

# 不同菌株固态发酵玉米秸秆生产饲料蛋白的比较研究

李日强<sup>1</sup>, 张 峰<sup>2</sup>

(1. 山西大学环境科学系, 山西 太原 030006; 2. 山西大学生命科学系, 山西 太原 030006)

**摘要:** 利用 24 株能够降解纤维素和木质素的菌种对玉米秸秆粉进行了单菌株发酵、多菌株组合发酵以及不同氮源发酵生产饲料蛋白的比较研究。结果表明: 24 株单菌株发酵中 F-21 的发酵产物真蛋白含量最高(平均为 7.64%); 以 F-5、F-17、F-21 和 F-24 组成的多菌株发酵体系, 经 3d 发酵后, 发酵产物粗蛋白含量由 2.80% 提高到 10.07%, 比原料本身的粗蛋白含量高 259.6%; 粗纤维含量由 38.17% 降低到 36.07%; 氨基酸总量由 2.1% 增加到 5.7%, 比原料本身高 171.4%, 且氨基酸种类齐全; 尿素和  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  的添加量与发酵产物真蛋白含量的关系呈抛物线, 对相同添加量以尿素效果较好, 而在尿素中, 2% 的添加量为最好。聚类分析将 24 株单菌株发酵后真蛋白含量和对照分为 4 组, 其中  $G_3\{F-1, F-21\}$  发酵效果最好,  $G_1\{F-3, F-5, F-6, F-7, F-8, F-12, F-13, F-15, F-17, F-19, F-20, F-22\}$  次之,  $G_2\{F-2, F-4, F-9, F-10, F-11, F-14, F-18, F-23, F-24\}$  较差,  $G_4\{\text{对照}, F-16\}$  最差。试验结果表明, 由 F-5、F-17、F-21 和 F-24 组成的多菌株发酵体系为发酵秸秆生产饲料蛋白的优良菌株。

**关键词:** 玉米秸秆; 固态发酵; 饲料蛋白

## Study on the solid-state fermentation of waste straw to produce feeding-protein by using some fungal strains

LI Ri-Qiang<sup>1</sup>, ZHANG Feng<sup>2</sup> (1. Department of Environmental Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 2. Department of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21(9): 1512~1518

**Abstract:** In order to increase nutritional value and decrease environmental pollution of corn straw, 24 fungal strains those could decompose cellulose and lignin were selected to carry out solid-state fermentation (SSF) of corn straw. The SSF was conducted by inoculation of either the single-strain or different combinations of the multiple-strains. All the SSF experiments were designed in a completely randomized way and each treatment was triplicated. The experimental results were treated with variance analysis, Duncan's multiple range test, regression and clustering analysis by SPSS software.

For inoculum preparation, the activated 24 strains were respectively cultured in Erlenmeyer flask containing liquid seed medium at 28 °C and 135 rpm for 2 days. In the single-strain SSF experiment, each strain was inoculated into SSF medium with a 20% inoculation ratio. In the control culture, none of 24 strains was inoculated. After inoculation, the culture medium were moistened with 3 times of water (w/w) and cultured statically at 30 °C for 3 days. Then the samples were collected from each culture product and dried at 60 °C to constant weight. The protein content in each sample was determined according to GB6432-86. The results showed that the differences in protein contents of fermentation products of 24 strains were statistically significant ( $P < 0.01$ ). Among the 24 strains, F-21 was the more effective strain and gave the highest protein content of 7.64%. Based on the protein contents, the 24 strains and control were divided into 4 dif-

基金项目: 山西省环境保护局资助项目

收稿日期: 2000-06-22 修订日期: 2001-04-27

作者简介: 李日强 (1961~), 男, 山西浑源县人, 讲师。主要从事环境微生物的教学与科研工作。

万方数据

ferent groups,among which their protein contents orders of fermentation products were: $G_3\{F-1,F-21\}>G_1\{F-3,F-5,F-6,F-7,F-8,F-12,F-13,F-15,F-17,F-19,F-20,F-22\}>G_2\{F-2,F-4,F-9,F-10,F-11,F-14,F-18,F-23,F-24\}>G_4\{\text{control},F-16\}$ .

