

# 耐低温水稻秸秆降解复合菌系筛选构建及田间降解效果研究

马巍<sup>1</sup>, 迟畅<sup>1\*</sup>, 李阳阳<sup>1</sup>, 范作伟<sup>1</sup>, 陈帅民<sup>1</sup>, 唐月异<sup>2</sup>, 许继平<sup>3</sup>, 穆楠<sup>1\*</sup>

(1. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心), 长春 130033; 2. 山东省农业科学院花生研究所, 山东 青岛 266100; 3. 吉林省东辽县安石镇综合服务中心, 吉林 东辽 136600)

**摘要:**为解决东北地区水稻秸秆在低温环境下降解效率低的问题,通过梯度稀释法、刚果红透明圈法、DNS酶活测定及失重率法筛选出高效菌株L3(枯草芽孢杆菌 *Bacillus subtilis*)和P8(酿酒酵母菌 *Saccharomyces cerevisiae*);以L3和P8为功能菌构建复合菌系,采用室内培养与田间试验相结合的方法,评估其对秸秆降解及土壤改良的效果。结果表明:菌株L3和P8在10℃条件下纤维素酶活性(CMC)分别为10.23 U/mL和9.45 U/mL,滤纸酶活性(FPA)分别达7.64 U/mL和10.96 U/mL,秸秆降解率为10.72%和7.28%;复合菌系b(L3:P8=1:2)室内实验中秸秆失重率达47.44%,较单菌处理提升34.85个百分点。田间试验结果表明,复合菌2%施用量显著促进秸秆降解,与对照相比,水稻成熟期降解率提升19.67个百分点,土壤有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量分别增加5.88%、1.76%、3.89%和1.65%,水稻苗期株高、鲜重及分蘖数增幅达15.20%~29.84%,产量增加5.18%。研究表明,复合菌系b可突破低温限制,高效降解秸秆、改良土壤并提升作物产量,为寒地农业可持续发展提供关键技术支撑。

**关键词:**低温;水稻秸秆;降解;复合菌系;土壤肥力

中图分类号:X71

文献标识码:A

文章编号:2096-5877(2025)04-0001-10

## Screening and Construction of Low-Temperature Microbial Consortia for Rice Straw Degradation and Field Performance Evaluation

MA Wei<sup>1</sup>, CHI Chang<sup>1\*</sup>, LI Yangyang<sup>1</sup>, FAN Zuwei<sup>1</sup>, CHEN Shuaimin<sup>1</sup>, TANG Yueyi<sup>2</sup>, XU Jiping<sup>3</sup>, MU Nan<sup>1\*</sup>

(1. Jilin Academy of Agricultural Sciences(Northeast Agricultural Research Center of China), Changchun 130033; 2. Peanut Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266100; 3. Anshi Town Comprehensive Service Center, Dongliao 136600, China)

**Abstract:** To address the bottleneck of low decomposition efficiency of rice straw in cold environments in northern China. Efficiency strains L3 (*Bacillus subtilis*) and P8 (*Saccharomyces cerevisiae*) were screened using gradient dilution, Congo red transparent circle method, DNS enzymatic activity assay, and weight loss rate analysis; A composite microbial system was constructed using L3 and P8 as functional strains. Through combined laboratory and field experiments, its effectiveness in straw degradation and soil improvement was evaluated. Results demonstrated that strains L3 and P8 exhibited outstanding performance, showing CMCase and FPA activities of 10.23 U/mL, 9.45 U/mL and 7.64 U/mL, 10.96 U/mL respectively, achieving degradation rates of 10.72% and 7.28% at 10°C. Among three constructed consortia, Consortium b (1:2) showed optimal degradation efficiency with 47.44% straw weight loss, representing 34.85 percentage-point improvement over single-strain treatments. The results of field experiments showed that the application rate of composite bacteria at 2% significantly promoted straw decomposition. The degradation rate of rice at maturity was 55.12%, an increase of 19.67 percentage points compared to the control. The content of soil organic matter, alkaline nitrogen, available phosphorus, and available potassium increased by 5.88%, 1.76%, 3.89%, and 1.65% respectively. The plant height, fresh weight, and tiller number of rice seedlings increased

收稿日期:2025-01-03

基金项目:国家重点研发计划项目(2023YFD15011024);吉林省重点研发项目(20220203104SF)

作者简介:马巍(1984-),男,助理研究员,从事农学研究。

通信作者:迟畅, E-mail: 280821300@qq.com

穆楠, E-mail: 17885008@qq.com

by 15.20%–29.84%, and the yield increased by 5.18%. This study demonstrated that composite microbial consortium b can overcome low-temperature limitations to efficiently decompose crop straw, improve soil quality and enhance crop yield, providing critical technological foundations for sustainable agricultural development in cold regions.

**Key words:** Low temperature; Rice straw; Degradation; Microbial consortia; Soil fertility

水稻是全球最重要的粮食作物之一,全球年种植面积超1.6亿 $\text{hm}^2$ ,秸秆年产量约6.7亿 $\text{t}^{[1]}$ 。我国作为水稻生产大国,秸秆年产生量超2亿 $\text{t}$ ,占全国农作物秸秆总量的20%以上<sup>[2]</sup>。传统水稻秸秆处理方式以露天焚烧或直接还田为主,不仅造成严重的资源浪费,还会加剧空气污染和温室效应<sup>[3]</sup>。虽然秸秆还田能够有效提升土壤有机质含量、改善土壤结构并促进农业可持续发展<sup>[4]</sup>。但我国北方地区长期处于低温环境,抑制了土壤微生物活性,导致秸秆降解速率下降至常温条件下的30%~50%,腐解周期延长至3~6个月<sup>[5]</sup>,严重制约了秸秆还田的时效性与后茬作物种植。因此,开发适应低温环境的菌株、功能互补型复合菌系成为解决这一难题的关键。

