

文章编号: 0254-0096(2018)02-0285-07

# *Streptomyces griseorubens* C-5 对堆肥木质纤维素降解及微生物群落代谢的影响

徐 杰, 许修宏

(东北农业大学资源与环境学院, 哈尔滨 150030)

**摘 要:** 为促进堆肥中木质纤维素降解,并了解其中微生物群落代谢功能多样性,主要采用 Biolog-ECO 平板法,研究添加灰略红链霉菌(*Streptomyces griseorubens*)C-5 对堆肥中木质纤维素降解及微生物群落代谢能力的影响。结果显示:堆肥结束时,接菌处理的堆肥中木质素、纤维素和半纤维素的降解率分别比对照组(自然堆肥)提高 29.94%、18.78%、12.77%;平均色度变化(AWCD)分析表明,接种处理可增加堆肥微生物的细胞代谢能力,尤其能提高堆肥中后期微生物群落对酯类和多聚物类碳源的代谢能力;主成分分析(PCA)结果显示,接种可提高微生物对氨基化合物、氨基酸和双亲化合物等碳源的代谢能力。

**关键词:** 堆肥; 木质纤维素; 生物降解; 微生物群落; 代谢; Biolog 方法; 灰略红链霉菌

**中图分类号:** X713

**文献标识码:** A

## 0 引 言

木质纤维素是限制农业废弃物堆肥腐熟的关键因素<sup>[1,2]</sup>。目前,多数有关木质纤维素降解菌的研究主要围绕细菌和真菌展开<sup>[3-5]</sup>。一些研究表明,许多放线菌木质纤维素降解酶具有耐高温、抗碱性、耐金属离子等特性,具有广阔的应用前景<sup>[6,7]</sup>。灰略红链霉菌(*Streptomyces griseorubens*)C-5 兼具木质素、纤维素和半纤维素 3 种酶活性,该菌株的分类地位、理化特性及其对水稻秸秆木质纤维素的降解过程和机理已被明确阐述<sup>[8,9]</sup>,然而此菌株在农业废弃物堆肥中的应用尚未见报道。堆肥的实质是微生物分解和转化有机物的生化代谢过程,其中微生物群落的代谢能力是影响有机物转化的关键<sup>[10]</sup>。

本研究以东北地区典型的农业废弃物(牛粪和水稻秸秆)为研究对象,以 Biolog 法为主要研究手段,同时结合堆体温度、堆肥中木质纤维素含量及酶活变化,考察添加灰略红链霉菌(*Streptomyces griseorubens*)C-5 对堆肥中木质纤维素降解和微生物群落代谢能力的影响,为接种剂开发和提高农业废弃物堆肥效率提供理论依据和实践参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 堆肥原料

堆肥原料为牛粪和水稻秸秆,分别取自哈尔滨香坊区幸福乡和香坊农场。水稻秸秆洗净风干后铡成约 5 cm 的小段,备用。

### 1.2 堆制方法及与采样

堆肥实验于 2014 年 9 月在东北农业大学化学馆堆肥实验室内进行(室温为 20 ℃)。水稻秸秆与牛粪按照 1:3.5 的质量比(干重)混合均匀。堆肥 C/N 约为 30:1,水分含量约为 65%。堆肥发酵堆规格为 1.5 m(长)×1.5 m(宽)×1.2 m(高)。共堆制 A、B 两组发酵堆,A 组为对照,进行自然堆肥,B 组添加灰略红链霉菌(*Streptomyces griseorubens*)C-5。灰略红链霉菌 C-5 分离自常年堆放的水稻秸秆垛中,兼具木质素、纤维素和半纤维素 3 种酶活性,并对水稻秸秆具有较强的降解能力<sup>[8,9]</sup>。

本次堆肥实验采用液态接种体,具体方法是:将 30 mL 种子培养液装入 100 mL 三角瓶中,121 ℃灭菌 30 min。每瓶培养基接入一管斜面洗下的菌

收稿日期: 2015-12-31

基金项目: 国家自然科学基金(31372351); 黑龙江省教育厅基金(12531021); 东北农业大学博士启动基金(2012RCB34)

