural fermentation experiment. Dynamic changes in temperature, moisture, pH, electrical conductivity (EC), physical properties (bulk density, total porosity, aeration porosity, water-holding porosity), nutrient content (organic matter, alkali-hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, available potassium, humus), and seed germination index (GI) were monitored. Bacterial community succession was analyzed via 16S rRNA gene sequencing. The results showed: 1) The composting process included four phases: heating-up period (1-4 d), high-temperature period (5-41 d), cooling-down period (42-60 d), and maturation period (61-80 d). During the maturation period, temperature stabilized at ambient levels, pH increased to 8.1-8.3, EC fluctuated between 4.8 and 5.3 mS/cm, and GI recovered to 93.5% (initial: 62.3%; high-temperature phase: 52.1%). Bulk density increased from 0.26 to 0.34 g/cm³, water-holding porosity rose from 40.1% to 46.2%, while total porosity and aeration porosity decreased from 71.3% and 31.2% to 66.2% and 20.5%, respectively. Alkali-hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, available potassium, and humus content significantly increased (P<0.05) from initial 2.23, 0.29, 0.72, and 302.5 g/kg to 2.75, 0.34, 0.85, and 344.6 g/kg at the maturation period (increases of 25.1%, 18.1%, 17.2%, and 13.9%, respectively), whereas organic matter content decreased by 8.7%. 2) Bacterial diversity indices (Chao1 and Shannon) significantly increased (P<0.05), accompanied by phased succession of community structure: Firmicutes dominated the heating-up phase (>65% relative abundance), Proteobacteria became predominant during the high-temperature phase, Firmicutes and Thermotogae prevailed in the cooling-down phase, and Actinobacteria, Firmicutes, and Bacteroidetes emerged as dominant phyla in the maturation phase. 3) Spearman correlation analysis revealed that *Firmicutes* was negatively correlated with moisture content, Actinobacteria positively correlated with EC, Proteobacteria negatively correlated with EC, and Bacteroidetes positively correlated with pH. These findings demonstrate stage-specific physicochemical parameter dynamics, enhanced bacterial diversity and uniformity, and tight interactions between dominant microbial taxa and composting environments. Optimizing environmental conditions to favor functional bacterial communities at different stages could improve compost quality, providing theoretical guidance for agricultural waste recycling.

Keywords: Perilla frutescent; traditional Chinese medicine dregs; Pleurotus eryngii; mushroom dregs; compost; fermentation