微生物降解是实现秸秆资源化的核心途径。研究表明,水稻秸秆主要由纤维素、半纤维素和木质素以及少量的结构蛋白和矿物质等组成<sup>[6]</sup>,其分解依赖于纤维素酶(如CMC酶、滤纸酶)与木质素过氧化物酶的协同作用。目前国内外学者已经从自然界中筛选出一些能够降解水稻秸秆的菌株,主要包括真菌、细菌、放线菌<sup>[7-8]</sup>。已经分离的真菌包括木霉属(*Trichoderma*)、曲霉属(*Aspergillus*)、青霉属(*Penicillium*)<sup>[9]</sup>、毛壳酶属(*Chaetomium*)等,细菌包括热酸菌(*Acidothermus*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、热解纤维菌(*Caldicellulosiruptor*)、假单胞菌(*Pseudomonas*)等<sup>[10]</sup>,放线菌主要有链霉菌属(*Streptomyces*)、高温放线菌属(*Thermoactinomyces*)、小单孢属(*Micromonospora*)和诺卡氏菌属(*Nocardia*)等<sup>[11]</sup>。现有研究多集中于中高温菌株的筛选,低温菌种的挖掘及其功能机制的研究仍显不足。例如,黄杆菌属(*Flavobacterium*)与假单胞菌属(*Pseudomonas*)虽被报道具有低温产酶能力,但单一菌株因代谢途径局限导致降解效率低下。此外,复合菌系构建多基于实验室模拟条件,对实际田间环境的适应性与稳定性仍有待验证。

基于以上背景,针对北方低温环境水稻秸秆腐解速率低的特点,通过低温条件下分离具有纤维素酶活等优良特性的耐低温菌株,将获得的低

温菌株进行复合构建高效降解复合菌系,通过田间试验评估该菌系在秸秆降解效率、土壤改良及作物生长促进等方面的综合效应,旨在为低温地区秸秆资源化利用提供理论依据与实践支撑,对发展绿色农业具有重要意义。

## 1 材料与方 法

### 1.1 菌种来源

吉林省舒兰市平安镇水稻田腐烂秸秆和土壤混合物,装于自封袋中,于4℃冰箱保存备用。

### 1.2 培养基

鉴别培养基采用CMC培养基和刚果红培养基,发酵和降解培养基采用PCS培养基<sup>[12]</sup>(含水稻秸秆5 $\text{g/L}$ ),菌种保存在PDA培养基和LB培养基,所有培养基均经121℃高温灭菌20 $\text{min}$ 。

### 1.3 试验方法

#### 1.3.1 菌株的分离、纯化

将采集到的样品用无菌水制成 $10^{-1}$ 、 $10^{-2}$ 、 $10^{-3}$ 、 $10^{-4}$ 、 $10^{-5}$ 稀释度的菌悬液,分别吸取稀释度为 $10^{-3}$ 、 $10^{-4}$ 、 $10^{-5}$ 的菌悬液均匀涂布于鉴别培养基,28℃培养1~7 $\text{d}$ ,分离得到的菌株分别在LB和PDA培养基中纯化并保存。

#### 1.3.2 低温纤维素降解菌株的初筛

通过不同温度10、20、30、40℃梯度下培养所分离的菌株,筛选出适宜在低温条件下生长的菌株。将得到的菌株接种在刚果红培养基上,采用透明圈法(D/d比值)初筛高效菌株。

#### 1.3.3 低温纤维素降解菌株的复筛

将初筛的菌株采用PCS培养基(水稻秸秆)继续在10℃下培养,第4天采用DNS法测定CMC酶活及滤纸酶活<sup>[13]</sup>,第15天测定秸秆失重率<sup>[14]</sup>。

#### 1.3.4 菌株的鉴定

通过16S rRNA(细菌)<sup>[15]</sup>和ITS序列(真菌)<sup>[16]</sup>比对,在GenBank数据库中寻找相似性最大菌株的基因序列,利用MEGA 11软件构建系统发育树。

#### 1.3.5 耐低温复合菌系构建、酶活及秸秆降解率测定

拮抗试验:将菌株两两交叉划线接种到CMC-Na固体培养基上,30℃恒温倒置培养2~3 $\text{d}$ ,若交叉

点处两种菌株生长较弱或不生长,说明两菌之间有拮抗作用;若交叉点处菌株生长均良好,则说明两菌之间无拮抗作用。

将筛选得到的菌株制备成  $10^9$  cfu/mL(细菌)或  $10^8$  cfu/mL(真菌)的种子液,构建3组复合菌系。取1 mL种子液至50 mL发酵培养基三角瓶中,于28 °C摇床中160 r/min培养3 d,收取菌液至50 mL离心管中,4 °C、4 000 r/min离心10 min。上清液即为粗酶液<sup>[17]</sup>。复合菌系酶活测定和对秸秆的降解效果的测定方法同1.3.3。

### 1.3.6 复合菌系田间应用效果试验

试验地位于舒兰市平安镇(东经127°04',北纬44°31'),年均降雨量为683 mm,相对湿度69%,年均蒸发量1 200~1 400 mm,年积温2 600 °C·d,年平均气温为4.3 °C,无霜期140 d。供试土壤为黑土,其基本理化性质为:pH 5.7、有机质22.12 g/kg、碱解氮136.05 mg/kg、有效磷23.15 mg/kg、速效钾116.36 mg/kg。

#### 1.3.6.1 秸秆还田施用复合菌系的田间效果试验

每小区面积100 m<sup>2</sup>,秸秆粉碎与复合菌混合翻耕还田。试验设置5个处理:①CK,无秸秆无菌剂常规种植;②秸秆直接还田;③秸秆+1‰复合菌;④秸秆+2‰复合菌;⑤秸秆+3‰复合菌。翻耕深度18~25 cm,水稻正常种植,各处理氮磷

钾肥用量相同。

#### 1.3.6.2 复合菌系田间秸秆降解效果试验

通过尼龙网袋法测定不同生育期降解率。将水稻秸秆粉碎成10 cm左右,称取30 g装入(25 cm×30 cm)尼龙网袋中,于注水时埋入水稻田,深度10~20 cm。每个秸秆还田处理中埋入12个尼龙袋。分别在不同生育期取样,每次3个重复。

#### 1.3.6.3 测定项目与方法

土壤理化性质采用常规分析方法;有机质含量采用重铬酸钾法测定,碱解氮含量采用碱解扩散法,速效磷含量采用钼锑抗比色法测定;速效钾含量采用火焰光度法测定<sup>[18]</sup>。

## 1.4 数据统计

使用SPSS 22.0进行数据统计、整理与分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 低温纤维素降解菌的筛选

