

## 研究报告

## 低温秸秆降解复合菌系的功能及组成稳定性

王莉杰<sup>1,2</sup>, 张鑫<sup>3</sup>, 赵文山<sup>1,2</sup>, 刘瑞枝<sup>1,2</sup>, 于晓芳<sup>1,2</sup>, 高聚林<sup>1,2</sup>, 青格尔<sup>\*1,2</sup>

1 玉米秸秆原位还田微生物内蒙古自治区工程研究中心, 内蒙古 呼和浩特 010019

2 内蒙古自治区作物栽培与遗传改良重点实验室, 内蒙古 呼和浩特 010019

3 通化师范学院, 吉林 通化 134000

王莉杰, 张鑫, 赵文山, 刘瑞枝, 于晓芳, 高聚林, 青格尔. 低温秸秆降解复合菌系的功能及组成稳定性[J]. 微生物学通报, 2024, 51(11): 4464-4484.

WANG Lijie, ZHANG Xin, ZHAO Wenshan, LIU Ruizhi, YU Xiaofang, GAO Julin, Boegijin Qinggeer. Functions and composition stability of straw-degrading microbial consortia under low temperatures[J]. Microbiology China, 2024, 51(11): 4464-4484.

**摘要:**【背景】木质纤维素微生物降解是促进其分解转化的有效措施之一。【目的】探明复合菌系的秸秆降解效率, 并评价其对自然碳源的适应性和稳定性。【方法】以团队前期筛选获得的复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 为试验材料, 以灭菌(S)玉米秸秆和未灭菌(NS)玉米秸秆作为碳源进行限制性继代培养, 探明复合菌系的秸秆降解效率, 揭示其对自然碳源的适应性和稳定性。【结果】M1、M2、M14、M36 和 M44 在不同培养代数间玉米秸秆降解率、酶活性均无显著差异, 可保持稳定的秸秆降解效率, 在未灭菌(NS)秸秆处理条件下秸秆降解率分别为 30.99%、33.41%、33.97%、31.76%和 35.05%, 均显著高于灭菌(S)秸秆处理。各复合菌系的物种组成分析表明, 随着继代培养, 不同秸秆条件下各复合菌系丰富度和多样性趋于一致, 厚壁菌门(*Firmicutes*)和毛球菌属(*Trichococcus*)相对丰度在秸秆未灭菌(NS)处理下显著高于秸秆灭菌(S)处理, 分别提高了 31.5%、48.97%、41.95%、2.64%、67.41%和 27.95%、41.71%、33.63%、15.75%、63.22%。【结论】复合菌系随继代表现出良好的稳定性, 对未灭菌秸秆表现出良好的适应性, 具有潜在优势和利用价值。**关键词:** 碳源; 稳定性; 复合菌系; 降解效率

资助项目: 国家自然科学基金(32260532); 国家重点研发计划(2023YFD1501500-01, 2023YFD2301801); 内蒙古自治区直属高校基本科研业务费项目(BR22-11-07); 内蒙古自治区高等学校碳达峰碳中和研究专项(STZX202304); 内蒙古自治区科技计划(2023KYPT0023); 国家玉米产业技术体系项目(CARS-02-74)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32260532), the National Key Research and Development Program of China (2023YFD1501500-01, 2023YFD2301801), the Project of Basic Research Operating Costs of Colleges and Universities Directly Under Inner Mongolia Autonomous Region (BR22-11-07), the Carbon Peak Carbon Neutral Research Special Program for Higher Education Institutions in Inner Mongolia Autonomous Region (STZX202304), the Science and Technology Program of Inner Mongolia Autonomous Region (2023KYPT0023), and the Project of National Maize Industry Technology System (CARS-02-74).

\*Corresponding author. E-mail: qinggeer001@163.com

Received: 2024-02-19; Accepted: 2024-05-07; Published online: 2024-07-01

## Functions and composition stability of straw-degrading microbial consortia under low temperatures

WANG Lijie<sup>1,2</sup>, ZHANG Xin<sup>3</sup>, ZHAO Wenshan<sup>1,2</sup>, LIU Ruizhi<sup>1,2</sup>, YU Xiaofang<sup>1,2</sup>, GAO Julin<sup>1,2</sup>, Boegijin Qinggeer<sup>\*1,2</sup>

1 Engineering Technology Research Center for Microorganisms of Corn Straw Returning to Field *in situ* in Inner Mongolia Autonomous Region, Hohhot 010019, Inner Mongolia, China

2 Key Laboratory of Crop Cultivation and Genetic Improvement in Inner Mongolia Autonomous Region, Hohhot 010019, Inner Mongolia, China

3 Tonghua Normal University, Tonghua 134000, Jilin, China

**Abstract:** [Background] Microbial degradation is an effective measure to promote the decomposition and transformation of lignocellulose. [Objective] To investigate the degradation efficiency of straw and evaluate its adaptability and stability to natural carbon sources. [Methods] To study the straw degradation efficiency of the microbial consortia M1, M2, M14, M36, and M44 screened out in the previous study and evaluate their adaptability and stability when being cultured with natural carbon sources. We used sterilized (S) corn stover and non-sterilized (NS) corn stover as the carbon sources for restrictive passage of M1, M2, M14, M36, and M44. [Results] Neither the degradation rate of corn stover nor the enzyme activity had significant difference across different passages, which indicated that the microbial consortia M1, M2, M14, M36, and M44 could maintain stable straw degradation efficiency. M1, M2, M14, M36, and M44 in the NS group exhibited the corn stover degradation rates of 30.99%, 33.41%, 33.97%, 31.76%, and 35.05%, respectively, which were higher than those in the S group. The richness and diversity of microbial consortia cultured with different carbon sources became similar as the passage continued. Specifically, the relative abundance of *Firmicutes* and *Trichococcus* in M1, M2, M14, M36, and M44 in the NS group was 31.5%, 48.97%, 41.95%, 2.64%, 67.41% and 27.95%, 41.71%, 33.63%, 15.75%, 63.22%, respectively, higher than that in the S group. [Conclusion] The microbial consortia demonstrated robust stability and adaptability when being cultured with non-sterilized corn stover, showcasing promising advantages and potential utility.

**Keywords:** carbon source; stability; microbial consortium; degradation efficiency

农作物秸秆是重要的可再生生物资源，将其有效原位还田，不仅可提高资源利用效率，避免浪费，还能显著改善土壤理化性质、增加土壤生物活性、减少对环境的污染<sup>[1-3]</sup>，是提升土壤质量的可持续农业实践。但由于秸秆复杂的木质纤维素结构，难以在短时间内自然降解，从而降低了木质纤维素资源的利用效率<sup>[4-5]</sup>。对

此前人开展了秸秆木质纤维素微生物降解相关研究，从自然界中筛选获得了大量的纤维素分解单菌和具有协同作用的复合菌，促进木质纤维素降解。Mei等<sup>[6]</sup>以烟草秸秆木质素为唯一碳源，分离出一株具有木质素降解能力的解淀粉芽孢杆菌(SL-7)，发现其秸秆液发酵降解 15 d 后，细菌对秸秆木质素的降解率为 28.55%；邓

兵等<sup>[7]</sup>以滤纸和经碱液处理的玉米秸秆作为纤维素碳源筛选到的复合菌系在 30 °C 条件下连续培养 4 代,发现其秸秆降解率稳定在 65% 左右,并且不同培养代数间无显著差异;王靖然等<sup>[8]</sup>从蘑菇渣中筛选出一株在 16–25 °C 时产纤维素酶和秸秆降解能力强的鸡粪苍白杆菌属 (*Ochrobactrum*) mgz-5, 以玉米秸秆为唯一碳源继代富集培养 5 代后发现其生长无明显延滞,可较好地适应低温环境。北方春玉米种植区是我国重要的玉米产区,秋冬季气温低,霜冻期长,气候干燥寒冷等实际问题限制还田秸秆的当季腐解,秸秆在土壤中腐解转化时间较长,严重影响种植区玉米秸秆还田的实施。因此,筛选适用于低温条件的秸秆降解菌尤为重要。在自然界中,复合菌系的菌种组成多样性与其分解木质纤维素的功能相适应<sup>[9]</sup>,其稳定性是利用价值的重要前提之一,是影响微生物功能的主要因素<sup>[10]</sup>。因此,针对北方寒旱区,应用低温高效且保持稳定秸秆降解功能微生物复合菌系对于提高秸秆利用率及促进农业可持续发展具有重要的指导意义。

本研究以团队前期筛选获得的复合菌系为试验材料<sup>[11]</sup>,在未灭菌玉米秸秆碳源条件下连续继代培养,揭示复合菌系对自然碳源的适应性,并探明其秸秆降解稳定性,明确复合菌系降解秸秆效率,以期为研发玉米秸秆低温高效降解菌系提供新思路和技术。

## 1 材料与方 法

### 1.1 样品

试验于 2022–2023 年在内蒙古农业大学玉米中心微生物实验室(包头市土默特右旗萨拉齐镇)进行。

以实验室前期筛选出的复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 为试验材料<sup>[11]</sup>,M1 主要由假

单胞菌属(*Pseudomonas*)、毛球菌属(*Trichococcus*)、肠球菌属(*Enterococcus*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*)等优势菌组成;M2 主要由短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、戴尔福特菌属(*Delftia*)、苍白杆菌属(*Ochrobactrum*)等优势菌组成;M14 主要由假单胞菌属(*Pseudomonas*)、肠球菌属(*Enterococcus*)、短波单胞菌属(*Brevundimonas*)等优势菌组成;M36 主要由毛球菌属(*Trichococcus*)、肠球菌属(*Enterococcus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)等优势菌组成;M44 主要由假单胞菌属(*Pseudomonas*)、短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)等优势菌组成。

玉米秸秆取自内蒙古农业大学中国敕勒川现代农业博览园试验田,纤维素、半纤维素和木质素含量分别为 48.23%、33.34%和 13.77%,挑选粗细、大小适中的玉米秸秆,取回后用流水冲洗干净,在 60 °C 烘箱中烘至恒温,再将烘干后的玉米秸秆剪成 2–3 cm 的小段,灭菌备用。

### 1.2 培养基

Mandels 培养基<sup>[11]</sup>(M 培养基)(g/L): $K_2HPO_4$  3.000 0,  $NaNO_3$  3.000 0,  $CaCl_2$  0.500 0,  $MgSO_4 \cdot 7H_2O$  0.500 0,  $Fe_2SO_4 \cdot 7H_2O$  0.007 5,  $MnSO_4 \cdot H_2O$  0.002 5,  $ZnSO_4$  0.002 0,  $CoCl_2$  0.003 0, pH 6.8。于 100 mL 三角瓶中加入 40 mL 以上培养基和 1.0 g 玉米秸秆,121 °C 灭菌 20 min,备用。