In the multiple-strains SSF experiment,6 different inoculum combinations were adopted. Each combination was consisted of 4 different strains based on the abilities of these strains in single-strain SSF experiment,either in increasing protein content of fermentation product,or in decomposing cellulose and lignin,or in cooperating with yeast well. The 6 treatments were I:F-6,F-17,F-23,F-24,II:F-1,F-17,F-22,F-24;III:F-1,F-17,F-23,F-24;IV:F-6,F-8,F-17,F-24;V:F-5,F-17,F-23,F-24;VI:F-5,F-17,F-21,F-24. Under the same inoculation ratio and other experimental conditions as that in the single-strain experiment,the differences in protein contents of the fermentation products of 6 treatments were statistically significant ( $P<0.01$ ). Treatment VI had the highest protein content of 9.11%. It showed that the multiple-strains inoculum was better than the best single-strain F-21.

In order to further increase protein content of the multiple-strains fermentation product,urea and  $(NH_4)_2SO_4$  in different doses of 1.5%,2%,2.5%,3% and 3.5% were respectively added into the basic SSF medium consisting of 90% corn straw and 10% wheat bran. The result showed that urea was better nitrogen resource. Its optimum dose was 2%.

According to above results and considering cost and practical application,we selected 2% urea dose as the supplementary nitrogen resource to the basic SSF medium consisting of 90% corn straw and 10% wheat bran. In this medium SSF treatment by using the multiple-strains inoculum combination VI consisting of *Penicillium* sp.,*Torula allii*,*Chaetomium atrosporum* and *Geotrichum candidum* could increase crude protein content by 259.6%,pure protein content by 336.1%,total amino acids content by 171.4%,compared with the non-fermented medium,whereas crude cellulose content was decreased from 38.17% before fermentation to 36.07% after fermentation.

**Key words:**corn straw;solid-state fermentation;feeding-protein  
文章编号:1000-0933(2001)09-1512-07 中图分类号:Q93 文献标识码:A

地球上最丰富的多糖物质是纤维素<sup>[1]</sup>,其中秸秆占很大比例。我国的纤维素资源极为丰富,每年秸秆产量达  $5.7\times 10^8$ t,占世界秸秆总产量的 20%~30%,然而用作饲料的不足 10%<sup>[2]</sup>,大部分被农民用作燃料,这不仅没有发挥秸秆优势,造成很大浪费,而且污染环境。另外秸秆直接用于养殖业效率极低,不仅粗纤维含量高,而且蛋白质和矿物质含量低,畜禽消化率低,适口性差。这在很大程度上限制了秸秆的利用<sup>[3]</sup>,因此如何处理秸秆提高其使用价值已引起许多研究者的兴趣。

目前,对纤维素的降解利用主要采用生物手段,即利用纤维素分解菌或其生产的酶来降解纤维素,菌株的选育工作就显得尤为重要。本研究从选用的能够降解纤维素和木质素的单菌株进行固态发酵后,选出优良菌株进行复合菌株固态发酵试验,以比较它们的发酵效果,选出最佳组合菌株。此外,还添加尿素和  $(NH_4)_2SO_4$  以考察它们对产物蛋白含量的影响,为提高秸秆的综合利用效率,降低对环境的污染提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 原料