根据不同的形态与颜色挑选出单菌落,通过划线、分离、纯化后共获得14个具有纤维素降解功能的菌株。由表1可知,通过在不同温度条件下培养,初步筛选出可在10 °C低温生长的菌株4株,其中,两株真菌分别为L3、L5,两株细菌分别为P4、P8。由表2可知,刚果红培养基透明圈与菌落直径比值(D/d):L3>P8>L5>P4,其中L3和P8

表1 不同温度下菌株生长情况  
Table 1 Bacterial growth at different temperatures

菌株编号 Strain No.	温度/°C Temperature			
	10	20	30	40
L1	-	+	+	+
L2	-	+	+	+
L3	+	+	+	+
L4	-	+	+	+
L5	+	+	+	+
L6	-	+	+	+
P1	-	+	+	+
P2	-	+	+	+
P3	-	+	+	+
P4	+	+	+	+
P5	-	+	+	+
P6	-	+	+	+
P7	-	+	+	+
P8	+	+	+	+

注:“+”为能生长;“-”为不能生长。

Note: + indicates growth positive; - indicates growth negative.

表2 纤维素降解菌株透明圈与菌落直径比值(D/d)

Table 2 Ratio of clear zone diameter to colony diameter for cellulose-degrading strains

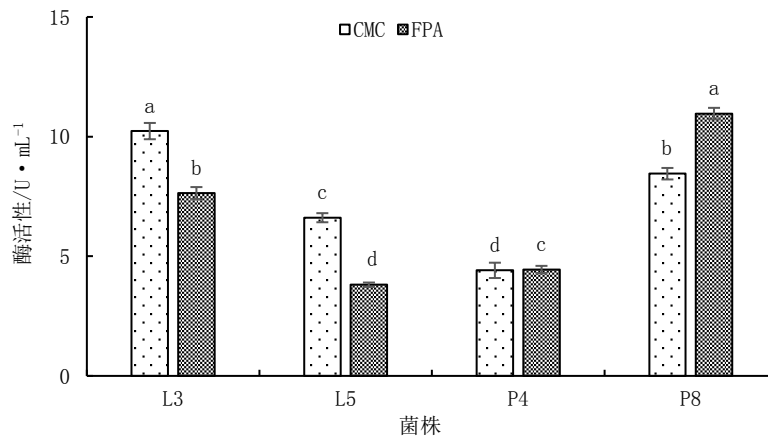
菌株编号 Strain No.	菌落直径 d/cm Colony diameter	透明圈直径 D/cm Clear zone diameter	D/d Ratio
L3	0.59±0.02	1.87±0.05	3.17±0.13
L5	0.63±0.05	1.41±0.21	2.24±0.51
P4	0.79±0.03	1.71±0.15	2.16±0.24
P8	0.76±0.12	2.32±0.19	3.12±0.71

表现突出,其D/d比值分别达3.17和3.12。

## 2.2 菌株酶活性及秸秆降解效果

对L3、L5、P4、P8共4株筛选菌株进行CMC酶活性和FPA酶活性测定(图1),结果表明,CMC酶

活性分别为10.23、6.61、4.41、9.45 U/mL, FPA酶活性分别为7.64、3.81、4.45、10.96 U/mL,其中L3和P8有较好的纤维素分解能力。



注:不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ ),下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences ( $P < 0.05$ ), the same below.

图1 菌株纤维素酶活性和滤纸酶活性

Fig. 1 Cellulase and filter paper activities of bacterial strains

由图2可知,在秸秆降解培养基中,各菌株随温度的升高秸秆降解加快。说明随着温度的升高,菌株的活性越好,菌株L3对水稻秸秆降解效

果最好,10℃时降解率为10.72%,20℃时降解率为21.96%,30℃时降解率为30.14%,40℃时降解率达32.63%。菌株P8也有较好的降解效果,

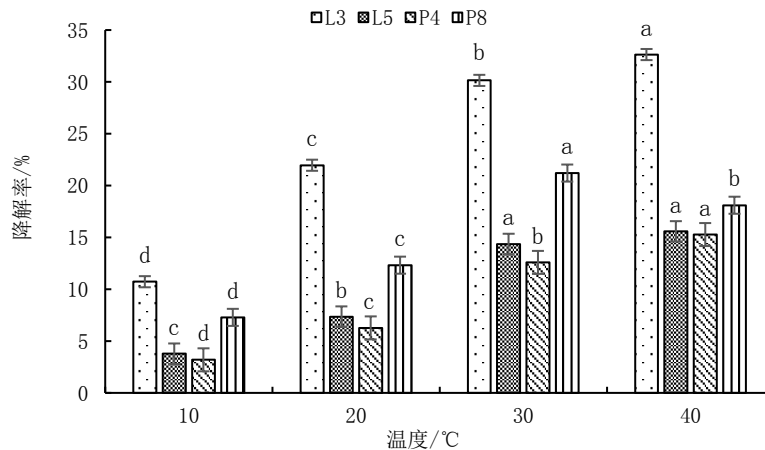


图2 菌株不同温度秸秆降解率

Fig. 2 Straw degradation rates of bacterial strains at different temperatures

10 °C 时降解率为 7.28%, 20 °C 时降解率为 12.32%, 30 °C 时降解率为 21.20%, 40 °C 时降解率达 18.1%, 菌株 L5 和 P4 降解效果一般, 10 °C 时降解率分别为 3.78% 和 3.19%。40 °C 时降解率分别为 15.52% 和 15.27%。

### 2.3 菌株鉴定

菌株 L3 为细菌, 菌落规则, 边缘整齐, 淡黄

色, 表面干燥。菌株 P8 为真菌, 菌落呈乳白色, 圆形, 边缘整齐, 表面光滑, 湿润, 易挑起。通过对菌株 L3、P8 测序得到的序列在 GenBank 中进行 Blast 比对, 菌株 L3 登陆号 PV460603、P8 登陆号 PV460722。鉴定这两株低温菌分别为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)和酿酒酵母菌(*Saccharomyces cerevisiae*), 并构建系统发育树(图 3)。