### 1.3 主要试剂和仪器

3,5-二硝基水杨酸,上海易恩化学技术有限公司;氢氧化钠和酒石酸钾钠,天津市汇杭化工科技有限公司;无水亚硫酸钠,福晨(天津)化学试剂有限公司;ABTS 和藜芦醇,上海麦克林生化科技有限公司。

紫外分光光度计,北京普析通用仪器有限责任公司;恒温振荡培养箱,上海一恒科学仪器有限公司;烘箱和超净工作台,天津市泰斯特仪器有限公司;水浴锅,常州未来仪器制造

有限公司; 高压灭菌锅, 致微(厦门)仪器有限公司; 低温高速离心机, 艾本德(上海)国际贸易有限公司; 电子天平和便携式 pH 计, 梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司; 纤维素分析仪, 北京安科博瑞科技有限公司。

## 1.4 方法

将保存的复合菌系取出后接种于 M 培养基中, 10 °C 静置培养 21 d。之后将复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 的培养液以 5% 的接种量接种到 40 mL 的 M 培养基中, 以灭菌(S)和未灭菌(NS)玉米秸秆作为碳源, 每代静置培养 21 d, 在培养结束后以 5% 接种量转接到新的 M 培养基中, 10 °C 连续继代培养至 F16 代, 在培养结束后取样, 测定 F12–F16 每代发酵液 pH 值、 $OD_{600}$ 、酶活性、秸秆降解率、木质纤维素降解率以及培养第 F12、F16 代的菌种组成变化, 探明复合菌系对自然碳源的适应性。

### 1.4.1 $OD_{600}$ 的测定

接种 21 d 后摇匀取样于 5 mL 离心管中, 5 000 r/min 离心 15 min, 弃上清, 用无菌水将菌体进行重悬, 稳定后在 600 nm 下测定其吸光值<sup>[12]</sup>。

### 1.4.2 pH 值的测定

接种 21 d 后取样利用便携式 pH 计进行测定。

### 1.4.3 纤维素酶活性的测定

采用 DNS 法测定滤纸酶活性(filter paper enzyme activity)、内切-1,4-β-葡聚糖酶活性(endo-1,4-β-glucanase activity)<sup>[12]</sup>, 3 次重复。

### 1.4.4 半纤维素酶活性的测定

采用 DNS 法测定木聚糖酶活性<sup>[12]</sup>, 3 次重复。

### 1.4.5 木质素酶活性的测定

采用 ABTS 法测定漆酶活性(laccase activity)<sup>[13]</sup>, 采用藜芦醇法测定木质素过氧化物酶活性(lignin peroxidase activity)<sup>[13]</sup>。

### 1.4.6 秸秆降解率的测定

接种 21 d 后取样, 采用失重法测定玉米秸秆降解率, 3 次重复。

$$S=(W_0-W_1)/W_0\times 100 \quad (1)$$

式中:  $S$  为培养结束后的秸秆降解率(%);  $W_0$  为接种前培养基中的秸秆重(g);  $W_1$  为培养结束烘干后降解剩余秸秆重(g)。

### 1.4.7 玉米秸秆木质纤维素降解率的测定

接种 21 d 后取样, 将降解前、后的秸秆烘干粉碎后过 1 mm 筛, 按照纤维素分析仪(ANKOM<sup>DELTA</sup>)的方法测定纤维素、半纤维素和木质素的含量, 继而算出木质纤维素降解率的变化。

$$R_n=(M_0-M_n)/M_0\times 100 \quad (2)$$

式中:  $R_n$  为第  $n$  天的木质纤维素降解率(%),  $M_0$  为第 0 天的木质纤维素含量(g),  $M_n$  为第  $n$  天的木质纤维素含量(g)。

### 1.4.8 微生物群落特征鉴定

移取各复合菌系培养第 F12 代和第 F16 代的培养液 5 mL, 4 °C、5 000 r/min 离心 10 min, 弃上清液, 留沉淀, 重复以上步骤 3 次, 确保完全沉淀。将沉淀送上海美吉生物医药科技有限公司测序。

## 1.5 数据处理

采用 SPSS 26.0 软件进行方差分析, 采用 Origin 2021 作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 秸秆不同处理各复合菌系秸秆降解率

各复合菌系玉米秸秆及木质纤维素降解率如表 1 所示, 秸秆不同处理间的秸秆降解率、纤维素降解率和半纤维素降解率均存在显著性差异, 木质素的降解无显著性差异; 不同代数间的秸秆降解率、纤维素降解率、半纤维素降解率和木质素降解率均无显著性差异。

#### 2.1.1 秸秆降解率

复合菌系玉米秸秆降解率如图 1 所示, 复合菌 M1、M2、M14、M36 和 M44 在未灭菌(NS)秸秆处理下的降解率分别为 30.99%、33.41%、

表 1 复合菌系秸秆降解率方差分析

Table 1 Variance analysis of straw degradation rate of microbial consortium

复合菌系 Microbial consortia	秸秆降解指标 Straw degradation index	玉米秸秆降解率 Degradation rate of corn straw (%)	纤维素降解率 Cellulose degradation rate (%)	半纤维素降解率 Hemicellulose degradation rate (%)	木质素降解率 Lignin degradation rate (%)
M1	秸秆处理间(C) Straw treatment room	*	*	*	ns
	培养代数间(T) Cultivating inter-algebras	ns	ns	ns	ns
	C×T	*	*	*	ns
M2	秸秆处理间(C) Straw treatment room	*	*	*	ns
	培养代数间(T) Cultivating inter-algebras	ns	ns	ns	ns
	C×T	*	*	*	ns
M14	秸秆处理间(C) Straw treatment room	*	*	*	ns
	培养代数间(T) Cultivating inter-algebras	ns	ns	ns	ns
	C×T	*	*	*	ns
M36	秸秆处理间(C) Straw treatment room	*	*	*	ns
	培养代数间(T) Cultivating inter-algebras	ns	ns	ns	ns
	C×T	*	*	*	ns
M44	秸秆处理间(C) Straw treatment room	*	*	*	ns
	培养代数间(T) Cultivating inter-algebras	ns	ns	ns	ns
	C×T	*	*	*	ns

\*:  $P < 0.05$ ; ns: 在 0.05 水平无显著差异. 下同

\*:  $P < 0.05$ ; ns: Not significantly different at the 0.05 level. The same below.

33.97%、31.76%和 35.05%，较灭菌秸秆处理分别高出了 3.31%、2.02%、1.90%、3.42%和 2.40%；复合菌不同代数间保持较稳定的降解能力，M1、M2、M14、M36、M44 在秸秆灭菌条件下连续 5 代秸秆降解率变异系数为 0.02、0.04、0.04、0.05、0.03，在未灭菌秸秆处理条件下降解率变异系数为 0.02、0.03、0.02、0.04、0.01，说明 5 个复合菌系均可稳定高效降解玉米秸秆。不同菌系间，M44 的玉米秸秆降解率最高。

### 2.1.2 木质纤维素降解率

随着秸秆的分解，木质纤维素含量也降低，

由图 2 可知，复合菌 M1、M2、M14、M36 和 M44 在未灭菌(NS)秸秆处理下的纤维素和半纤维素降解率较灭菌(S)秸秆处理分别高出了 2.87%、2.86%、3.18%、2.41%、2.29%和 7.16%、8.31%、8.23%、7.10%、6.84%，且不同代数间无显著性差异；复合菌系在秸秆不同处理和不同代数下的木质素降解率均无显著性差异，其中 M44 的木质纤维降解率最高。综上可知，复合菌系对纤维素和半纤维素的降解作用受秸秆处理的影响，而木质素降解作用不受秸秆处理的影响。

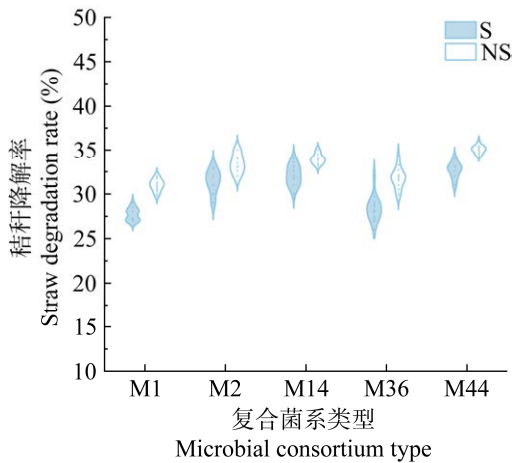


图 1 秸秆不同处理下复合菌系的秸秆降解率 S: 灭菌; NS: 未灭菌. 下同

Figure 1 Straw degradation rate of microbial consortia under different treatments of straw. S: Sterilization; NS: Not sterilized. The same below.

## 2.2 秸秆不同处理各复合菌系发酵菌液的 pH 值和生物量

由图 3A 可知, 在秸秆不同处理下连续继代培养, 复合菌系 M1、M2、M14、M36、M44 发酵液 pH 值均无显著性差异, 分别维持在 7.69–7.77、7.62–7.75、7.52–7.72、7.48–7.69、7.50–7.68; 由图 3B 可知, 各复合菌系各培养代数间  $OD_{600}$  无显著差异, 秸秆不同处理间, 未灭菌(NS)秸秆处理各代数的  $OD_{600}$  较灭菌(S)秸秆处理显著高出 0.23、0.40、0.40、0.20 和 0.38, 说明未灭菌(NS)秸秆处理培养体系中生物量更为丰富。

## 2.3 秸秆不同处理各复合菌系的酶活性

秸秆不同处理各代数复合菌系发酵菌液酶活性方差分析如表 2 所示, 各复合菌系不同代数间内切-1,4- $\beta$ -葡聚糖酶(Cx 酶)、滤纸酶、木聚糖酶、漆酶、木质素过氧化物酶均无显著差异; 秸秆不同处理间, 除木质素过氧化物酶无显著性差异外, 其余酶活性均存在显著性差异。