- (1)玉米秸秆 太原市小店区北张村大田玉米秸秆(以下简称秸秆)粉碎到 60 目。
- (2)麸皮 太原黄陵乡。

1.2 菌种

F-1~F-4 为实验室分离菌株,F-15~F-24 为外购菌株(见表 1)。

表 1 实验所用菌株  
Table 1 Strains used in the study

菌株号	种 名	菌株号	种 名
Strain number	Species	Strain number	Species
F-1	<i>Trichoderma</i> sp. 木霉	F-13	<i>Aspergillus</i> sp. 曲霉
F-2	<i>Rhizopus nigricans</i> 黑根霉	F-14	<i>Trichoderma</i> sp. 木霉
F-3	<i>Lentinus edodes</i> 香菇	F-15	<i>Memnoniella echinata</i> 刺黑乌霉
F-4	<i>Agaricus bisporus</i> 双孢蘑菇	F-16	<i>Stachybotrys atra</i> 黑色葡萄穗霉
F-5	<i>Penicillium</i> sp. 青霉	F-17	<i>Torula allii</i> 葱色串孢
F-6	<i>Aspergillus</i> sp. 曲霉	F-18	<i>Myrothecium melanosporum</i> 黑球漆斑菌
F-7	<i>Pleurotus ostreatus</i> 糙皮侧耳	F-19	<i>Chaetomium dolichotrichum</i> 长刺毛壳
F-8	<i>Aspergillus</i> sp. 曲霉	F-20	<i>Gonytrichum macrocladium</i> 巨枝腾梗孢
F-9	<i>Aspergillus</i> sp. 曲霉	F-21	<i>Chaetomium atosporum</i> 暗孢毛壳
F-10	<i>Volvariella volvacea</i> 草菇	F-22	<i>Trichoderma viride</i> 绿色木霉
F-11	<i>Rhizopus</i> sp. 根霉	F-23	<i>Candida tropicalis</i> 热带假丝酵母
F-12	<i>Penicillium</i> sp. 青霉	F-24	<i>Geotrichum candidum</i> 白地霉

1.3 培养基

- (1)斜面培养基 采用马铃薯培养基<sup>[4]</sup>。
- (2)液态种子培养基 将 200g 去皮马铃薯切块,加水 1000ml 煮沸 30min,然后用纱布过滤,再加入 20g 蔗糖,溶化后补充水至 1000ml,自然 pH,每 80ml 分装到 250ml 三角瓶中,再加入 1%的秸秆粉,1.05kg/cm<sup>2</sup> 灭菌 20min。
- (3)固态发酵培养基 秸秆粉 90%,麸皮 10%,尿素 2%,混匀,自然 pH,1.05kg/cm<sup>2</sup> 灭菌 20min。

1.4 分析方法

- (1)真蛋白的测定 依照 GB6432-86<sup>[5]</sup>进行。
- 样品处理<sup>[6]</sup> 取样品 1g(干重)加 30ml 75%的乙醇提取 1h,充分搅拌后,于 4000rpm 下离心 10min,弃去上清液,沉淀于 60℃下干燥至恒重,而后进行蛋白测定。
- (2)粗纤维的测定 按照 GB6434-86<sup>[5]</sup>进行。
- (3)粗脂肪的测定 按照 GB6433-86<sup>[5]</sup>进行。
- (4)氨基酸的测定 用氨基酸自动分析仪测定。
- (5)粗蛋白的测定 按照 GB6432-86<sup>[5]</sup>进行。

1.5 尿素和(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量

尿素和(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>的添加量分别为 1.5%、2%、2.5%、3%和 3.5%。

1.6 实验设计与统计分析

本实验采用完全随机化设计,每个处理重复 3 次。实验结果应用 SPSS 软件<sup>[7]</sup>进行方差分析、Duncan 多重比较、回归分析和聚类分析。

2 结果与讨论

2.1 单菌株固态发酵试验

将所选用的 24 株菌活化,分别接种到 250ml 装有液态种子培养基的三角瓶中,28℃振荡(135r/min)培养 2d,分别以 20%的接种量接种于固态发酵培养基中,加入 1:3 (W/W)的水,30℃静止发酵培养 3d,60℃下烘干,进行真蛋白测定,结果见表 2。

由表 3 可见,不同菌株发酵后的产物中真蛋白含量差异极显著( $p<0.01$ )。Duncan 的多重比较表明,F-1、F-5、F-13 和 F-21 与其余菌株相比差异皆为极显著,其中 F-21 的发酵产物真蛋白含量最高(平均为 7.64%)。