通信作者: 许修宏(1968—), 男, 博士、教授, 主要从事固体废弃物微生物降解方面的研究。xuxiuhong\_neau@126.com

悬液,于 30 ℃、160 r/min 下振荡培养 5 d,得到一级菌液。之后,将 100 mL 种子培养液装入 250 mL 三角瓶里,121 ℃灭菌 30 min。以孢子数每 100 毫升  $(6\sim 8)\times 10^7$  个的接种量接入一级菌液,30 ℃、160 r/min,摇床振荡培养 5 d,得到最后菌剂。此液体菌剂中菌液密度为  $10^8\sim 10^9$  个/毫升,添加到堆肥中的接种量为 1000 mL/m<sup>3</sup>,添加方式为边建堆边均匀喷洒菌液,建堆完成后均匀混合堆体材料。对照堆肥中添加了相同质量的空白培养液(未接菌),以保证和添加菌剂的堆肥的实验条件一致。根据堆体温度变化,分别在第 1 天(初始期)、第 4 天(升温期)、第 15 天(高温期)、第 20 天(高温期)、第 27 天(高温期)、第 35 天(降温期)、第 50 天(稳定期)取样分析,每个时期各取 3 个平行样。采样采取多点采样法,均匀混合样品。一部分用于测定化学指标,另一部分用于 Biolog 检测。

### 1.3 堆肥理化指标测定

堆体温度:使用 LNI-T UT325 数字电子温度计每天对堆体多点测温,然后取平均温度记录为堆体实际温度;同时测定环境温度。

木质素、纤维素和半纤维素含量利用 ANKOM<sup>220</sup> 型纤维分析仪测定<sup>[8]</sup>。纤维素 CMC 酶和半纤维素木聚糖酶活性均采用 DNS 法测定<sup>[8]</sup>。木质素漆酶活性测定<sup>[11]</sup>:取 1.6 mL 用 0.15 mol/L, pH 值为 4.0 的 NaAc-HAc 缓冲溶液配制成 0.5 mmol/L 的 ABTS 溶液,室温下加入 1.6 mL 适当稀释的酶液启动反应,测反应最初 3 min 内  $\lambda=420$  nm 处吸光度的变化。一个漆酶酶活单位(U)定义为每分钟氧化 1  $\mu$ mol ABTS 所需酶量。

### 1.4 堆肥中微生物群落代谢检测与分析

分别取堆肥不同时期(1、4、15、20、27、35、50 d)样品各 4 g,加 36 mL 无菌生理盐水,160 r/min 下振荡 1 h,静置片刻后取上清液并将其用无菌生理盐水稀释,使接种液稀释度为  $10^{-3}$ ,将稀释后的上清液接种于 Biolog ECO 板中,每孔 150  $\mu$ L,每个样品 3 个重复,28 ℃生化培养箱中培养,每 24 小时在 Biolog 自动鉴定仪上读数以采集数据。上述操作均在无菌条件下进行。

1.4.1 绘制平均色度变化曲线 AWCD(average well color development)

对 Biolog 测得的吸光度数据进行平均色度变

化计算,即:  $R_{AWCD} = \sum(C - R)/n$ ,其中  $C$  是每个孔的吸光度,  $R$  是板内控制孔的吸光度,  $n$  是底物数量( $n=31$ )。