由图 4 可知, 秸秆未灭菌处理下 M1、M2、M14、M36、M44 的内切-1,4- $\beta$ -葡聚糖酶、滤

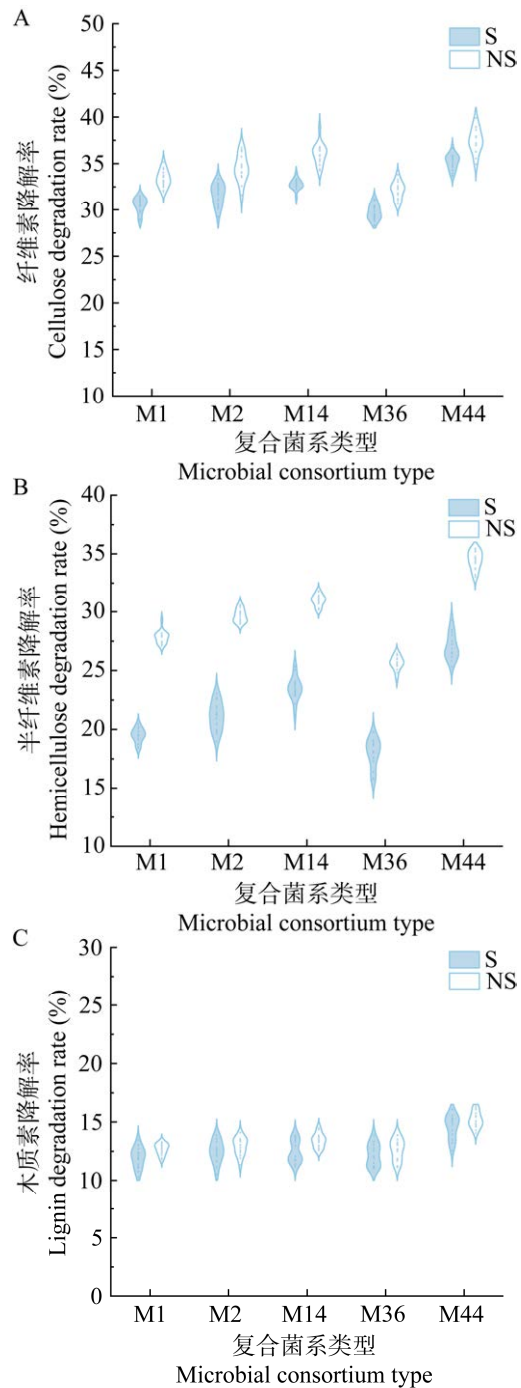


图 2 秸秆不同处理下复合菌系的木质纤维素降解率 A: 纤维素降解率; B: 半纤维素降解率; C: 木质素降解率

Figure 2 Lignocellulose degradation rate of microbial consortia under different carbon source conditions. A: Cellulose degradation rate; B: Hemicellulose degradation rate; C: Lignin degradation rate.

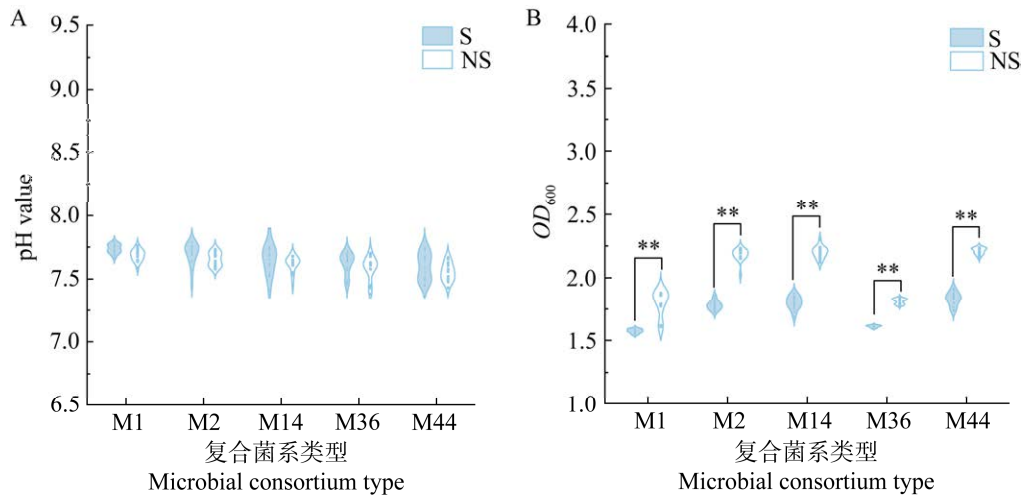


图3 秸秆不同处理下复合菌系 pH 值和  $OD_{600}$  (生物量) A: pH 值; B:  $OD_{600}$  (生物量). \*\*:  $P < 0.01$   
 Figure 3 The pH value and  $OD_{600}$  (Biomass) of microbial consortia under different treatments of straw. A: pH value; B:  $OD_{600}$  (Biomass). \*\*:  $P < 0.01$ .

表2 复合菌系酶活性方差分析

Table 2 Variance analysis of enzyme activity of microbial consortia

酶活性	复合菌系	秸秆处理间(S*NS)	不同代数间(F12*F16)	秸秆处理*代数间
Enzymatic activity	Microbial consortia	Straw processing room	Between different algebras	Straw treatment * algebra between
内切-1,4- $\beta$ -葡聚糖酶 Endo-1,4- $\beta$ -glucanase	M1	*	ns	*
	M2	*	ns	*
	M14	*	ns	*
	M36	*	ns	*
	M44	*	ns	*
滤纸酶 Filter paper enzyme	M1	*	ns	*
	M2	*	ns	*
	M14	*	ns	*
	M36	*	ns	*
	M44	*	ns	*
木聚糖酶 Xylanase	M1	*	ns	*
	M2	*	ns	*
	M14	*	ns	*
	M36	*	ns	*
	M44	*	ns	*
漆酶 Laccase	M1	*	ns	*
	M2	*	ns	*
	M14	*	ns	*
	M36	*	ns	*
	M44	*	ns	*
木质素过氧化物酶 Lignin peroxidase	M1	ns	ns	ns
	M2	ns	ns	ns
	M14	ns	ns	ns
	M36	ns	ns	ns
	M44	ns	ns	ns

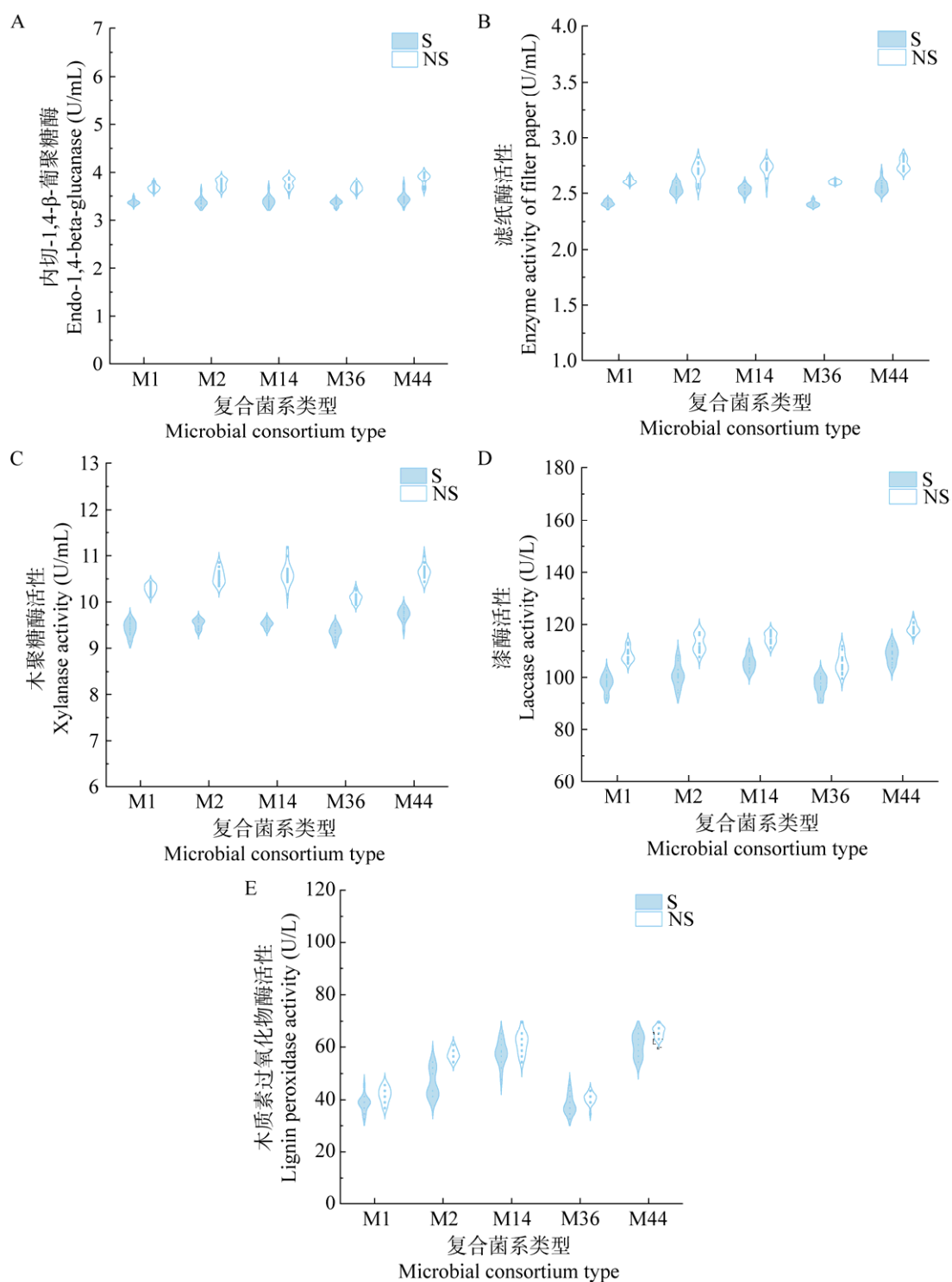


图 4 秸秆不同处理下复合菌系对酶活性的影响 A: 内切-1,4-β-葡聚糖酶; B: 滤纸酶; C: 木聚糖酶; D: 漆酶; E: 木质素过氧化物酶

Figure 4 The effect of microbial consortiums on enzyme activity under different treatments of straw. A: Endo-1,4-β-glucanase; B: Filter paper enzyme; C: Xylanase; D: Laccase; E: Lignin peroxidase.