表 2 单菌株和对照发酵试验结果

Table 2 The results of corn straw fermented by 24 strains and control

菌株 Strains	发酵产物真蛋白含量(%) The protein contents in corn straw after fermentation			菌株 Strains	发酵产物真蛋白含量(%) The protein contents in corn straw after fermentation		
对照 CK	2.89	2.85	2.90	F-13	6.80	6.90	6.85
F-1	7.20	7.18	7.19	F-14	5.61	5.70	5.73
F-2	5.48	5.55	5.53	F-15	6.07	6.38	6.36
F-3	6.14	6.28	6.30	F-16	3.00	3.05	2.98
F-4	5.40	5.72	5.68	F-17	6.13	6.28	6.28
F-5	6.42	6.68	6.70	F-18	5.35	5.25	5.33
F-6	6.48	6.21	6.36	F-19	6.30	6.41	6.34
F-7	6.03	6.30	6.26	F-20	6.27	6.42	6.36
F-8	6.31	6.01	6.10	F-21	7.54	7.70	7.68
F-9	4.80	5.01	4.98	F-22	6.15	6.38	6.37
F-10	5.20	5.10	5.24	F-23	5.01	4.99	5.15
F-11	5.50	5.58	5.45	F-24	5.62	5.76	5.78
F-12	6.03	5.90	6.01				

注:纯秸秆粉真蛋白含量为 2.05%。

表 3 不同菌株发酵所产生的真蛋白含量的方差分析

Table 3 Analysis of variance for the protein contents in corn straw after fermentation

变差来源 Resources	平方和 Sum of squares between groups	Df	均方 Means	F
菌株间 Between strains	83.083	24	3.462	293.405**
误差 Error	0.590	50	0.0118	
总项 Total	83.673	74		

\*\*  $p < 0.01$ , 下同。

应用平均联结法<sup>[7]</sup>对 24 株单菌株发酵后真蛋白含量和对照进行聚类分析,将其分为 4 组(图 1),结果如下;G<sub>1</sub>: F-3,F-5,F-6,F-7,F-8,F-12,F-13,F-15,F-17,F-19,F-20,F-22;G<sub>2</sub>: F-2,F-4,F-9,F-10,F-11,F-14,F-18,F-23,F-24;G<sub>3</sub>: F-1,F-21;G<sub>4</sub>: 对照,F-16。G<sub>1</sub> 的共同特征是发酵后的真蛋白含量较高,平均为 5.98%~6.85%;G<sub>2</sub> 的共同特征是发酵后的真蛋白含量较低,平均为 4.93%~5.72%;G<sub>3</sub> 的共同特征是发酵后的真蛋白含量最高,平均为 7.19%~7.64%;G<sub>4</sub> 的共同特征是发酵后的真蛋白含量最低,平均为 2.88%~3.01%。

## 2.2 多菌株组合固态发酵试验

从单菌株发酵试验的结果可见,单菌株对秸秆蛋白质有一定的提高。为了使微生物更充分利用秸秆中的碳源,并充分将氮源转化为菌体蛋白质,提高秸秆的蛋白含量,将在单菌株发酵试验中选出的对发酵后秸秆真蛋白含量提高较高的菌株,并考虑到分解纤维素的菌株、分解木质

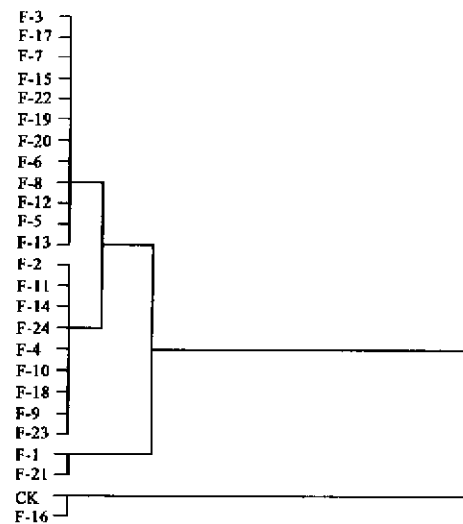


图 1 24 株菌株和对照的聚类树状图

Fig. 1 The dendrogram for 24 strains and control produced by average-group method

形成 6 个新的处理,分别为:Ⅰ: F-6,F-17,F-23,F-24;Ⅱ: F-1,F-17,F-22,F-24;Ⅲ: F-1,F-17,F-23,F-24;Ⅳ: F-6,F-8,F-17,F-24;Ⅴ: F-5,F-17,F-23,F-24;Ⅵ: F-5,F-17,F-21,F-24。每一处理以总量为 20%的接种量接种于固态发酵培养基中,加入 1:3(W/W)的水,30℃