#### 1.4.2 主成分分析

96 h 读数结果用平均色度值校正后用于主成分分析,多元统计分析使用 Spss 13.0 统计软件。

## 2 结果与分析

### 2.1 堆肥的温度变化

堆肥温度的变化可直观反映堆肥体系中热量的演变,是微生物代谢活动的重要指标<sup>[4]</sup>。由图 1 可知,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥在第 3 天进入高温期( $>45$  ℃),高温期持续 17 d。而自然堆肥在第 4 天进入高温期,高温期仅持续 10 d,而且高温期的平均温度低于菌剂堆肥。由此可见,*Streptomyces griseorubens* C-5 可缩短堆肥进入高温期的时间,并且显著延长高温期,提高堆体温度。高温不仅可有效杀死堆体中的寄生虫和病原微生物,达到无害化目的,更重要的是可加快堆肥中木质纤维素类物质的降解<sup>[5]</sup>。许多研究表明,木质纤维素降解菌在堆肥高温期发挥最大功效,较长的高温阶段有利于木质纤维素的充分降解,从而加快堆肥腐熟进程<sup>[1-3]</sup>。

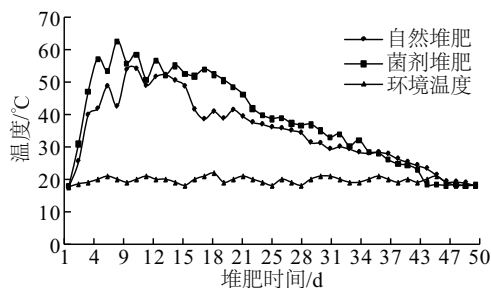


图1 堆肥中的温度变化

Fig. 1 Changes of temperature during composting

### 2.2 堆肥中木质纤维素含量变化

由表 1 可看出,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥木质纤维素在高温期(4~20 d)发生了大幅降解,在此阶段木质素、纤维素、半纤维素分别降解了 29.25%、29.85%、23.97%,占各自总降解率的 49.77%、61.18%、58.24%。自然堆肥中的木质纤维素大幅降解也发生在高温期,木质素、纤维素、半纤维素分别降解了 13.61%、16.86%、16.46%,但其降解幅度

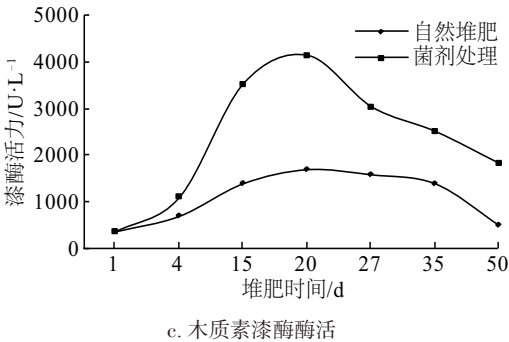
明显低于接菌处理的堆肥。堆肥结束时,接菌处理堆肥中木质素、纤维素和半纤维素的降解率分别为 58.77%、48.79%、41.16%,分别比自然堆肥高 29.94%、18.78%、12.77%。说明添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 可明显提高堆肥中木质纤维素的降解程度,尤其可大大提高木质素的降解程度。

表 1 堆肥过程木质纤维素降解率

堆肥时间/d	纤维素降解率/%		半纤维素降解率/%		木质素降解率/%	
	自然堆肥	菌剂处理	自然堆肥	菌剂处理	自然堆肥	菌剂处理
1	2.41±0.21	3.18±1.04	3.71±1.55	3.17±0.69	1.77±0.97	2.73±0.32
4	5.08±0.65	6.81±0.87	5.58±0.73	5.97±0.55	3.03±0.69	6.64±0.59
15	11.47±1.02	18.53±0.59	13.56±0.98	15.89±1.17	9.57±1.72	27.04±1.18
20	21.94±1.28	36.66±0.47	22.04±0.62	29.94±0.83	16.64±0.28	35.89±0.54
27	24.02±0.88	40.35±1.21	25.54±1.09	33.58±0.64	19.47±0.98	40.12±0.98
35	27.13±0.57	43.52±0.92	27.17±0.23	37.21±0.73	25.58±0.92	49.41±1.02
50	30.01±1.14	48.79±0.43	28.39±0.87	41.16±0.92	28.83±0.51	58.77±0.23