纸酶、木聚糖酶和漆酶较灭菌秸秆处理分别高出 0.30、0.39、0.39、0.30、0.41、0.20、0.15、0.19、0.20、0.20、0.86、1.03、1.10、0.74、0.92 U/mL 和 10.85、12.24、9.08、8.33、9.85 U/L。复合菌系间 M44 的各项酶活力均优于其他 4 种复合菌系。由此可知, 以未灭菌玉米秸秆为碳源可显著提高复合菌系的产酶能力, 进而促进复合菌系对秸秆的降解作用。

## 2.4 秸秆不同处理各复合菌系菌种组成分析

### 2.4.1 $\alpha$ 多样性指数分析

秸秆不同处理下, 各复合菌系的 F12 代和 F16 代的微生物群落  $\alpha$  多样性指数如表 3 所示, 在秸秆未灭菌(NS)条件下, 各复合菌系随着继代次数增加, Chao1 指数和 ACE 指数均呈无显著差异; Simpson 指数除 M36 菌系 F12 代显著低于 F16 代外, 其他菌系均无显著性差异; Shannon 指数表现为 M2 和 M14 各代无显著差异, M1 和 M36 表现为 F12 代显著高于 F16 代; 在秸秆灭菌(S)条件下, Chao1 指数和 ACE 指数表现为复合菌 M2、M14 和 M44 的 F12 代显著高于 F16 代, 而 M1 和 M36 表现为 F16 代显著高于 F12 代; Shannon 指数和 Simpson 指数表现为复合菌 M1、M36 和 M44 各代数间无显著差异。F12 代时, 复合菌系 M2 和 M44 的 Chao1 指数和 ACE 指数呈秸秆灭菌(S)显著高于未灭菌(NS)处理, 除 M2 外, 其余菌系 Shannon 和 Simpson 指数在秸秆不同处理间均存在显著差异; 继代至 F16 代时复合菌系 M1、M14、M36 和 M44 均表现为秸秆不同处理间无显著差异, 各菌系 Simpson 指数在秸秆不同处理间无显著差异, M2、M14 和 M44 的 Shannon 指数在秸秆不同处理间无显著差异。由此可知, 随着继代次数的增加, 在秸秆不同处理下复合菌系物种多样性和丰富度均趋于一致, 具有良好的物种组成稳定性。

### 2.4.2 秸秆不同处理各复合菌系微生物组成变化

复合菌系在玉米秸秆灭菌(S)与未灭菌(NS)处理条件下门水平和属水平物种的相对丰度如图 5 和图 6 所示, 在秸秆灭菌(S)处理下各复合菌系门水平和属水平物种丰度之间均无显著性差异。为探明不同秸秆处理和不同代数处理对复合菌菌种组成丰度的影响程度, 采用组间显著性差异检验分析物种差异, 结果如图 7 所示, 在秸秆不同处理间, 秸秆未灭菌(NS)处理下复合菌 M1、M2、M14 和 M44 厚壁菌门(*Firmicutes*)的相对丰度均显著高于灭菌(S)处理, 分别高出 31.50%、48.97%、41.95%和 67.41%; 在秸秆灭菌(S)处理下复合菌 M1、M36、M44 拟杆菌门(*Bacteroidota*)的相对丰度和 M1、M44 变形菌门(*Proteobacteria*)的相对丰度均显著高于未灭菌(NS)处理, 分别高出 6.43%、18.42%、15.79%和 21.62%、49.75%。在不同代数间, 秸秆未灭菌(NS)处理 F12 代下的 M1、M2 的变形菌门和 M1、M36 的拟杆菌门均显著高于 F16 代, 分别高出了 28.96%、30.03%和 9.98%、13.95%; 选择丰度 top10 的属进行差异分析发现, 各复合菌系中毛球菌属(*Trichococcus*)的相对丰度均呈未灭菌秸秆处理显著高于灭菌秸秆处理, 分别高出 27.95%、41.71%、33.63%、15.75%和 63.22%; 秸秆未灭菌(NS)处理下复合菌系 M14、M36 和 M44 的芽殖杆菌属(*Gemmobacter*)相对丰度较灭菌处理显著提高了 0.49%、3.72%和 0.27%, M1 的醋酸杆菌属(*Acetobacterium*)相对丰度显著提高了 12.30%。秸秆未灭菌(NS)处理 F12 代下的 M14、M44 的德沃斯氏菌属(*Devosia*)显著高于 F16 代, 分别高出了 4.88%、3.06%; 由此可知, 秸秆不同处理条件下, 各复合菌系间物种丰度存在显著差异, 说明不同的外界条件会影响复合菌系的物种组成丰度。

表 3 复合菌系  $\alpha$  多样性指数  
Table 3 Alpha diversity index of microbial consortiums ( $\bar{x} \pm SD$ )

处理 Treatment	Chao1 index		Shannon index		Simpson index		ACE index	
	S	NS	S	NS	S	NS	S	NS
F12_M1	315.52±6.35Ba	297.56±36.48Aa	3.41±0.17Aa	2.69±0.15Ab	0.08±0.04Aa	0.21±0.03Ab	312.36±8.27Ba	288.01±20.11Aa
F16_M1	352.78±15.51Aa	316.39±21.55Aa	3.07±0.27Aa	2.37±0.09Bb	0.16±0.09Aa	0.19±0.01Aa	336.65±5.97Aa	310.85±18.35Aa
F12_M2	337.15±31.93Aa	205.87±17.07Ab	3.45±0.16Aa	2.87±0.52Aa	0.08±0.02Ba	0.18±0.10Aa	332.15±29.24Aa	213.02±24.39Ab
F16_M2	162.12±55.11Ba	246.12±28.37Aa	2.58±0.15Ba	2.18±0.35Aa	0.17±0.02Aa	0.29±0.12Aa	168.25±56.22Ba	240.84±17.45Aa
F12_M14	303.66±15.96Aa	243.91±45.53Aa	3.49±0.10Aa	2.66±0.20Ab	0.06±0.01Bb	0.15±0.04Aa	303.16±11.07Aa	236.34±44.51Aa
F16_M14	142.79±27.86Bb	243.25±21.93Aa	2.09±0.21Ba	2.35±0.27Aa	0.22±0.04Aa	0.24±0.08Aa	150.16±31.34Bb	240.09±15.70Aa
F12_M36	223.06±12.21Bb	303.42±22.69Aa	3.48±0.01Aa	3.44±0.08Aa	0.05±0.00Ab	0.07±0.01Ba	220.33±10.50Bb	302.91±19.53Aa
F16_M36	265.45±21.35Aa	292.17±8.64Aa	3.45±0.14Aa	3.15±0.09Bb	0.08±0.02Aa	0.10±0.01Aa	258.83±19.12Aa	286.40±7.79Aa
F12_M44	269.84±31.56Aa	180.11±16.66Ab	3.33±0.07Aa	1.48±0.12Bb	0.08±0.01Ab	0.46±0.01Aa	286.11±50.99Aa	177.32±10.29Ab
F16_M44	176.65±13.41Ba	228.66±30.86Aa	2.39±0.74Aa	1.74±0.01Aa	0.24±0.15Aa	0.43±0.06Aa	177.36±10.00Ba	231.39±36.98Aa

大写字母表示不同代数间在 0.05 水平差异显著, 小写字母表示不同碳源间在 0.05 水平差异显著. 下同

Uppercase letters indicate significant differences in different algebras at 0.05 level, and lowercase letters indicate significant differences in different carbon sources at 0.05 level. The same below.

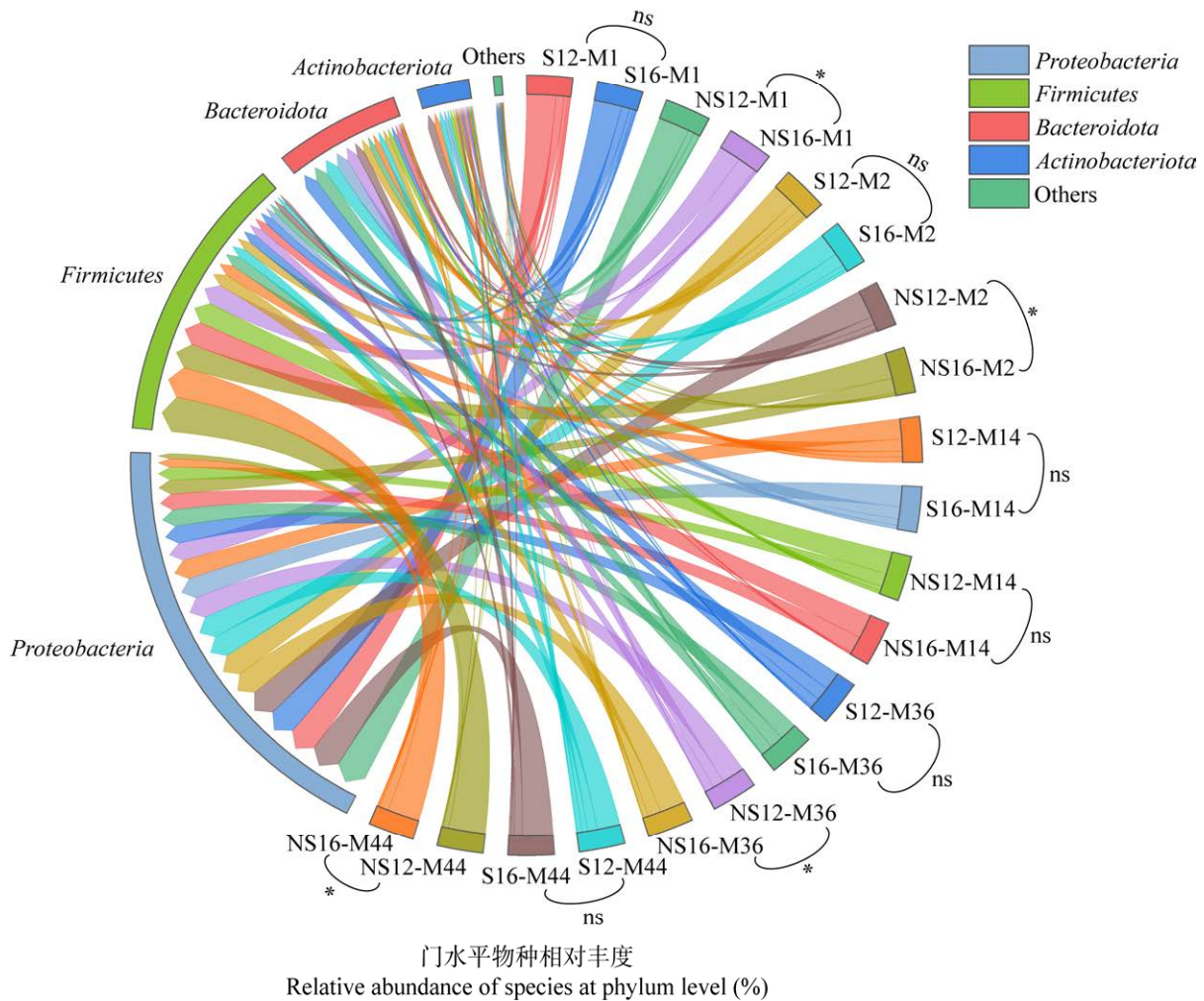


图 5 秸秆不同处理和不同代数条件下复合菌系门水平物种相对丰度图 图中左侧为不同菌门种类；右侧 S12 为第 12 代灭菌秸秆处理，S16 为第 16 代灭菌秸秆处理，NS12 为第 12 代未灭菌秸秆处理，NS16 为第 16 代未灭菌秸秆处理，M1、M2、M14、M36 和 M44 为不同复合菌系。下同

Figure 5 Relative abundance of horizontal species of microbial consortiums under different treatments of straw and algebraic conditions. On the left side of the figure are different bacteria species; On the right, S12 is the 12th generation of sterilized straw treatment, S16 is the 16th generation of sterilized straw treatment, NS12 is the 12th generation of unsterilized straw treatment, NS16 is the 16th generation of unsterilized straw treatment, M1, M2, M14, M36 and M44 are different microbial consortiums. The same below.