静止发酵培养 3d,在 60℃下烘干,测定真蛋白含量,结果见表 4。

由表 5 的方差分析结果可见,6 个处理之间差异极显著( $p<0.01$ )。Duncan 的多重比较表明,处理 VI (F-5,F-17,F-21 和 F-24 组合)与其余处理相比差异皆为极显著,发酵产物真蛋白含量最高(平均为 9.11%)。这说明不同菌株之间既有协同作用,也有拮抗作用。在组合菌株时,应充分考虑到不同菌株间有无协同作用。如菌株间有协同作用,组合菌株混合发酵提高蛋白质含量的程度必定高于单菌株发酵,这是因为多菌株间的协同作用更能充分利用秸秆的氮源、碳源使蛋白质含量明显提高。处理 VI 的产物真蛋白含量最高,表明 F-5,F-17,F-21 和 F-24 之间存在正的协同效应,同时发酵菌采用了青霉,不会像木霉那样产生木霉毒素<sup>[8]</sup>。

表 4 多菌株组合发酵试验结果

Table 4 The results of corn straw fermented by the combination of multiple-strains

处理	菌株组合	发酵产物真蛋白含量(%)		
Treatments	Combinations	The protein contents in corn straw after fermentation		
1	F-6,F-17,F-23,F-24	5.72	5.62	5.70
2	F-1,F-17,F-22,F-24	6.13	6.35	6.42
3	F-1,F-17,F-23,F-24	5.98	6.51	6.44
4	F-6,F-8,F-17,F-24	6.23	5.80	6.06
5	F-5,F-17,F-23,F-24	7.60	7.70	7.38
6	F-5,F-17,F-21,F-24	9.01	9.08	9.24

表 5 不同菌株组合发酵所产生的真蛋白含量的方差分析

Table 5 Analysis of variance for the protein contents in corn straw fermented by the combination of multiple-strains

变差来源	平方和	<i>Df</i>	均方	<i>F</i>
Resources	Sum of squares between groups		Means	
处理间 Between treatment	24.735	5	4.947	151.286* *
误差 Error	0.392	12	0.0027	
总项 Total	25.127	17		

2.3 不同氮源及用量固态发酵试验

2.3.1 尿素用量对真蛋白的影响 将最优组合的 4 菌株(F-5,F-17,F-21 和 F-24)分别接种在 250ml 装有液态种子培养基的三角瓶中,在 28℃下,转速为 135r/min,振荡培养 2d,以秸秆(90%)和麸皮(10%)为底物,分别加入 1.5%、2%、2.5%、3%和 3.5%的尿素,作为 5 种固态发酵培养基,将培养好的上述 4 株菌液以总量为 20%的接种量接种在这 5 种培养基中,加入 1:3(W/W)的水,30℃静止发酵培养 3d,在 60℃左右烘干进行真蛋白测定,结果见表 6。

表 6 尿素和(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量对发酵产物真蛋白的影响(%)

Table 6 The effects of several dose urea and (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> on the protein contents in fermented products

剂量(%)Doses	1.5	2	2.5	3	3.5
尿素 Urea	6.58	8.70	8.60	8.60	8.50
	6.40	8.81	8.65	8.52	8.65
	6.46	8.83	8.58	8.56	8.59
	5.70	7.10	7.81	7.35	7.30
(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	5.78	6.95	7.89	7.59	7.56
万方数据	5.80	7.13	8.00	7.50	7.31

表 7 不同尿素和(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量对发酵产物真蛋白影响的方差分析

Table 7 Analysis of variance for the protein contents in corn straw added some urea and (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> after fermentation

氮 源	离差平方和	df	误差平方和	df	F
Nitrogen resource	Sum of squares between groups		Error		
尿素 Urea	7.893	4	0.044	10	448.409**
(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	7.992	4	0.115	10	173.439**

由表 7 可知,不同尿素含量对真蛋白的影响差异极显著( $p<0.01$ )。  
尿素(X)与真蛋白含量(Y)的回归方程为:

$$Y=-2.032+8.106X-1.502X^2(r=0.906,p<0.01)$$

(1)