2.3 堆肥中木质纤维素酶活变化

从图 2 可看出,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥中纤维素 CMCase、半纤维素木聚糖酶,尤其是木质素漆酶酶活的平均水平明显高于自然堆肥,不同处理堆肥的最高酶活差值分别为 CMCase 224 U/L、木聚糖酶 209 U/L、漆酶 2424 U/L。相关研究表明,*Streptomyces griseorubens* C-5 可同时分泌较高水平的 CMCase、木聚糖酶、漆酶和过氧化物酶<sup>[8]</sup>。因此可推断,接菌处理的堆肥较高木质纤维素酶活水平与 *Streptomyces griseorubens* C-5 的作用密切相关。

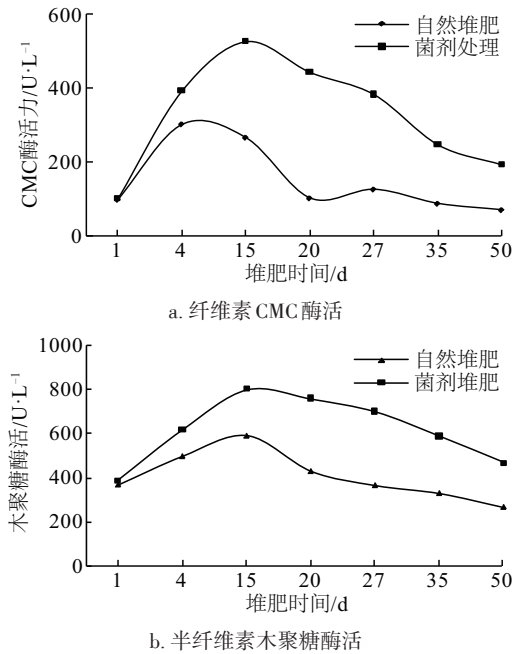


c. 木质素漆酶酶活  
图 2 堆肥中木质纤维素酶活变化  
Fig. 2 Lignocellulose enzyme activity during composting

2.4 *Streptomyces griseorubens* C-5 对堆肥微生物群落代谢的影响

2.4.1 *Streptomyces griseorubens* C-5 对堆肥微生物群落代谢活性的影响

平均色度变化(AWCD),也称为微生物群落代谢剖面,用以衡量微生物利用不同碳源的整体能力,是反映微生物代谢活性的重要指标<sup>[12]</sup>。不同堆肥处理中微生物群落的 AWCD 变化曲线如图 3 所示。其中,接菌处理堆肥的高温期(第 4 天和第 15 天)的 AWCD 值明显高于其他时期,其余阶段的 AWCD 值差别不大。表明堆肥初始时,微生物平均活性不高,进入高温期后,微生物平均活性显著增强,生理代谢旺盛,高于堆肥其他时期;随着堆制的进行,微生物细胞平均活性逐渐减弱,在腐熟期降至与堆肥初始期相当。自然堆肥不同阶段的 AWCD 值变化规律与接菌处理明显不同,其堆肥前 18 天的



AWCD 值明显高于其他堆肥阶段,其余阶段之间的 AWCD 值差别不大。

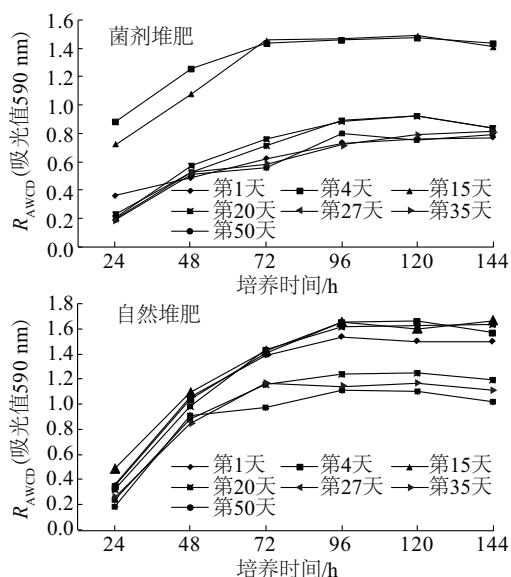


图3 不同堆肥处理中 AWCD 随培养时间变化曲线

Fig. 3 Changes of average well color development in different composts during culture