## 2.5 秸秆不同处理各复合菌系菌种组成 PCoA 分析

基于复合菌系 OTU 组成采用 Spearman<sub>approx</sub> 距离矩阵开展了主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA) (图 8)，发现其第 1 主

成分 PC1 和第 2 主成分 PC2 对样品的贡献率分别为 22.12%和 13.74% ( $R=0.9643$ ,  $P=0.001$ )，各复合菌系物种组成结构具有显著差异，其中 M1 和 M36 物种组成结构较相似，并且 F12 代和 F16 代间距离较近，秸秆不同处理是导致物种

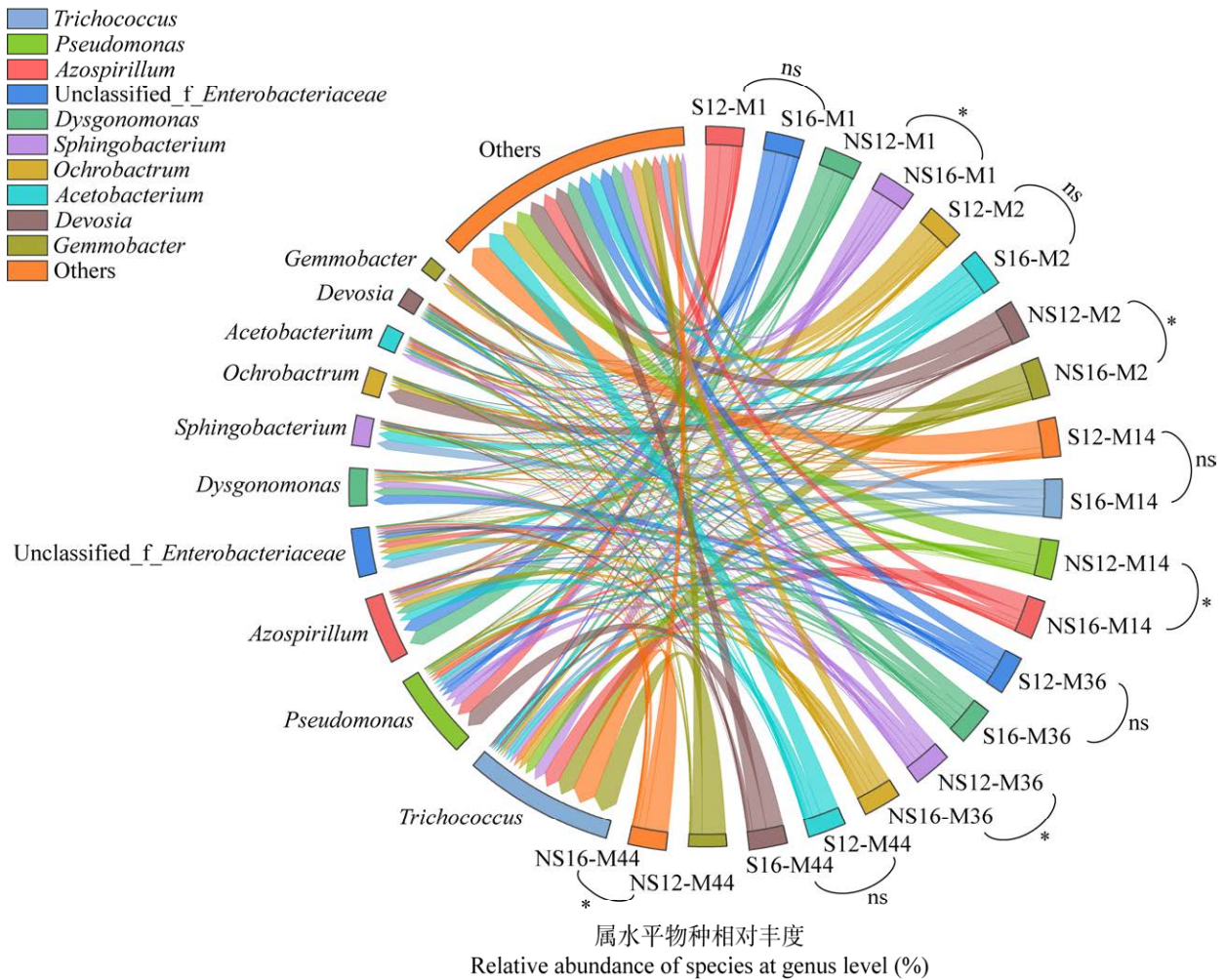


图 6 秸秆不同处理和不同代数条件下复合菌系属水平物种相对丰度图 图中左侧为不同菌属种类  
 Figure 6 Relative abundance map of horizontal species of microbial consortia under different treatments of straw and algebraic conditions. The left side of the figure shows different species of bacteria.

组成结构的主要因素；复合菌系 M2 的 F12 代和 F16 代距离较远，说明其物种组成结构不受秸秆处理影响；复合菌 M44 的 F12-S、F16-S、F12-NS 距离较近，并且与 F16-NS 明显分离，说明其受秸秆处理影响；在秸秆未灭菌条件下复合菌 M14 的 F12 和 F16 代聚集在一起，说明物种组成结构较稳定。