由方程(1)可以看出,随着尿素添加量的增加,发酵产物中真蛋白含量的变化呈抛物线型。当尿素添加量为 2.0%,真蛋白含量最高(平均值为 8.78%),此时铵态氮的生物转化量为饱和状态。以后,随着尿素添加量的增加,真蛋白含量逐步降低,可能与高浓度尿素的抑菌作用有关。

2.3.2 (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量对真蛋白的影响 以秸秆粉(90%)和麸皮(10%)为底物,分别加入 1.5%,2%,2.5%,3%,3.5%的(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>,作为 5 种固态发酵培养基。接种培养方法同上,烘干后进行真蛋白测定,结果见表 6。

由表 7 可以看出,不同(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>的添加量对真蛋白提高影响差异极显著。  
(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>(X)与真蛋白含量(Y)的回归方程为:

$$Y=-1.874+7.057X-1.295X^2(r=0.966,p<0.01)$$

(2)

方程(2)表明,随着(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量的增加,发酵产物中真蛋白含量的变化呈抛物线型。当(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量为 2.5%,真蛋白含量最高(平均值为 7.90%),此时铵态氮的生物转化量为饱和状态。以后,随着(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>添加量的增加,真蛋白含量逐步降低,可能与高浓度(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>的抑菌作用有关。

2.3.3 不同氮源对比分析 对相同添加量的尿素和(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>发酵后产物的真蛋白含量进行 *t*-检验,结果表明;加入尿素对秸秆真蛋白含量的提高效果比加入(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>的要好( $p<0.01$ )。而在尿素中,2%的添加量为最好。

2.4 发酵产物营养成分分析

依据上述实验,同时考虑到成本和实际应用,以秸秆 90%、麸皮 10%、尿素 2%为固态发酵培养基,以总量为 20%的接种量接种 F-5、F-17、F-21 和 F-24 于固态发酵培养基中,加入 1:3(W/W)的水,自然 pH,30℃静止发酵培养 3d,在 60℃下烘干,测定发酵产物的粗蛋白、真蛋白、粗纤维、粗脂肪(表 8)和氨基酸的含量(表 9)。

表 8 秸秆发酵前与发酵后的粗蛋白、真蛋白、粗纤维和粗脂肪含量(平均数%)

Table 8 The contents of crude protein, protein, crude cellulose and crude fat incorn straw fermented by the combination of F-5、F-17、F-21and F-24 strains(means)

项目	发酵前	发酵后	增加(%)
Item	Before fermentation	After fermentation	Increment
粗蛋白 Crude protein	2.80	10.07	259.6
真蛋白 Protein	2.05	8.94	336.1
粗纤维 Crude cellulose	38.17	36.07	-5.5
粗脂肪 Crude fat	0.94	0.80	-14.9

从表 8 的发酵数据看出,秸秆发酵后粗蛋白和真蛋白分别比发酵前高了 259.6%和 336.1%,而粗纤维和粗脂肪分别下降了 5.5%和 14.9%。更进一步的 *t*-检验表明,经过发酵后的秸秆粗蛋白和真蛋白含量有

了显著提高( $p<0.01$ ),而粗纤维和粗脂肪则变化不明显( $p>0.05$ )。发酵产物粗纤维降低幅度较小,可能与发酵时间短和原料未经预处理有关,这有待进一步深入研究。

表 9  秸秆发酵前与发酵后的氨基酸含量(平均数(%))

Table 9  The contents of amino acid in corn straw fermented by the combination of F-5,F-17,F-21and F-24(means(%))