不同堆肥处理的 AWCD 值变化趋势表明, *Streptomyces griseorubens* C-5 显著增强了堆肥高温期微生物的平均活性,提高了其细胞代谢能力。

2.4.2 不同堆肥处理中微生物利用不同种类碳源的特征比较

Biolog-ECO 板 31 种碳源依照化学基团的性质不同可分成 6 类,分别为糖类及其衍生物、氨基酸、胺类、酯类、多聚物 and 羧酸<sup>[13]</sup>。本实验进一步计算分析了每类碳源的 AWCD 值,意图考察 *Streptomyces griseorubens* C-5 是否对堆肥中微生物利用不同类型碳源有不同影响,结果如图 4 所示。

比较图 4a 和图 4b 可知,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 明显增强了高温期(第 4 天和第 15 天)堆肥中微生物对糖类及其衍生物的代谢活性。Biolog-ECO 板中含有的糖类碳源包括单糖、双糖、糖苷、糖醇、糖酸和氨基糖等,这些都是聚糖的重要构建分子或参与糖代谢的中间体<sup>[14]</sup>。因此,微生物对这些糖类碳源的代谢水平,能在一定程度上反映其对纤维素和半纤维素的降解水平。据此可以推测,*Streptomyces griseorubens* C-5 可明显增强堆肥高温期微生物对纤维素和半纤维素的降解活性。图 4c~图 4f 显示,