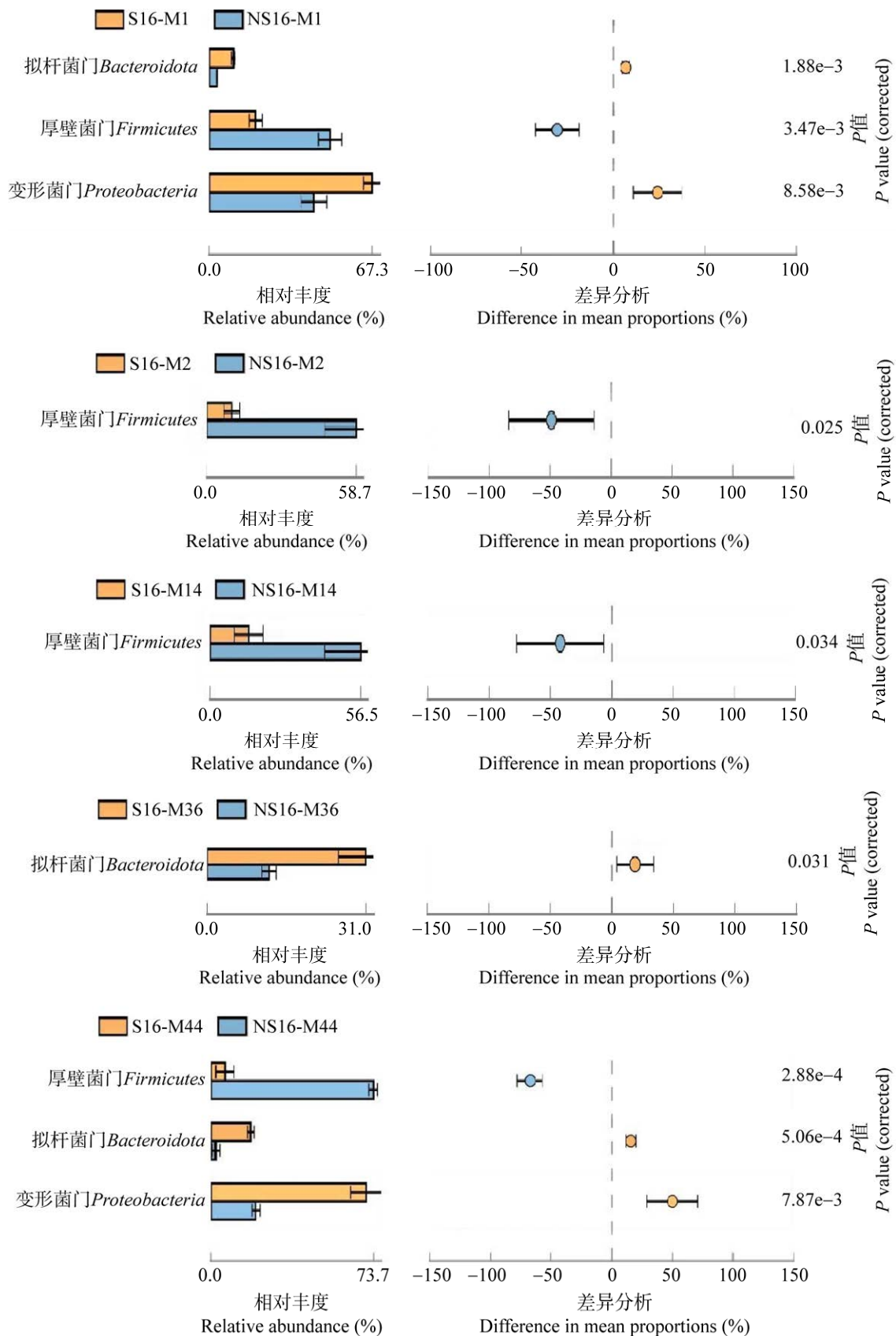
### 3 讨论

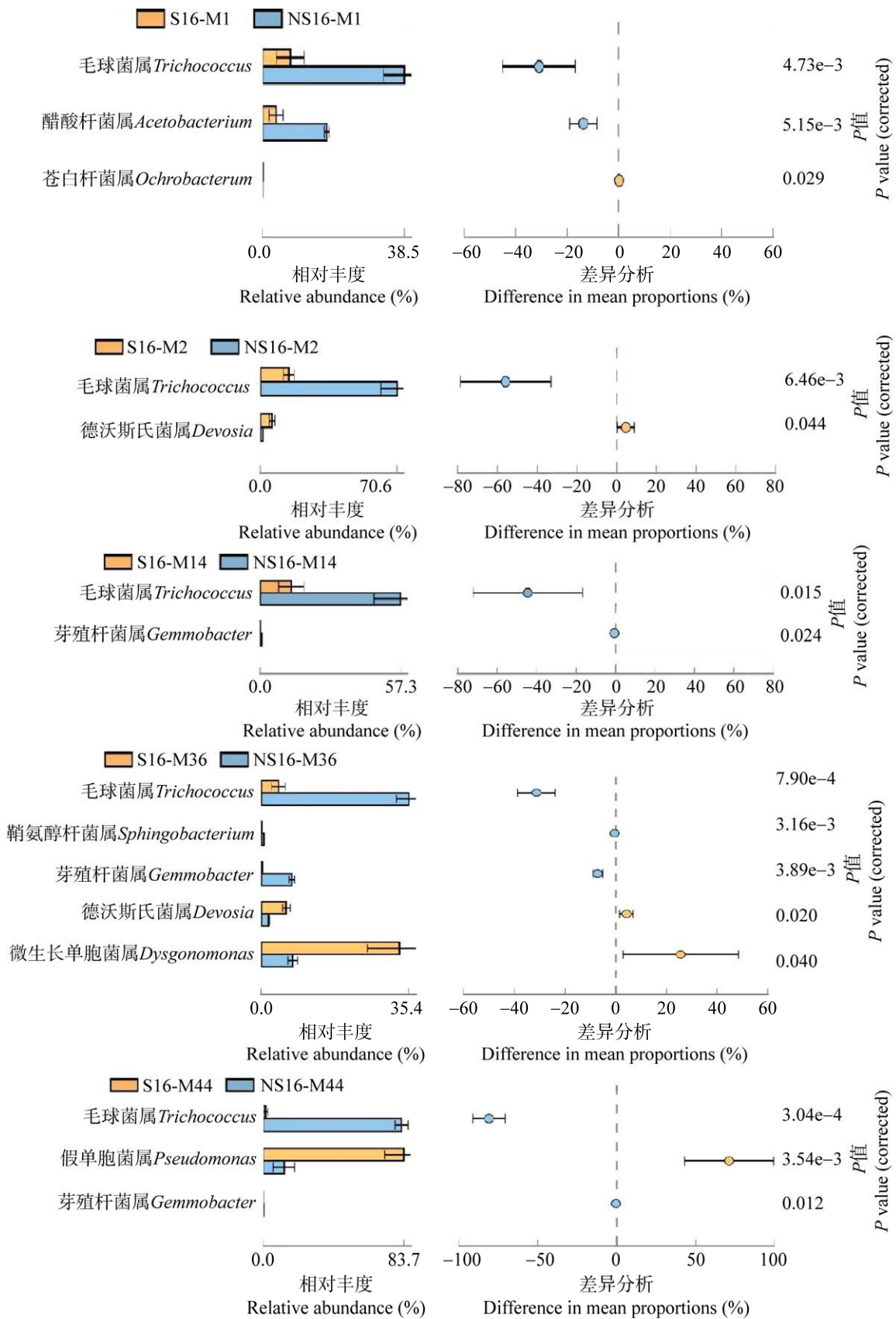
还田秸秆腐解与养分释放是秸秆还田培肥

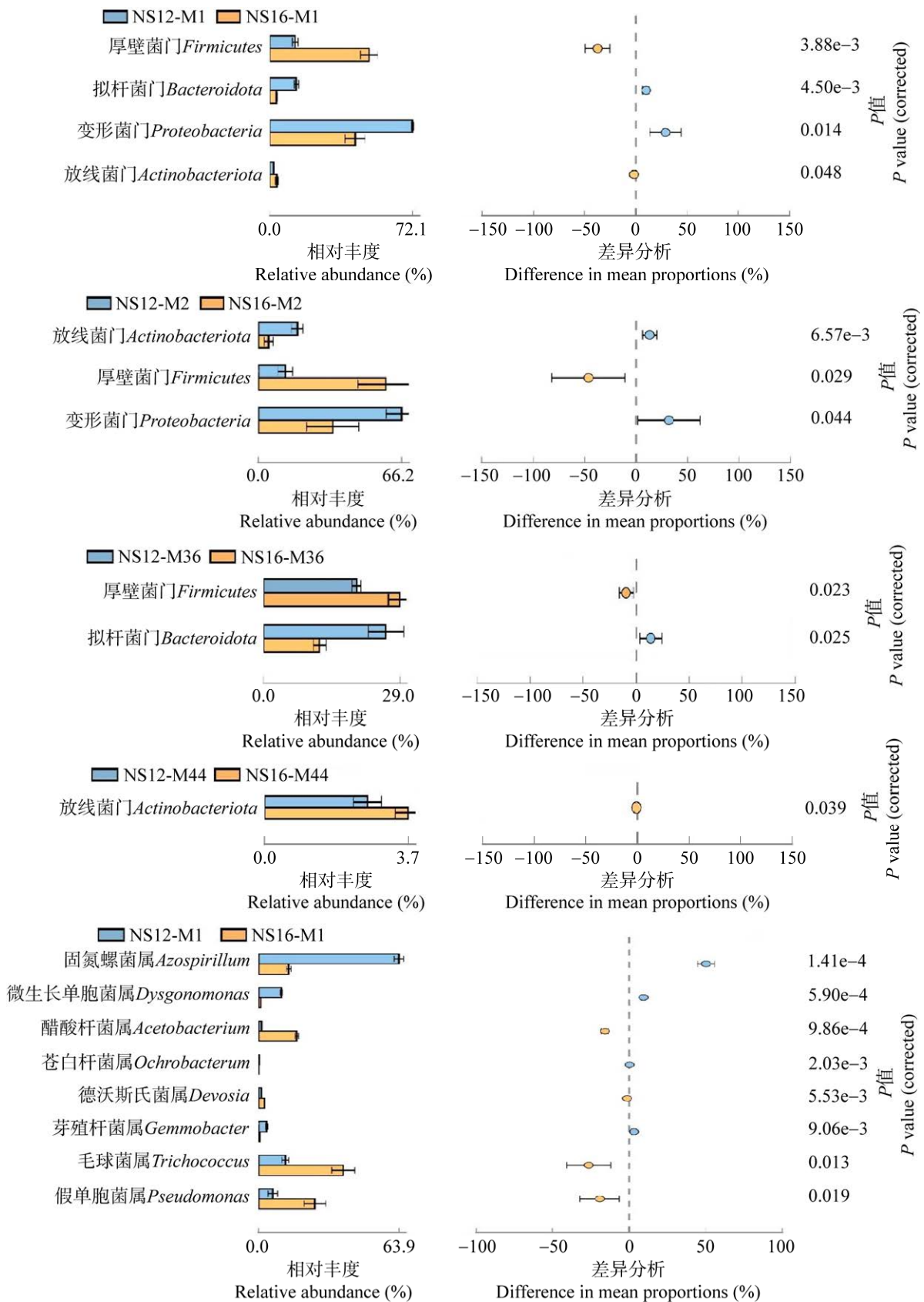
土壤的关键。秸秆的降解及有机质转化过程主要受微生物控制。秸秆微生物降解是有效促进作物秸秆分解进程的新途径，而筛选或应用的微生物菌群稳定性是保证其发挥功效的重要前提。

#### 3.1 秸秆降解微生物

目前，关于木质纤维素降解微生物的研究主要聚焦于能在室温和高温条件下产生纤维素酶的菌种，而对低温降解菌的研究相对较少<sup>[14]</sup>。陈露露<sup>[15]</sup>筛选获得的真菌烟曲霉菌(*Aspergillus fumigatus*)在 30 °C 条件下固体发酵 30 d 后玉米







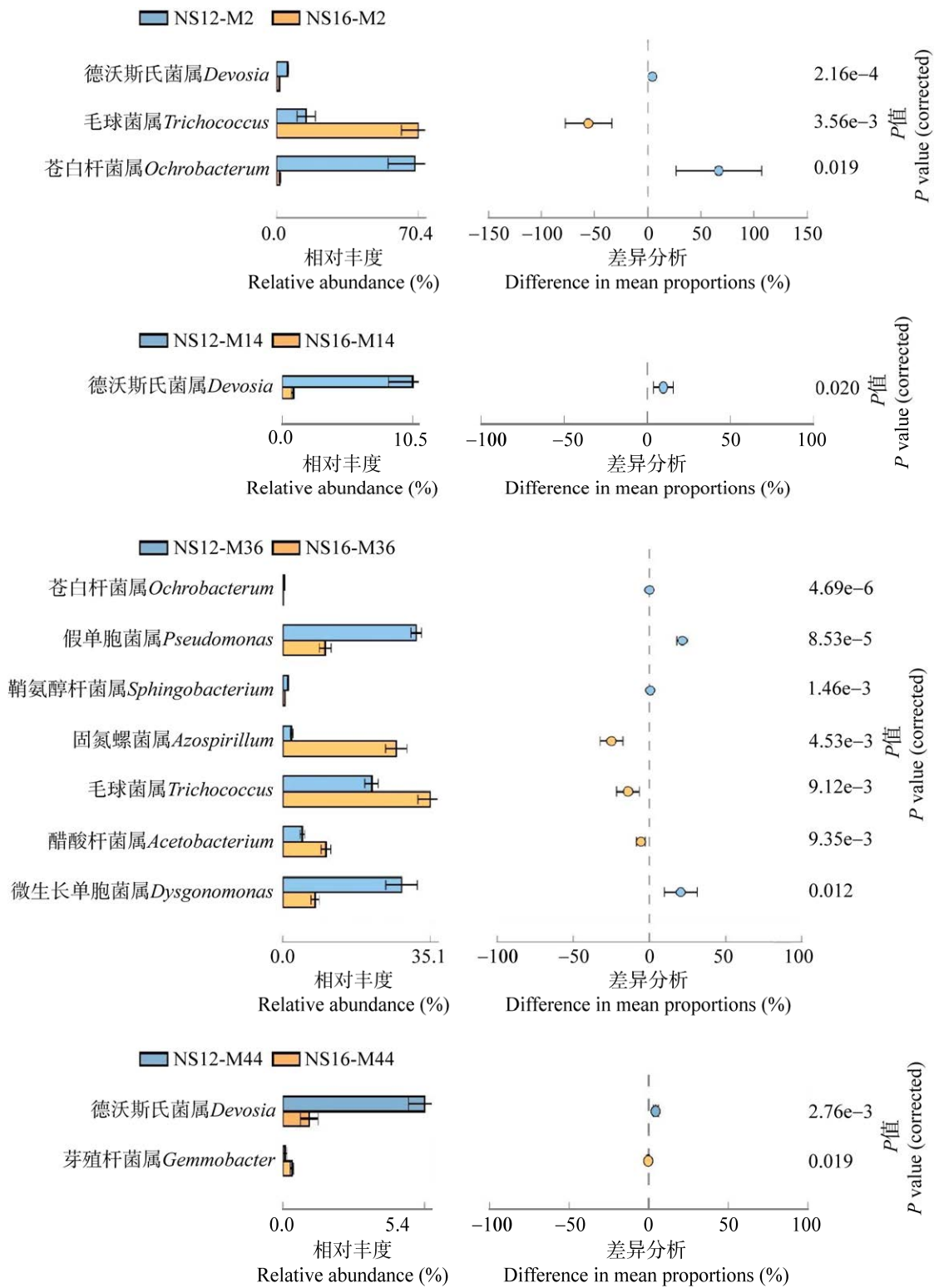


图 7 秸秆不同处理和不同代数条件下复合菌系门、属水平物种相对丰度图

Figure 7 Relative abundance of species at phylum and genus level of the composite mycorrhizal fungi under different treatments and generations of straw.