氨基酸 Amino acid	发酵前 Before fermentation	发酵后 After fermentation	增加(%) Increment	氨基酸 Amino acid	发酵前 Before fermentation	发酵后 After fermentation	增加(%) Increment
天冬氨酸 Asp	0.20	0.45	125.0	亮氨酸 Leu	0.09	0.17	88.9
苏氨酸 Thr	0.09	0.25	177.8	赖氨酸 Lys	0.08	0.29	262.5
谷氨酸 Glu	0.33	0.58	75.8	苯丙氨酸 Phe	0.04	0.12	200.0
甘氨酸 Gly	0.12	0.29	141.6	酪氨酸 Tyr	0.04	0.06	50.0
丙氨酸 Ala	0.11	0.21	90.9	组氨酸 His	0.01	0.05	400.0
胱氨酸 Cys	0.03	0.02	−33.3	精氨酸 Arg	0.34	2.27	567.6
缬氨酸 Val	0.14	0.29	107.1	脯氨酸 Pro	0.32	0.32	0.0
蛋氨酸 Met	0.01	0.03	200.0	丝氨酸 Ser	0.09	0.16	77.8
异亮氨酸 Ile	0.06	0.14	133.3	氨基酸总量	2.10	5.70	171.4
				Total amino acids			

秸秆发酵前与发酵后的氨基酸含量数据的  $t$ -检验表明,发酵后的秸秆中除胱氨酸、谷氨酸、酪氨酸和脯氨酸外,其余 13 种氨基酸和氨基酸总量都有显著提高( $p<0.01$ )。这充分说明,玉米秸秆经微生物发酵能有效地将部分木质素和纤维素等转化为营养物质,这将大大提高玉米秸秆的综合利用效率,从而扩大畜牧业的饲料来源,减轻玉米秸秆对环境的污染程度。

3  小结

24 株菌单菌株发酵效果中 F-21 的发酵产物真蛋白含量最高(平均为 7.64%)。而 F-5、F-17、F-21 和 F-24 组合比其它菌株的组合效果要显著的多( $p<0.01$ ),原料在未经预处理的状态下经 3d 发酵后,发酵产物粗蛋白含量由 2.80% 提高到 10.07%,比原料本身的粗蛋白含量高 259.6%;粗纤维含量由 38.17% 降低到 36.07%;氨基酸总量由 2.10% 提高到 5.70%,比原料本身高 171.4%,且氨基酸种类齐全。

聚类分析将 24 株单菌株发酵后真蛋白含量和对照分为 4 组,其中  $G_3\{F-1,F-21\}$  发酵效果最好, $G_1\{F-3,F-5,F-6,F-7,F-8,F-12,F-13,F-15,F-17,F-19,F-20,F-22\}$  次之, $G_2\{F-2,F-4,F-9,F-10,F-11,F-14,F-18,F-23,F-24\}$  较差, $G_4\{\text{对照},F-16\}$  最差。 $G_1$  的共同特征是发酵后的真蛋白含量较高,平均为 5.98%~6.85%; $G_2$  的共同特征是发酵后的真蛋白含量较低,平均为 4.93%~5.72%; $G_3$  的共同特征是发酵后的真蛋白含量最高,平均为 7.19%~7.64%; $G_4$  的共同特征是发酵后的真蛋白含量最低,平均为 2.88%~3.01%。

尿素和  $(NH_4)_2SO_4$  的添加量与发酵产物的真蛋白含量的关系呈抛物线,且以尿素效果较好。当尿素添加量为 2% 时,发酵产物的真蛋白含量最高。

参考文献

[1] Rosanne M. Measurement of saccharification by cellulases. *Enzyme Microb. Technol.*, 1985, 7:586.  
[2] 曹玉凤,李  英,刘荣昌,等. 生物技术在处理农作物秸秆饲料中的应用. 饲料研究,1999,(1):25~26.  
[3] 邢廷铤. 农作物秸秆三级饲料化利用技术的概念和应用. 粮食与饲料工业,1999,(1):31~32.  
[4] 范秀容,李广武,沈  萍. 微生物学实验,第二版. 北京:高等教育出版社,1989. 262.  
[5] 中国饲料工业办公室编. 饲料标准资料汇编(1). 北京:中国标准出版社,1991,254~285.  
[6] 王建华,梁金钟,王  宇,等. 利用酒糟固态发酵多维多酶高赖氨酸饲料的研究. 酿酒,1999,(2):  93~99.  
[7] SPSS for Windows 9.0. SPSS Inc. 1998.  
[8] 曹军卫,陈漱  . 利用紫外线对纤维素酶产生菌黑曲霉原生质体进行诱变的研究. 武汉大学学报(自然科学版),1987,(4):  100~104.