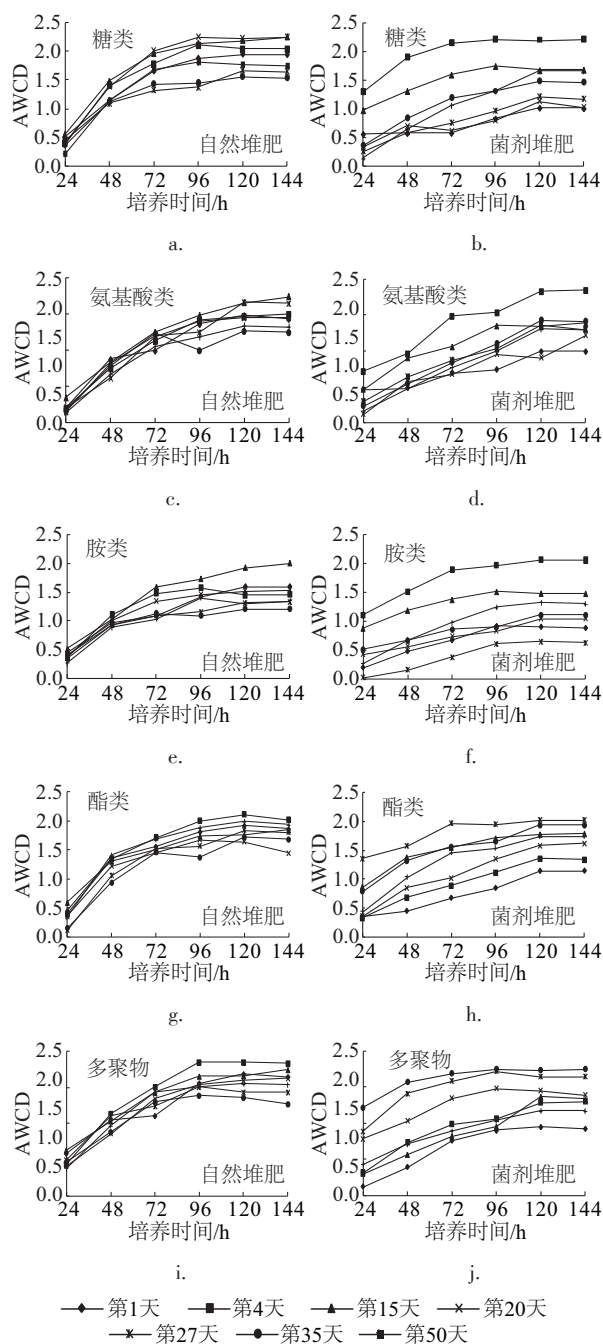


图4 不同处理堆肥中微生物群落对不同碳源的利用

Fig. 4 Utilization of carbon sources by microflora in different composts

*Streptomyces griseorubens* C-5 同样可以明显增强高温期微生物对氨基酸和胺类碳源的代谢活性,这表明菌剂的添加增强了堆肥中微生物群落对中间代谢产物碳源类物质的利用能力,这对堆体中木质纤维素等有机质的高效降解十分有利<sup>[10]</sup>。值得指出的是,在添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥中



后期(20~35 d),微生物群落对酯类和多聚物类碳源的代谢能力明显增强(如图 4g~图 4j 所示)。酯类碳源主要包括丙酮酸甲酯和 D-半乳糖酸内酯,两者均为双亲化合物;多聚物类碳源包括吐温 40/80、肝糖及 $\alpha$ -环式糊精。曾光明等<sup>[15]</sup>在添加酶液对堆肥中微生物群落代谢影响的研究中指出,微生物群落对双亲化合物及多聚物类碳源代谢能力的提高,与外源添加的降解酶催化降解堆料中木质素类物质密切相关。本实验结果显示 *Streptomyces griseorubens* C-5 的添加可明显增强堆肥中后期微生物对这两类碳源的代谢能力,这与本实验得到的木质素含量在堆肥中后期发生大幅降解的测定结果相一致。

#### 2.4.3 *Streptomyces griseorubens* C-5 对堆肥中微生物群落代谢能力影响的主成分分析(PCA)

进一步对不同堆肥处理的微生物群落代谢情况进行主成分分析,提取堆肥中主元向量的前 2 个主成分,其累积贡献率分别为 68.8%和 72.5%(见表 2),可表征堆肥化过程中微生物群落代谢能力的基本轮廓。二者的主成分分析结果如图 5 所示。

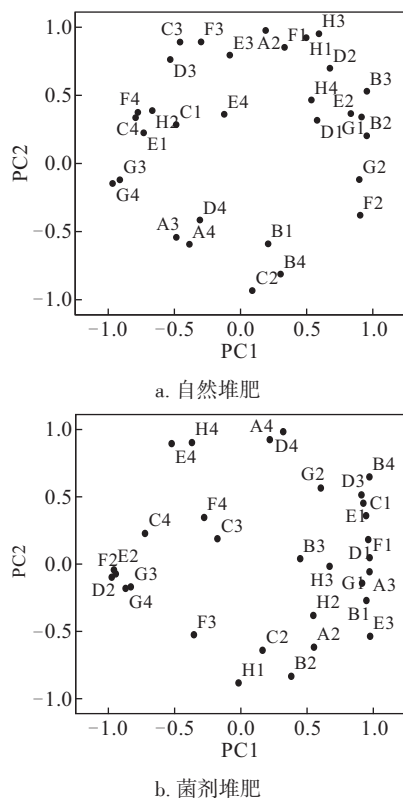


图5 堆肥化过程碳源代谢特性的主成分分析

Fig. 5 Principal component analysis of microbial community metabolism during composting process

表2 主成分的贡献率与累积贡献率(%)

Table 2 Contribution rate and cumulative contribution rate of principal component(%)

处理方法	主成分贡献率		主成分累计贡献率	
	P1	P2	P1	P2
自然堆肥	41.5	27.3	41.5	68.8
菌剂处理	52.7	19.8	52.7	72.5

由图 5 可看出,自然堆肥中 PC1 在糖类(D-木糖、D-纤维二糖、 $\alpha$ -D-葡萄糖-1-磷酸)和羧酸类(D-半乳糖醛酸、D-葡萄糖胺酸)等碳源种类上有较高载荷,这表明在自然堆肥过程中微生物群落相对偏好糖类碳源的代谢;而添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥中 PC1 与自然堆肥明显不同,主要在羧酸类( $\gamma$ -羟丁酸、4-羟基苯甲酸)、双亲化合物(D-半乳糖酸内酯、丙酮酸甲酯、L-天门冬酰胺)和聚合物(吐温 40、吐温 80)等碳源种类上有较高载荷,表明添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 后堆肥微生物群落对双亲化合物和聚合物碳源的代谢能力明显增强。