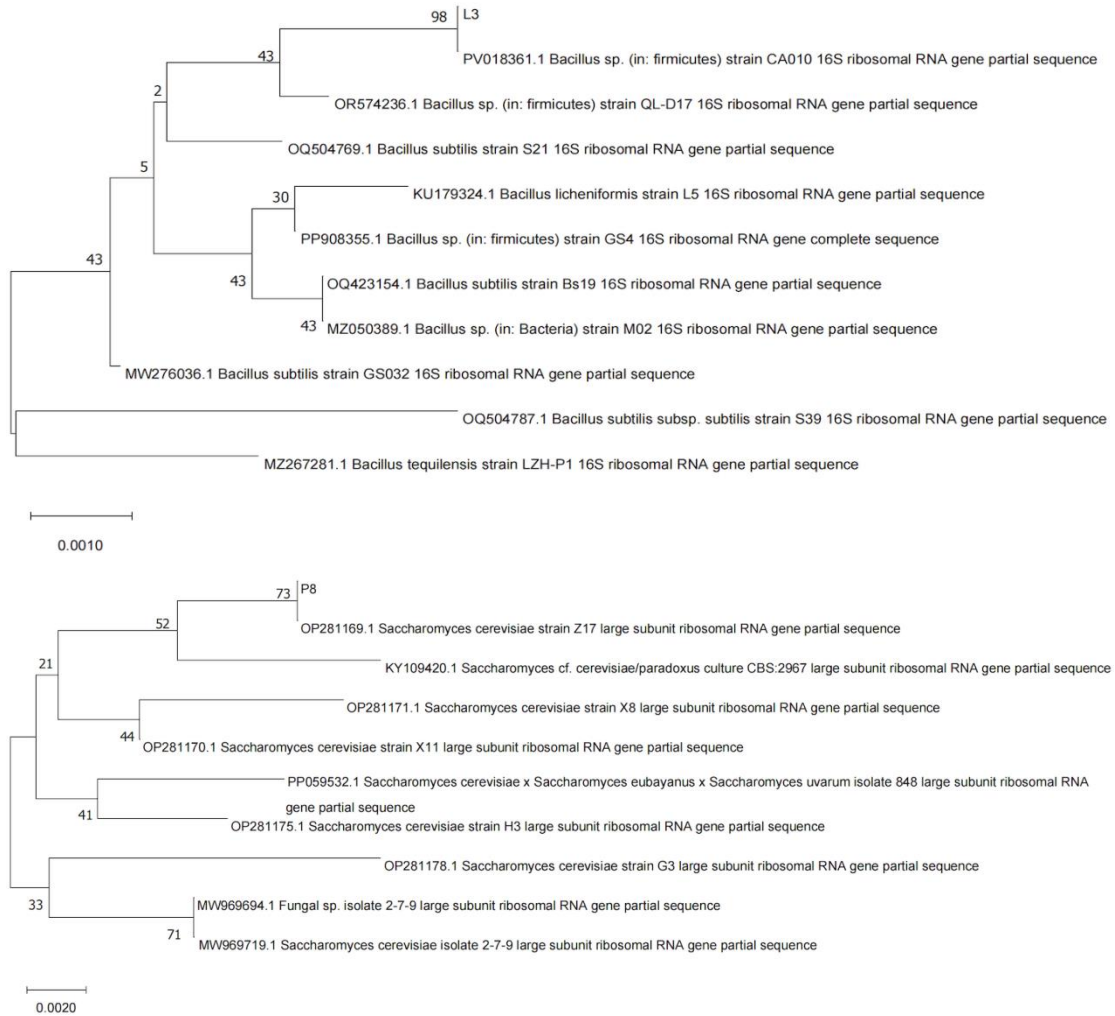


图 3 L3 和 P8 系统发育树

Fig. 3 The phylogenetic tree of strains L3 and P8

### 2.4 复合菌系构建

根据筛选得到 4 个菌株的 CMC 和 FPA 酶活性对秸秆的降解效果和拮抗作用(图 4), 将效果较好的 L3、P8 菌株按体积比构建 3 组复合菌系。分别为菌系 a(1:1)、菌系 b(1:2)、菌系 c(2:1)。3 组复合菌系纤维素酶活性(CMC)和滤纸酶活性(FPA)有较大的差异(图 5), 复合菌系 b 表现出较高的 CMC 酶活性(33.92 U/mL)和 FPA 酶活性(25.63 U/mL); 复合菌系 c 次之, CMC 酶活性为 31.88 U/mL、FPA 酶活性为 16.61 U/mL。水稻秸秆也表现出不同的降解效果, 复合菌系 a、b、c 的秸

秆降解率分别为 32.82%、47.44%、37.39%, 复合菌系 b(1:2)降解效果最优, 秸秆失重率较单菌处理提高 34.85 个百分点(图 6)。

### 2.5 水稻秸秆还田施用复合菌系的秸秆降解效果

复合菌在整个生育期水稻秸秆降解率随着时间而升高, 随着施用量的增加而增高(图 7), 复合菌的施用加速启动了秸秆降解效率。秸秆直接还田的各生育期降解率分别为 7.54%、31.82%、38.45%、42.82%, 与对照相比提高 2.29、11.68、10.48、7.37 百分点, 施用复合菌 1‰ 与对照相比提高 7.17、15.31、17.57、13.64 百分点, 施用复合菌



图4 菌株拮抗效果

Fig. 4 Antagonistic effects of bacterial strains

2‰降解率比对照提高10.87、20.42、20.26、19.67个百分点,复合菌2‰和1‰降解率差异明显,与复合菌3‰之间差异不明显。因此,施用量2‰在经济效益与降解效果之间达到最佳平衡。

### 2.6 水稻秸秆还田施用复合菌系土壤微生物群落及养分含量差异

随着复合菌施用量的增加,微生物群落的多样性也显著增加(表3)。香农-威纳指数(Shannon-Wiener)从3.52增至4.37,说明物种多样性丰富。土壤中的有机质含量从22.12 g/kg增加到23.48 g/kg,提高6.15%,碱解氮、有效磷、速效钾的含量也分别有所提升,分别提高2.18%、4.45%、2.05%。这反映了微生物活动对土壤养分的积极影响。