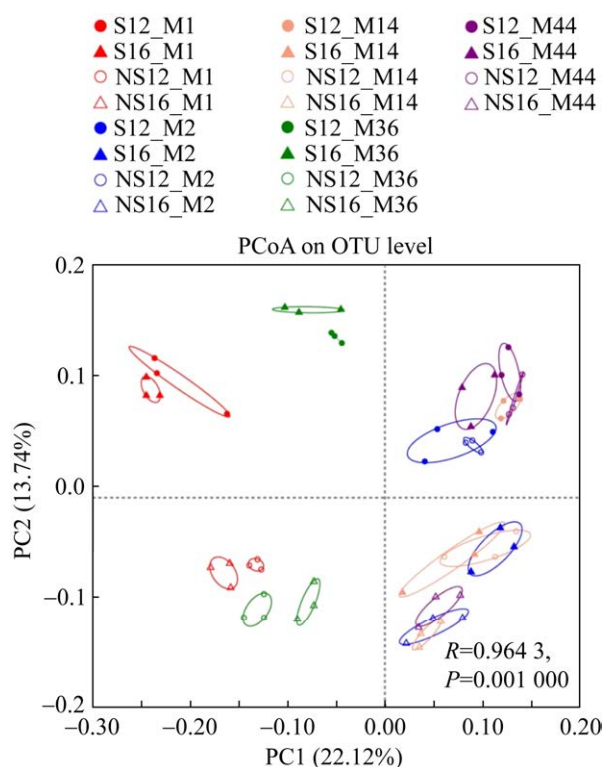


图 8 秸秆不同处理下复合菌系菌种组成主成分分析

Figure 8 Principal component analysis of strain composition of microbial consortia under different treatments of straw.

秸秆失重率可达 26.76%，于慧娟<sup>[16]</sup>筛选出的  $\alpha$ -5 真菌在 28 °C 振荡培养 10 d 小麦秸秆降解率可达 47%，台少华等<sup>[17]</sup>通过低温筛选获得的一株低温降解秸秆的木霉菌株 C47-3 在 15 °C 液体培养基中发酵 15 d 后的降解率可达 22.28%，王一帆等<sup>[18]</sup>通过优化构建得到的菌群 CJZ1 在 15 °C 培养 12 d 后的秸秆降解率可达 31.01%。本研究中的复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 在 10 °C 培养五代，玉米秸秆的降解率最高分别可达 30.99%、33.41%、33.97%、31.76% 和 35.05%，与前人研究的高温、中温菌的降解率相比较低，但该低温复合菌系可以实现玉米秸秆在低温地区快速降解从而实现从田间来回田间的目的，特别是在北方低温地区，其与高温、中温相比

具有一定的区域应用优势<sup>[19-20]</sup>。以未灭菌秸秆为碳源条件下各复合菌系的秸秆降解率和酶活性均高于灭菌秸秆处理，未灭菌的秸秆中含有天然秸秆降解微生物，这些微生物在适宜温度、水分条件下能够迅速扩增，并与接种复合菌协同参与到秸秆的降解过程中<sup>[21-24]</sup>，表明复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 不仅可在低温条件下均具有较好的稳定性，对自然秸秆碳源具有良好的适应性。其中复合菌 M44 秸秆降解率、纤维素降解率、半纤维素降解率和木质素降解率分别为 35.05%、37.47%、33.84% 和 15.19%，具有较好的降解特性。复合菌系主要由变形菌门 (*Proteobacteria*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、毛球菌属 (*Trichococcus*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、固氮螺菌属 (*Azospirillum*) 和德沃斯氏菌属 (*Devosia*) 等组成，其中拟杆菌门作为农业土壤主要利用的敏感生物学指标，可以为秸秆降解及作物生长提供更多的养分；而变形菌门与其他微生物组分相比，在秸秆分解过程中占有主导地位，可加快秸秆的降解速率<sup>[25-26]</sup>；假单胞菌属则能够降解木质素，具有较高的漆酶活性和木质素过氧化物酶活性<sup>[27-28]</sup>，可加速秸秆中木质素的降解速率。

### 3.2 秸秆降解菌稳定性研究

微生物稳定继代并保持功能是应用的前提。赵昕<sup>[29]</sup>从不同样品中筛选复合菌系，经过第 9 代后获得功能稳定的复合菌群 FWD1，在 35 °C 培养 10 d 时秸秆降解率可达 68.5%；王伟东等<sup>[30]</sup>研究发现复合系 WSC-6 经过多代继代培养并进行不同 pH 及高温处理后，纤维素分解能力基本保持一致，并且具有良好的稳定性。复杂微生物系统的多样性和稳定性受到培养条件的显著影响，其可显著影响微生物的生长和活性，进而影响微生物群落的结构和功能<sup>[31-33]</sup>。

微生物生长及代谢活动需要稳定的 pH 环境, 发酵液 pH 的不稳定是降低或抑制秸秆降解活性的主要因素之一, 而稳定的 pH 提供了微生物高效降解秸秆的稳定环境<sup>[34]</sup>。牛俊玲等<sup>[35]</sup>从 6 种堆肥样品中筛选得到了 1 组滤纸降解速度最快的混合菌体, 其 pH 值稳定在 6.5–8.5 间。本研究中复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 在秸秆不同处理条件下 10 °C 恒温连续培养 5 代, 发酵液 pH 值在秸秆不同处理和代数间均无显著差异, 具有良好的发酵液 pH 值调节能力<sup>[36]</sup>。物种组成稳定性是保证功能稳定的前提, 在本研究中各复合菌系继代过程中保持良好的物种组成和丰度稳定性, 关键物种毛球菌属、假单胞菌属、德沃斯氏菌属和固氮螺菌属等在不同代数间无显著性, 使其秸秆降解效率具有良好的稳定性; 秸秆处理显著影响了复合菌的物种组成结构, 在秸秆未灭菌条件下通过协同效应厚壁菌门和毛球菌属等物种相对丰度的增加, 促进秸秆降解进程, 使得秸秆降解率有效提高。

在秸秆未灭菌条件下连续继代培养, 复合菌系在第 12 代和第 16 代间关键物种组成无差异, 丰度存在差异, 其中 F12 代的 M1、M2 的变形菌门和 M1、M36 的拟杆菌门和 M14、M44 的德沃斯氏菌属显著高于 F16 代, 但复合菌系是由多物种组成的群体<sup>[37]</sup>, 菌种间通过协同效应发挥秸秆降解作用, 具有功能互补作用, 德沃斯氏菌属被报道存在于多个秸秆降解菌系中, 参与氮循环的反硝化和微生物固氮的过程<sup>[38]</sup>, 在秸秆碳源条件下虽然继代导致物种组成丰度出现差异, 但通过协同效应保持其功能的稳定性。

## 4 结论

复合菌系 M1、M2、M14、M36 和 M44 连续继代培养, 秸秆降解率、酶活性、物种等均无显著差异, 可保持稳定性的秸秆降解效率;

而且在以未灭菌(NS)玉米秸秆碳源条件下降解效率显著提升, 秸秆降解率较灭菌处理提高 3.31%、2.02%、1.90%、3.42%和 2.40%, 较好地适应自然未灭菌碳源, 为进一步开发秸秆还田促腐菌剂提供菌种资源与技术支撑。

## REFERENCES

- [1] 王颖洁, 张朋, 宋晨愿, 查向浩. 秸秆生物质综合利用的现状分析[J]. 现代农业, 2023, 48(4): 108-112.  
WANG YJ, ZHANG P, SONG CY, ZHA XH. Analysis on the current situation of comprehensive utilization of straw biomass[J]. Modern Agriculture, 2023, 48(4): 108-112 (in Chinese).
- [2] KUMAR R, BOHRA JS. Effect of NPKS and Zn application on growth, yield, economics and quality of baby corn[J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2014, 60(9): 1193-1206.
- [3] 王琳琳. 长岭县农户采纳玉米秸秆还田技术的意愿及影响因素研究[D]. 长春: 吉林农业大学硕士学位论文, 2022.  
WANG LL. Study on farmers' willingness and influencing factors to adopt corn straw returning technologies in Changling County[D]. Changchun: Master's Thesis of Jilin Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [4] LIU YZ, DEAK N, WANG ZW, YU HP, HAMELEERS L, JURAK E, DEUSS PJ, BARTA K. Tunable and functional deep eutectic solvents for lignocellulose valorization[J]. Nature Communications, 2021, 12: 5424.
- [5] 廖恒, 陆引罡, 王家顺, 王星舒. 秸秆预处理技术及其对土壤肥力的改良效果[J]. 福建农业学报, 2018, 33(1): 87-92.  
LIAO H, LU YG, WANG JS, WANG XS. Fertility improvement by addition of pretreated spent straws in soil[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2018, 33(1): 87-92 (in Chinese).
- [6] MEI JF, SHEN XB, GANG LP, XU HJ, WU FF, SHENG LQ. A novel lignin degradation bacteria-*Bacillus amyloliquefaciens* SL-7 used to degrade straw lignin efficiently[J]. Bioresource Technology, 2020, 310: 123445.
- [7] 邓兵, 贾军, 艾士奇, 晏磊, 高亚梅, 王彦杰, 王伟