自然堆肥中 PC2 仍在糖类碳源( $\beta$ -甲基-D-葡萄糖苷、D-乳糖)和羧酸类碳源(D-苹果酸、2-羟基苯甲酸、衣康酸)有较高载荷;而添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 的堆肥中影响 PC2 的除糖类碳源和羧酸类碳源外,在氨基酸类碳源(L-精氨酸、L-苏氨酸、L-丝氨酸)和氨基化合物类碳源(腐胺)上的载荷也明显提高。对每类碳源的 AWCD 分析结果已证实,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 可明显增强堆肥高温期微生物对氨基酸和胺类碳源的代谢活性,更重要的是增强了堆肥中后期微生物群落对酯类和多聚物类碳源的代谢能力。在此,对不同堆肥处理的微生物群落代谢情况进行的主成分分析结果进一步证实了以上结论。

### 3 讨论

相对于纤维素和半纤维素而言,木质素更难以被微生物降解,同时通过物理保护使其他聚合物也很难被降解<sup>[8]</sup>。另外,木质素是产生腐殖质的主要物质,因此堆肥过程中微生物对木质素的攻击显得尤为重要,木质素的生物降解可看作是堆肥过程中木质纤维素基质降解的主要过程<sup>[10]</sup>。本实验结果表明,添加 *Streptomyces griseorubens* C-5 堆肥

中的木质素降解率高达 58.77%, 比自然堆肥高出 29.94%, 由此可推断 *Streptomyces griseorubens* C-5 可能对堆肥中木质素有较强的选择性降解能力, 这十分有利于促进堆肥腐熟。而且, 通过 Biolog-ECO 方法, 分别对每类碳源的 AWCD 值分析及主成分分析, 结果均表明, *Streptomyces griseorubens* C-5 明显增强了堆肥中微生物群落对双亲化合物及多聚物类碳源的代谢能力, 而这两类碳源的降解与堆料中木质素类物质的降解密切相关<sup>[15]</sup>。

## 4 结 论

1) *Streptomyces griseorubens* C-5 能显著增加堆肥中微生物细胞代谢能力, 促进了堆肥中木质纤维素降解, 尤其大大增强了木质素的降解程度。

2) *Streptomyces griseorubens* C-5 可影响各类碳源对主成分的贡献率, 提高微生物对氨基酸和胺类碳源的代谢活性, 更重要的是提高了堆肥中后期微生物群落对酯类和多聚物类碳源的代谢能力。