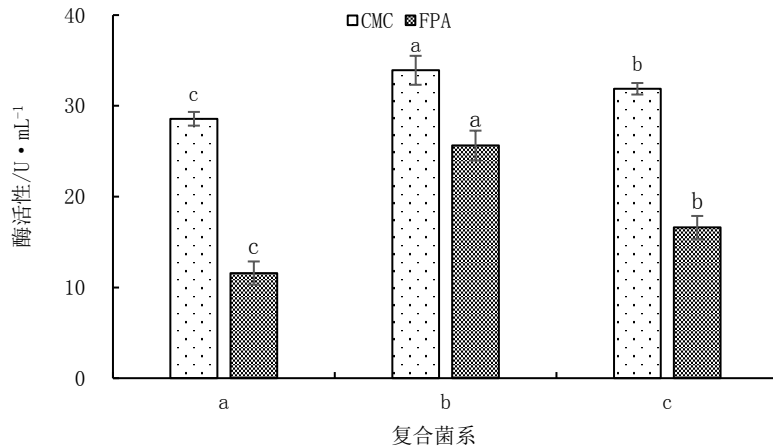


图5 复合菌系酶活测定

Fig. 5 Enzyme activities of the compound bacterial consortium

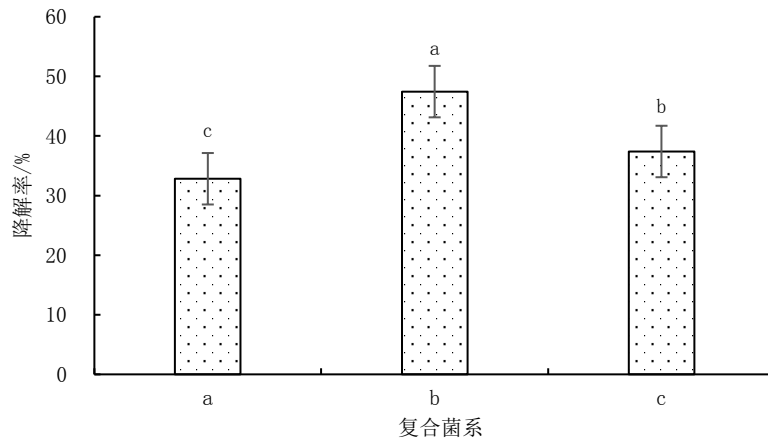


图6 复合菌系秸秆降解率

Fig. 6 Straw degradation rate by the compound bacterial consortium

### 2.7 秸秆还田施用复合菌系对水稻性状及产量的影响

复合菌的施用使水稻苗期生长正常,没有出现发黄发蔫症状(图8~图10)。与对照相比,复合菌不同施用量水稻苗期株高分别提高4.42%、9.79%、15.20%、17.50%,鲜重提高1.62%、5.95%、23.78%、24.14%(地上

鲜重),7.05%、13.46%、23.72%、29.49%(地下鲜重),分蘖数提高4.51%、17.46%、29.84%、34.09%。

从表4可以看出,秸秆不还田、秸秆还田及施用复合菌对水稻产量产生不同的影响,随着复合菌的增加,产量也随之增加。施用1‰复合菌比对照增产4.24%,施用2‰复合菌比对照增产

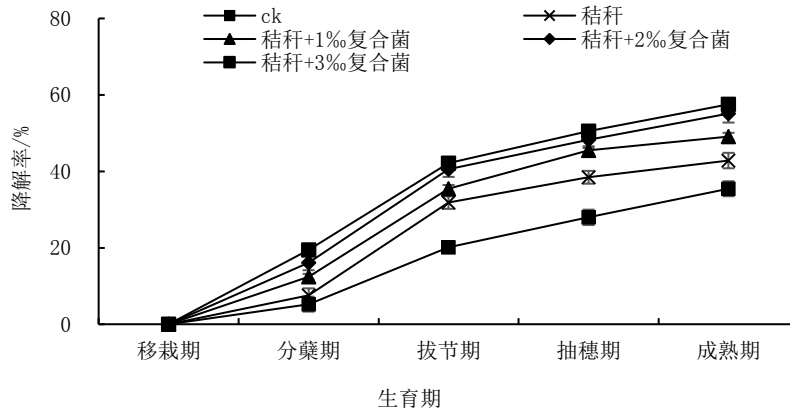


图7 复合菌不同施用量生育期秸秆降解率差异

Fig.7 Straw degradation rates at different growth stages under varied inoculum levels of the compound consortium

表3 土壤微生物群落及养分变化

Table 3 Changes in soil microbial community and nutrient composition

处理 Treatment	香农-威纳指数 Shannon-Wiener	有机质/g.kg <sup>-1</sup> Organic matter	碱解氮/mg.kg <sup>-1</sup> Alkali hydrolyzed N	有效磷/mg.kg <sup>-1</sup> Available P	速效钾/mg.kg <sup>-1</sup> Available K
CK	3.52±0.13c	22.12±0.55b	136.05±0.55c	23.15±0.63b	116.36±0.56c
0‰	3.84±0.14bc	22.21±0.41b	136.6±0.72b	23.34±0.57b	116.97±0.68c
1‰	4.03±0.11b	22.36±0.58b	137.12±0.62bc	23.62±0.85a	117.50±0.74bc
2‰	4.25±0.12ab	23.42±0.49a	138.45±0.67ab	24.05±0.58ab	118.28±0.62b
3‰	4.37±0.10a	23.48±0.34ab	139.01±0.45a	24.18±0.42ab	118.74±0.83a

注:不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ ),下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences( $P<0.05$ ), the same below.

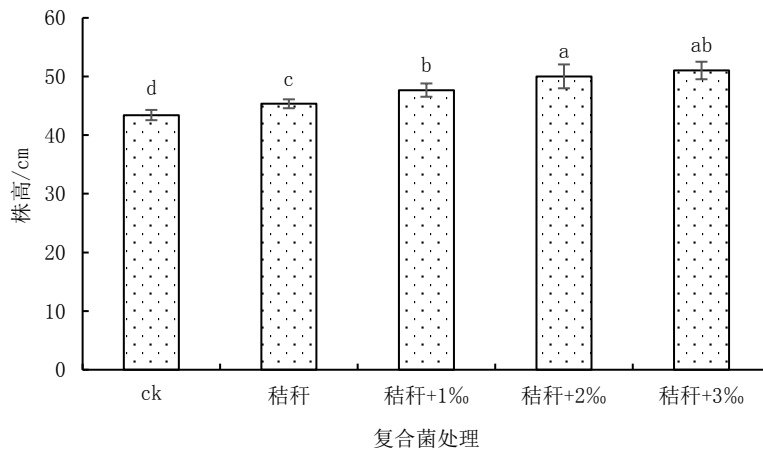


图8 复合菌不同施用量水稻苗期株高差异

Fig. 8 Rice seedling height under varied inoculum levels of the compound consortium