- 东. 常温降解玉米秸秆复合菌系及其微生物多样性研究[J]. 可再生能源, 2017, 35(8): 1127-1134.
- DENG B, JIA J, AI SQ, YAN L, GAO YM, WANG YJ, WANG WD. The screening and diversity of a bacterial community capable of degrading corn straw at 30 °C[J]. Renewable Energy Resources, 2017, 35(8): 1127-1134 (in Chinese).
- [8] 王靖然, 董珊珊, 侯雨昕, 韩梅. 一株秸秆降解耐冷细菌的分离及其主要生物活性[J]. 安徽农业科学, 2022, 50(8): 85-89.
- WANG JR, DONG SS, HOU YX, HAN M. Isolation and identification of 1 strain of low temperature and high efficiency cellulose degradation bacteria and biological activity of the strain[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2022, 50(8): 85-89 (in Chinese).
- [9] 何水清, 艾士奇, 王建豪, 钟万锦, 王伟东. 木质纤维素分解复合菌系的分解特性与细菌组成多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(16): 241-246.
- HE SQ, AI SQ, WANG JH, ZHONG WJ, WANG WD. Decomposition characteristics and bacterial composition diversity analysis of lignocellulose-decomposing complex bacteria[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2017, 45(16): 241-246 (in Chinese).
- [10] 青格尔, 高聚林, 于晓芳, 胡树平, 王志刚, 王振, 闹干朝鲁. 玉米秸秆低温高效降解复合菌系 GF-20 的菌种组成及降解稳定性研究[J]. 中国农业科学, 2016, 49(3): 443-454.
- QING GE, GAO JL, YU XF, HU SP, WANG ZG, WANG Z, NAO G. Function and composition stability of a composite microbial system GF-20 with efficient corn stalk decomposition under low temperature[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2016, 49(3): 443-454 (in Chinese).
- [11] ZHANG X, BORJIGIN Q, GAO JL, YU XF, HU SP, ZHANG BZ, HAN SC. Community succession and functional prediction of microbial consortium with straw degradation during subculture at low temperature[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 20163.
- [12] 张鑫. 寒旱区玉米秸秆低温降解复合菌系筛选及 M44 降解机理与应用效果[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学博士学位论文, 2022.
- ZHANG X. Screening on microbial consortium with straw degradation at low temperature in frigid region and decomposition mechanism and application effect of M44[D]. Hohhot: Doctoral Dissertation of Inner Mongolia Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [13] 田林双. 木质素降解相关酶类测定标准方法研究[J]. 畜牧与饲料科学, 2009, 30(10): 13-15.
- TIAN LS. Research on standard method for determining ligninolytic enzyme activity[J]. Animal Husbandry and Feed Science, 2009, 30(10): 13-15 (in Chinese).
- [14] 刘最, 何丽芳, 陈晓华, 滕涛, 李玉中. 纤维素降解菌的筛选、酶活及对稻草秸秆的降解研究[J]. 纤维素科学与技术, 2018, 26(2): 46-52.
- LIU Z, HE LF, CHEN XH, TENG T, LI YZ. Study on screening cellulose-degrading fungi and its enzyme activity and the effect on the degradation of rice straw[J]. Journal of Cellulose Science and Technology, 2018, 26(2): 46-52 (in Chinese).
- [15] 陈露露. 玉米秸秆降解菌的分离鉴定及其降解性能研究[D]. 哈尔滨: 黑龙江科技大学硕士学位论文, 2019.
- CHEN LL. Isolation and identification of corn straw degradation bacteria and its degradation properties[D]. Harbin: Master's Thesis of Heilongjiang University of Science and Technology, 2019 (in Chinese).
- [16] 于慧娟. 秸秆降解菌的筛选及耐旱性优化[D]. 郑州: 郑州大学硕士学位论文, 2019.
- YU HJ. The screening of straw degrading bacteria and optimization of drought tolerance[D]. Zhengzhou: Master's Thesis of Zhengzhou University, 2019 (in Chinese).
- [17] 台少华, 扈进冬, 位绍文, 洪波, 王希信, 孙友敏. 低温降解秸秆木霉菌的筛选、鉴定及功能评价[J]. 山东科学, 2023, 36(2): 50-58.
- TAI SH, HU JD, WEI SW, HONG B, WANG XX, SUN YM. Screening, identification, and functional evaluation of low temperature degradation of straw *Trichoderma*[J]. Shandong Science, 2023, 36(2): 50-58 (in Chinese).
- [18] 王一然, 康志超, 朱国鹏, 王洋, 其格其, 于洪文. 耐低温玉米秸秆降解菌群的优化及其效果[J]. 浙江农业学报, 2022, 34(12): 2720-2727.
- WANG YR, KANG ZC, ZHU GP, WANG Y, QI GQ, YU HW. Optimization of low temperature resistant corn stalk degrading bacterial community and its effect[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2022, 34(12): 2720-2727 (in Chinese).
- [19] 杨梦雅, 闫非凡, 闫美超, 王贺, 朴仁哲, 崔宗均,

- 赵洪颜. 低温木质纤维素分解复合菌系 PLC-8 对玉米秸秆的分解特性[J]. 中国农业科技导报, 2021, 23(1): 73-81.
- YANG MY, YAN FF, YAN MC, WANG H, PIAO RZ, CUI ZJ, ZHAO HY. Decomposition characteristics of corn stover by microbial consortium PLC-8 with lignocellulose-degradation at low temperature[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2021, 23(1): 73-81 (in Chinese).
- [20] 邢慧珍. 玉米秸秆低温降解菌的筛选及复合菌系构建[D]. 天津: 河北工业大学硕士学位论文, 2020.
- XING HZ. Screening of corn straw low-temperature degrading bacteria and construction of complex consortium[D]. Tianjin: Master's Thesis of Hebei University of Technology, 2020 (in Chinese).
- [21] STRAIGHT PD, KOLTER R. Interspecies chemical communication in bacterial development[J]. Annual Review of Microbiology, 2009, 63(1): 99-118.
- [22] 杜传娇. 水稻秸秆降解细菌的筛选、活性研究及 *Massilia cellulolytica* 多相分类鉴定[D]. 哈尔滨: 东北农业大学硕士学位论文, 2022.
- DU CJ. Screening and activity study of rice straw degrading bacteria and multiphase classification and identification of *Massilia cellulolytica*[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [23] WATZINGER A, FEICHTMAIR S, KITZLER B, ZEHETNER F, KLOSS S, WIMMER B, ZECHMEISTER-BOLTENSTERN S, SOJA G. Soil microbial communities responded to biochar application in temperate soils and slowly metabolized <sup>13</sup>C-labelled biochar as revealed by <sup>13</sup>C PLFA analyses: results from a short-term incubation and pot experiment[J]. European Journal of Soil Science, 2014, 65(1): 40-51.
- [24] TAN XY, LIAO HK, SHU LZ, YAO HY. Effect of different substrates on soil microbial community structure and the mechanisms of reductive soil disinfection[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 2851.
- [25] WU LP, MA H, ZHAO QL, ZHANG SR, WEI WL, DING XD. Changes in soil bacterial community and enzyme activity under five years straw returning in paddy soil[J]. European Journal of Soil Biology, 2020, 100: 103215.
- [26] ZUO XJ, GUO ZY, WU X, YU JH. Diversity and metabolism effects of microorganisms in bioretention systems with sand, soil and fly ash[J]. The Science of the Total Environment, 2019, 676: 447-454.
- [27] YANG C-, WANG T, GAO L-, YIN H-, LÜ X. Isolation, identification and characterization of lignin-degrading bacteria from Qinling, China[J]. Journal of Applied Microbiology, 2017, 123(6): 1447-1460.
- [28] 王志慧. 高寒地区油菜秸秆堆制过程微生物的变化及其降解效果研究[D]. 西宁: 青海大学硕士学位论文, 2022.
- WANG ZH. Study on the changes of microorganisms and its degradation effect in the process of rape straw stacking in alpine region[D]. Xining: Master's Thesis of Qinghai University, 2022 (in Chinese).
- [29] 赵听. 小麦秸秆降解复合菌群 FWD1 的构建、降解特性及其微生物群落组成研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文, 2015.
- ZHAO T. Construction, degradation characteristics and microbial community of the microbial consortium FWD1 with high degradation efficiency for wheat straw[D]. Yangling: Master's Thesis of Northwest A&F University, 2015 (in Chinese).
- [30] 王伟东, 崔宗均, 杨洪岩, 朴哲, 刘建斌, 吕育才. 高效稳定纤维素分解菌复合系 WSC-6 的稳定性[J]. 中国环境科学, 2005, 25(5): 567-571.
- WANG WD, CUI ZJ, YANG HY, PIAO Z, LIU JB, LU YC. Stability of a composite microbial system WSC-6 with efficient cellulose degrading[J]. China Environmental Science, 2005, 25(5): 567-571 (in Chinese).
- [31] 王彬浩, 吴愉萍, 陈彦博, 张方舟, 刘振宇, 张硕, 王先挺. 秸秆还田对土壤微生物功能基因和功能类群的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2024. <https://link.cnki.net/urlid/33.1247.S.20240110.1436.002>.
- WANG BH, WU YP, CHEN YB, ZHANG FZ, LIU ZY, ZHANG S, WANG XT. Effects of straw returning on functional genes and functional groups of soil microorganisms[J]. Journal of Zhejiang University (Agricultural and Life Sciences), 2024. <https://link.cnki.net/urlid/33.1247.S.20240110.1436.002> (in Chinese).
- [32] LÜ YC, LI N, GONG DC, WANG XF, CUI ZJ. The effect of temperature on the structure and function of a cellulose-degrading microbial community[J]. Applied

- Biochemistry and Biotechnology, 2012, 168(2): 219-233.
- [33] SARTORI T, TIBOLLA H, PRIGOL E, COLLA LM, COSTA JAV, BERTOLIN TE. Enzymatic saccharification of lignocellulosic residues by cellulases obtained from solid state fermentation using *Trichoderma viride*[J]. BioMed Research International, 2015, 2015: 342716.
- [34] 杨小丽. 秸秆降解菌的选育及复配研究[D]. 郑州: 郑州大学硕士学位论文, 2009.
- YANG XL. Research on the screening and combination of straw-degradation microorganism[D]. Zhengzhou: Master's Thesis of Zhengzhou University, 2009 (in Chinese).
- [35] 牛俊玲, 崔宗均, 李国学, 王伟东. 高效纤维素分解菌复合系的筛选构建及其对秸秆的分解特性[J]. 农业环境科学学报, 2005, 24(4): 795-799.
- NIU JL, CUI ZJ, LI GX, WANG WD. Selection and construction of composting consortia for degrading lignocellulose efficiently and its capability of straw degradation[J]. Journal of Agro-Environmental Science, 2005, 24(4): 795-799 (in Chinese).
- [36] BAI NL, ZHANG HL, ZHOU S, SUN HF, ZHAO YH, ZHENG XQ, LI SX, ZHANG JQ, LV WG. Long-term effects of straw return and straw-derived biochar amendment on bacterial communities in soil aggregates[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 7891.
- [37] ZHANG LG, QIU XY, HUANG L, XU JJ, WANG WW, LI Z, XU P, TANG HZ. Microbial degradation of multiple PAHs by a microbial consortium and its application on contaminated wastewater[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 419: 126524.
- [38] 明红霞, 陈泉睿, 史银银, 苏洁, 于颖, 樊景凤. 辽河口沉积物反硝化过程研究-以反硝化功能基因丰度及 nirK 型细菌群落结构分析为例[J]. 海洋学报, 2020, 42(12): 82-92.
- MING HX, CHEN QR, SHI YY, SU J, YU Y, FAN JF. Study on denitrification process of sediment in the Liaohe Estuary: analysis of the abundance of denitrification functional genes and the community structure of nirK-type bacteria[J]. Haiyang Xuebao, 2020, 42(12): 82-92 (in Chinese).