

李维华,温博婷,任济伟,赵洪颜,袁旭峰,刘长莉,崔宗均.一组可抗抗生素干扰的木质纤维素分解菌复合系ADC-6的筛选[J].环境科学学报,2014,34(1):121-128

一组可抗抗生素干扰的木质纤维素分解菌复合系ADC-6的筛选

Screening of a group of antibiotics resistance interference lignocellulosic decomposition microbial consortium ADC-6

关键词: [复合系](#) [木质纤维素分解菌](#) [抗生素降解](#) [堆肥](#)

基金项目: [公益性行业\(农业\)科研专项\(No.201303080\)](#); [国家高技术研究发展\(863\)计划\(No.2012AA101803\)](#)

作者 单位

李维华 1. 东北林业大学 生命科学学院, 哈尔滨 150040; 2. 中国农业大学 农学与生物技术学院/中国农业大学生物质工程中心, 北京 100193

温博婷 中国农业大学 农学与生物技术学院/中国农业大学生物质工程中心, 北京 100193

任济伟 中国农业大学 农学与生物技术学院/中国农业大学生物质工程中心, 北京 100193

赵洪颜 延边大学农学院, 延吉 133400

袁旭峰 中国农业大学 农学与生物技术学院/中国农业大学生物质工程中心, 北京 100193

刘长莉 东北林业大学 生命科学学院, 哈尔滨 150040

崔宗均 中国农业大学 农学与生物技术学院/中国农业大学生物质工程中心, 北京 100193

摘要: 以高温期堆肥样为菌源, 在含 $0.025 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ 四环素的培养基内以秸秆作为唯一碳源, 经多代驯化筛选到一组能够分解木质纤维素和抗生素的ADC-6复合系. 该复合系能够在6 d内分解四环素 0.0194 mg , 在14 d内使秸秆减重32%. ADC-6纤维素内切酶酶活、半纤维素酶活、总纤维素酶活在第4 d、2 d和2 d达到最大值分别为 $15.85 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$ 、 $62.97 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$ 和 $15.56 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$. 用变性梯度凝胶电泳检测驯化过程中菌种的动态变化, 并用克隆文库对稳定阶段的菌种多样性分析, 发现该菌群中含 *Bacteroidetes*、*Sphingobacteriales*、*Bacillaceae*、*Clostridiales*和*Proteobacteria*等5个属的微生物, 其中, *Clostridiales*对木质纤维素的转化能力较强, 很可能是菌群中分解木质纤维素的关键菌, 而*Bacteroidetes*很可能是分解抗生素的关键菌.

Abstract: A new microbial consortium ADC-6 was constructed in medium with $0.025 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ tetracycline and straw as the sole carbon source from high temperature stage compost. After many generations of domestication and screening, ADC-6 can degrade the lignocellulose and antibiotics steadily. The microbial consortium ADC-6 could degrade the tetracycline 0.0194 mg within 6 days, and 32% of straw within 14 days. The peak values of CMCase activity, hemicellulase activity and the Filter Paper activity of ADC-6 reached $15.85 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$, $62.97 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$ and $15.56 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$ at 4 d, 2 d and 2 d, respectively. Denatured gradient gel electrophoresis was used to domesticate the dynamic change of ADC-6 during the degradation, and clone library was used to analyze the microbial diversity. It was found that the consortium contained the *Bacteroidetes*, *Sphingobacteriales*, *Bacillaceae*, *Clostridiales* and *Proteobacteria*. *Clostridiales* had strong ability to degrade lignocellulose, and might be the key bacteria in ADC-6. *Bacteroidetes* was probably the key bacteria for antibiotics degradation.

Key words: [microbial consortium](#) [Lignocellulose degradation](#) [antibiotic degradation](#) [compost](#)

摘要点击次数: 56 全文下载次数: 122

[关闭](#)[下载PDF阅读器](#)

您是第4057179位访问者

主办单位：中国科学院生态环境研究中心

单位地址：北京市海淀区双清路18号 邮编：100085

服务热线：010-62941073 传真：010-62941073 Email: hjkxxb@rcees.ac.cn

本系统由北京勤云科技发展有限公司设计