5.18%,施用3‰复合菌比对照增产5.64%。

### 3 讨论与结论

纤维素复合菌具有安全高效的特性,是秸秆资源化处理方式之一。杨娜等<sup>[19]</sup>从自然发酵堆肥中筛

选得到1株高效降解纤维素的菌株SC2,其滤纸酶活、内切葡聚糖酶活分别为17.70、58.97 U/mL,对玉米秸秆的降解率达到33.07%。刘晓飞等<sup>[20]</sup>从寒地黑土中分离到1株链霉菌,滤纸酶活为11.94 U/mL,这些常温下筛选得到的菌株具有较好的纤维素酶

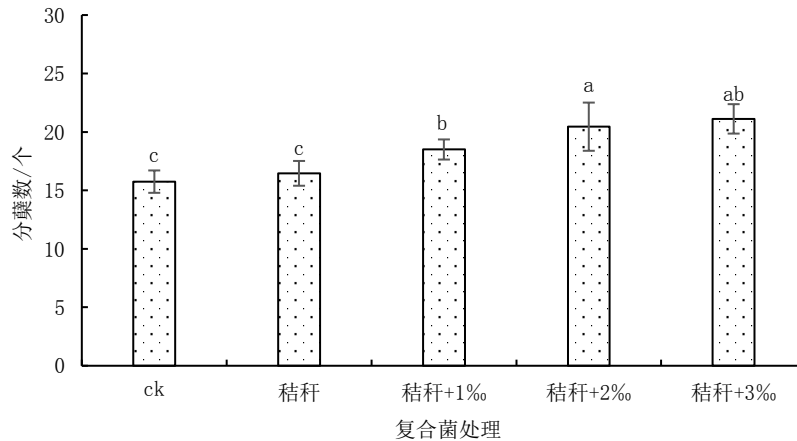


图9 复合菌不同施用量水稻苗期分蘖数差异

Fig. 9 Tillering number of rice seedlings under varied inoculum levels

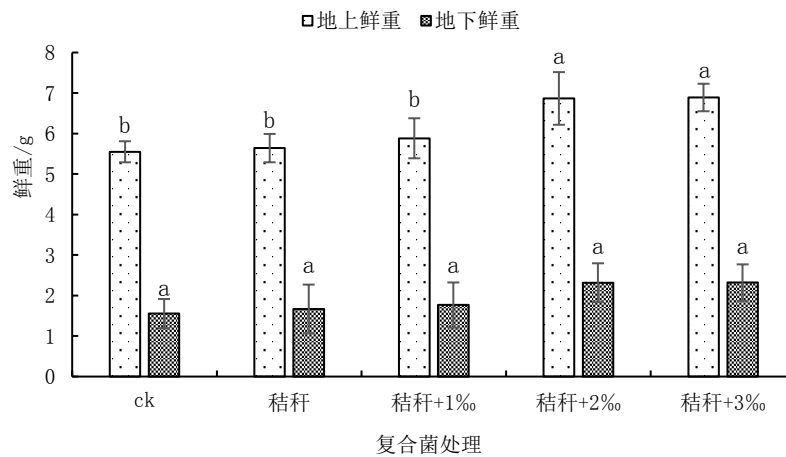


图10 复合菌不同施用量水稻苗期鲜重差异

Fig. 10 Fresh weight of rice seedlings under varied inoculum levels

表4 复合菌不同施用量对水稻产量的影响

Table 4 Effects of inoculum levels of the compound consortium on rice yield

处理 Treatment	有效穗数/ $\times 10^4 \cdot \text{hm}^{-2}$ Effective panicles	穗粒数/个 Kernels per spike	结实率/% Seed setting rate	千粒重/g 1 000-grain weight	产量/ $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ Yield
CK	381.79 $\pm$ 15.74a	117.92 $\pm$ 5.83b	89.36 $\pm$ 0.35b	25.76 $\pm$ 0.45b	10 425.05 $\pm$ 85.69c
0‰	385.31 $\pm$ 29.63a	118.43 $\pm$ 6.10a	89.65 $\pm$ 1.04ab	26.02 $\pm$ 0.93ab	10 708.79 $\pm$ 102.23b
1‰	386.19 $\pm$ 31.60a	118.61 $\pm$ 5.06a	89.81 $\pm$ 0.74ab	26.26 $\pm$ 1.23a	10 867.57 $\pm$ 117.74ab
2‰	385.47 $\pm$ 24.97a	118.71 $\pm$ 5.39a	90.03 $\pm$ 0.87a	26.39 $\pm$ 0.69ab	10 965.41 $\pm$ 113.92a
3‰	385.55 $\pm$ 21.92a	118.74 $\pm$ 5.14a	90.05 $\pm$ 0.65ab	26.42 $\pm$ 0.46a	11 013.06 $\pm$ 146.49a

活性,然而北方地区低温环境持续时间较长,低温纤维素分解菌将有更广的适用范围<sup>[21]</sup>。路焱等<sup>[21]</sup>在10℃低温筛选出8株单菌株,其中纤维素酶活性最高达到47.0 U/mL。王继莲等<sup>[22]</sup>分离的枯草芽孢杆菌在10℃时CMCase酶活达16.18 U/mL。HE等<sup>[23]</sup>报道枯草芽孢杆菌K1在10℃下具有降解活性,但未验证其极端低温环境的酶活稳定性。相比之下,本研究通过梯度稀释法从水稻田腐烂

秸秆中分离获得14株纤维素降解菌,经低温(10℃)适应性筛选,最终获得4株高效菌株L3、L5、P4、P8。其中L3(枯草芽孢杆菌)与P8(酿酒酵母菌)表现尤为突出,其透明圈直径与菌落直径比值(D/d)分别达到3.17和3.12,在10℃条件下CMC酶活性仍保持10.23 U/mL和9.45 U/mL,不仅验证了前人结论,更实现了关键突破。L3在持续低温胁迫下表现出更优的酶活稳定性进一步佐

证了芽孢杆菌属的极端低温适应性。P8作为低温活性酵母首次量化了10℃下酵母菌的降解性能,填补了MIAO等<sup>[24]</sup>研究的空白。

低温纤维素降解菌的协同机制研究已有一定积累。陈昭等<sup>[25]</sup>获得1株15℃下降解纤维素的细菌,其CMC酶活最高为398.2 U/mL,对跨界菌株的低温协同机制仍缺乏系统性验证。本研究通过拮抗试验排除菌株互斥性,首次构建芽孢杆菌-酵母菌跨界协同低温降解体系,酵母菌通过分泌短链脂肪酸等胞外代谢产物,有效诱导芽孢杆菌*celA*基因表达上调,两种菌株代谢互补形成完整的微生态循环。构建了L3和P8复合菌系(1:2),其CMC酶活性(33.92 U/mL)与滤纸酶活性(25.63 U/mL)较单菌体系分别提高1.8倍和2.3倍,秸秆降解率达47.44%,较单菌处理提升34.85百分点,突破了现有研究单菌降解的局限。

秸秆还田配施菌剂可提升土壤养分与微生物多样性。班允赫等<sup>[26]</sup>利用高通量测序技术对水稻秸秆中、低温降解菌系进行比较分析,得出不同秸秆降解菌系Shannon指数在2.04~3.23,低温菌系对秸秆的降解率为37.95%~43.67%。周阳等<sup>[27]</sup>研究的秸秆还田结合沼液灌溉的全量替代化肥处理表明,土壤质量和细菌丰富度和多样性即使在短期施用条件下也有明显提高。本试验微生物多样性分析显示,复合菌的施用使土壤香农指数从3.52显著提升至4.37( $P<0.05$ ),纤维素降解菌的相对丰度增加3.8倍,这种微扩增规律与前人研究结果相同。复合菌系b(L3:P8=1:2)室内试验中秸秆降解率达47.44%,田间水稻成熟期降解率与对照相比,提升19.67百分点,土壤有机质<sup>[28-29]</sup>、碱解氮、有效磷和速效钾含量分别提高5.88%、1.76%、3.89%和1.65%,产量增加5.18%。表明复合菌的施用加速了秸秆腐解,使其释放的速效氮精准满足分蘖期营养需求,微生物分泌的植物生长调节物质优化了植株生理状态,改良的土壤物理结构促进了根系发育与养分吸收。这些发现与李阳阳等<sup>[4]</sup>研究结论形成互补,共同构建了“微生物-土壤-作物”协同作用的完整认知框架。

#### 参考文献:

- [1] FAO. FAO Strategy on climate change 2022-2031[M]. Rome: FAO, 2022: 1-47.
- [2] 国家统计局. 中国统计年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2023: 27-31.  
National Bureau of Statistics. China statistical yearbook[M]. Beijing: China Statistics Press, 2023: 27-31. (in Chinese)
- [3] 吴小红, 申振涛, 隋欣颖, 等. 一种低温腐解水稻秸秆的耐冷复合菌剂及其应用[P]. 中国专利: CN202411060276.9, 2024-11-15.  
WU X H, SHEN Z T, SUI X Y, et al. A cold-resistant composite microbial agent for low-temperature decomposition of rice straw and its applications[P]. China CN: CN202411060276.9, 2024-11-15. (in Chinese)
- [4] 李阳阳, 陈帅民, 范作伟, 等. 水稻秸秆降解复合菌系的筛选构建及其田间应用效果[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(12): 2083-2093.  
LI Y Y, CHEN S M, FAN Z W, et al. Construction and screening of complex microbial system for efficient degradation of rice straw and their application effects under field condition[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2021, 27(12): 2083-2093. (in Chinese)
- [5] 张鑫, 青格尔, 高聚林, 等. 玉米秸秆低温降解复合菌的筛选及其菌种组成[J]. 农业环境科学学报, 2021, 40(7): 1565-1574.  
ZHANG X, QINGGEER, GAO J L, et al. Screening and composition of the microbial consortium with corn straw decomposition under low temperature[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021, 40(7): 1565-1574. (in Chinese)
- [6] 毕于运. 秸秆资源评价与利用研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2010.  
BI Y Y. Research on the evaluation and utilization of straw resources[D]. Beijing: China Agricultural Academy of Sciences, 2010. (in Chinese)
- [7] 张蕴琦, 徐凤花, 张书敏, 等. 水稻秸秆降解菌系的筛选及其菌群组成分析[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(8): 257-260.  
ZHANG Y Q, XU F H, ZHANG S M, et al. Screening of rice straw degrading microbial consortia and analysis of community composition[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2017, 45(8): 257-260. (in Chinese)
- [8] 黄勤楼, 钟珍梅, 黄秀声, 等. 纤维素降解菌的筛选及在狼尾草青贮中使用效果评价[J]. 草业学报, 2016, 25(4): 197-203.  
HUANG Q L, ZHONG Z M, HUANG X S, et al. Screening of cellulose-degrading bacteria and evaluation of silage performance of pennisetum[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2016, 25(4): 197-203. (in Chinese)
- [9] 赵丹, 徐希媛, 徐志辉, 等. 耐低温纤维素降解微生物的研究进展[J]. 土壤, 2024, 56(5): 928-937.  
ZHAO D, XU X Y, XU Z H, et al. Research progresses in low-temperature resistant cellulose degrading microorganisms[J]. Soils, 2024, 56(5): 928-937. (in Chinese)
- [10] 许从峰, 艾士奇, 申贵男, 等. 木质纤维素的微生物降解[J]. 生物工程学报, 2019, 35(11): 2081-2091.  
XU C F, AI S Q, SHEN G N, et al. Microbial degradation of lignocellulose[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2019, 35(11): 2081-2091. (in Chinese)
- [11] 徐杰. 水稻秸秆降解放线菌的分离鉴定及其降解机理研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2011.  
XU J. Isolation and identification of rice straw-biodegrading actinomycetes and its degradation mechanism[D]. Harbin: Harbin

- Institute of Technology, 2011. (in Chinese)
- [12] 宋亚彬, 戚桂娜, 邓伟, 等. 中温木质纤维素降解复合菌系 BYND-8 的筛选及培养条件优化[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2008, 20(6): 62-67.  
SONG Y B, QI G N, DENG W, et al. Microbial community capable of lignocellulose degradation under moderate temperature and optimization of cultural conditions[J]. Journal of Heilongjiang August First Land Reclamation University, 2008, 20(6): 62-67. (in Chinese)
- [13] 魏亚琴, 邵建宁, 麻和平, 等. 纤维素酶产生菌的选育研究和形态鉴定[J]. 中国酿造, 2010(12): 133-136.  
WEI Y Q, SHAO J N, MA H P, et al. Screening and morphology identification of high cellulose producing strains[J]. China Brewing, 2010(12): 133-136. (in Chinese)
- [14] 崔鸿亮, 刘长莉, 李春雅, 等. 微生物菌群协同提高水稻秸秆转化机制的解析[J]. 微生物学报, 2021, 61(9): 2791-2805.  
CUI H L, LIU C L, LI C Y, et al. Analysis of the mechanism by which microbial consortia synergistically enhance the conversion of rice straw[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(9): 2791-2805. (in Chinese)
- [15] 孟建宇, 冀锦华, 郭慧琴, 等. 常温纤维素降解细菌的筛选及其复合系的构建[J]. 生物学杂志, 2020, 37(3): 86-90.  
MENG J Y, JI J H, GUO H Q, et al. Isolation of room temperature cellulose-degrading bacteria and construction of degrading consortia[J]. Journal of Biology, 2020, 37(3): 86-90. (in Chinese)
- [16] 江高飞, 杨天杰, 郑海平, 等. 降解玉米秸秆真菌复合菌系的构建及其降解效果评价[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(2): 284-292.  
JIANG G F, YANG T J, ZHENG H P, et al. Construction and evaluation of fungal consortia effect on maize straw degradation [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2021, 27(2): 284-292. (in Chinese)
- [17] 黄玉兰, 李征, 刘晓宁, 等. 一株耐低温纤维素酶高产菌株的筛选、鉴定和产酶的初步试验[J]. 微生物学通报, 2010, 37(5): 637-644.  
HUANG Y L, LI Z, LIU X N, et al. Screening and identification of a cold-adapted cellulase-producing bacteria[J]. Microbiology China, 2010, 37(5): 637-644. (in Chinese)
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 35-56.  
LU R K. Soil agricultural chemical analysis methods[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 35-56. (in Chinese)
- [19] 杨娜, 何鑫, 杜春梅. 一株纤维素降解菌的筛选与鉴定[J]. 中国农学通报, 2021, 37(17): 26-31.  
YANG N, HE X, DU C M, et al. Screening and identification of a cellulose degrading strain[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2021, 37(17): 26-31. (in Chinese)
- [20] 刘晓飞, 宋洁, 马京求, 等. 产纤维素酶放线菌的筛选鉴定及其对玉米秸秆的降解[J]. 精细化工, 2020, 37(8): 1657-1664, 1671.  
LIU X F, SONG J, MA J Q, et al. Screening and identification of a cellulase-producing actinomycete and its degradation of corn straw[J]. Fine Chemicals, 2020, 37(8): 1657-1664, 1671. (in Chinese)
- [21] 路垚, 刘雅辉, 孙建平, 等. 耐低温降解纤维素菌株的筛选及复合菌系构建[J]. 安徽农业科学, 2022, 50(10): 6-10, 27.  
LU Y, LIU Y H, SUN J P, et al. Screening of low-temperature cellulose degradation strains and construction of complex microbial system[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2022, 50(10): 6-10, 27. (in Chinese)
- [22] 王继莲, 陈芸, 李明源, 等. 产低温纤维素酶菌株的分离鉴定及产酶特征研究[J]. 江西农业大学学报, 2019, 41(2): 356-364.  
WANG J L, CHEN Y, LI M Y, et al. Screening, identification of a cold-active cellulase strain and characterization of its cellulose production[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2019, 41(2): 356-364. (in Chinese)
- [23] HE Z, DING B, ALL Q, et al. Screening and isolation of cold-adapted cellulose degrading bacterium: A candidate for straw degradation and de novo genome sequencing analysis[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 13: 1098723.
- [24] MIAO Y Z, WANG W, XU H H, et al. A novel decomposer-exploiter interaction framework of plant residue microbial decomposition[J]. Genome Biology, 2025, 26: 20.
- [25] 陈昭, 王敬红, 邓常宇, 等. 低温纤维素降解细菌 *Duganella* sp. 的分离及降解能力解析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(6): 2158-2169.  
CHEN Z, WANG J H, DENG C Y, et al. Isolation of a *duganella* sp. of degrading cellulose bacterium at low temperatures and analysis of its degradation capacity[J]. Microbiology China, 2024, 51(6): 2158-2169. (in Chinese)
- [26] 班允赫, 李旭, 李新宇, 等. 利用高通量测序技术对水稻秸秆中、低温降解菌系的比较分析[J]. 微生物学杂志, 2020, 40(5): 7-17.  
BAN Y H, LI X, LI X Y, et al. Comparative analysis of rice straw-decomposing mesophilic and cryogenic microbial consortia using high-throughput sequencing technology[J]. Journal of Microbiology, 2020, 40(5): 7-17. (in Chinese)
- [27] 周阳, 黄旭, 赵海燕, 等. 麦秸秆和沼液配施对水稻苗期生长和土壤微生物的调控[J]. 土壤学报, 2020, 57(2): 479-489.  
ZHOU Y, HUANG X, ZHAO H Y, et al. Regulation of wheat straw and biogas slurry application on rice seedling growth and soil microorganism[J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, 57(2): 479-489. (in Chinese)
- [28] 王斯文, 柏程翰, 吉林爽, 等. 秸秆还田条件下水分调控对水稻生长发育和稻田生态系统的影响研究[J]. 东北农业科学, 2024, 49(6): 1-6.  
WANG S W, BAI C H, JI L S, et al. A review of the effects of water regulation under straw returning to fields on rice growth, yield and field ecosystem[J]. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2024, 49(6): 1-6. (in Chinese)
- [29] 鲍泽然, 那永光, 宋冬明, 等. 不同栽培措施对水稻产量、根系形态和土壤理化性质的影响研究[J]. 东北农业科学, 2025, 50(3): 19-25.  
BAO Z R, NA Y G, SONG D M, et al. Study on the effects of different cultivation measures on rice yield, root morphology, and soil physicochemical properties[J]. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2025, 50(3): 19-25. (in Chinese)

(责任编辑: 王 昱)