### 【参考文献】

- [1] Wang Hongyuan, Fan Bingquan, Hu Qingxiu, et al. Effect of inoculation with *Penicillium expansum* on the microbial community and maturity of compost[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102 (24): 11189—11193.
- [2] Beral M P, Alburquerque J A, Moral R. Composting of animal manures and chemical criteria for compost maturity assessment—A review[J]. *Bioresource Technology*, 2009, 100(22): 5444—5453.
- [3] Sneh Goyal S K, Dhull K K, Kapoor V. Chemical and biological changes during composting of different organic wastes and assessment of compost maturity[J]. *Bioresource Technology*, 2005, 96(14): 1584—1591.
- [4] 邓 伟, 陈文浩, 王彦杰, 等. 接菌剂对牛粪堆肥化过程中主要成分含量的影响[J]. *黑龙江八一农垦大学学报*, 2010, 22(6): 15—18.
- [4] Deng Wei, Chen Wenhao, Wang Yanjie, et al. Effects of inoculants on the content of the major components in the composting process[J]. *Journal of Heilongjiang Bayi Agricultural University*, 2010, 22(6): 15—18.
- [5] 邓 辉, 王 成, 吕豪豪, 等. 堆肥过程放线菌演替及其木质纤维素降解研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2013, 19(4): 581—586.
- [5] Deng Hui, Wang Cheng, Lyu Haohao, et al. Research progress in succession of actinomycetal communities and their capacity of degrading lignocellulose during composting process[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2013, 19(4): 581—586.
- [6] Taibi Z, Saoudi B, Boudelaa M, et al. Purification and biochemical characterization of a highly thermostable xylanase from *Actinomadura* sp. strain Cpt20 isolated from poultry compost[J]. *Applied Biochemistry Biotechnology*, 2012, 166(3): 163—179.
- [7] Singh R, Kapoor V, Kumar V. Production of thermostable,  $\text{Ca}^{+2}$ -independent, maltose producing  $\alpha$ -amylase by *Streptomyces* sp. MSC702 (MTCC 10772) in submerged fermentation using agro-residues as sole carbon source[J]. *Annals of Microbiology*, 2012, 62 (3): 1003—1012.
- [8] 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.
- [8] Xu Jie. Isolation and identification of rice straw biodegrading actinomycetes and its degradation mechanism[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2011.
- [9] Xu Jie, Yang Qian. Isolation and characterization of rice straw degrading *Streptomyces griseorubens* C-5[J]. *Biodegradation*, 2010, 21(1): 107—116.
- [10] Yu Hongyan, Zeng Guangmin, Huang Danlian, et al. Microbial community succession and lignocellulose degradation during agricultural waste composting[J]. *Biodegradation*, 2007, 18(6): 793—802.
- [11] Bourbonnais R, Paice M G. Oxidation of non-phenolic substrates—An expanded role for laccase in lignin biodegradation[J]. *FEBS Letters*, 1990, 267(1): 99—102.
- [12] Kela P W, Jason A G, Matthias G, et al. Data transformations in the analysis of community-level substrate utilization data from microplates[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2007, 69(3): 461—469.
- [13] Choi K H, Dobbs F C. Comparison of two kinds of Biolog microplates (CN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1999, 36: 203—213.
- [14] 孔 滨, 杨秀娟. Biolog生态板的应用原理及碳源构成[J]. *绿色科技*, 2011, (7): 231—234.
- [14] Kong Bin, Yang Xiujuan. Application principle and carbon source of Biolog ECO board[J]. *Journal of Green Science and Technology*, 2011, (7): 231—234.

- [15] 冯冲凌, 曾光明, 黄丹莲, 等. 基于 Biolog 解析添加酶液对堆肥化过程中微生物群落代谢的影响[J]. 环境科学, 2009, 30(10): 3016—3021.
- [15] Feng Chongling, Zeng Guangmin, Huang Danlian, et al. Analysis of the effect of enzymes on microbial community metabolic profiles during composting using biolog method [J]. Environmental Science, 2009, 30(10): 3016—3021.

## EFFECT OF *Streptomyces griseorubens* C-5 ON LIGNOCELLULOSE DEGRADATION AND MICROBIAL COMMUNITY METABOLIC OF COMPOST

Xu Jie, Xu Xiuhong

(College of Resources and Environmental Sciences, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

**Abstract:** In order to promote lignocellulose degradation in compost and understand the diversity of metabolic function of microbial community, Biolog-ECO plate method was mainly used to study the effect of *Streptomyces griseorubens* C-5 on lignocellulose degradation and metabolic capacity of microbial communities in compost. The results showed that the degradation rate of lignin, cellulose and hemicellulose of the inoculated compost increase 29.94% , 18.78% and 12.77% , respectively compared with the control at the end of compost. The average well color development (AWCD) analysis showed that the cell metabolic capacity of microbial community is increased by *Streptomyces griseorubens* C-5 at thermophilic stage of the compost, especially the metabolic capacity of microbial community on ester and polymer carbon sources is increased in the mid-to late term of compost. The results of principal component analysis (PCA) showed that the metabolic capacity on carbon sources, such as amino compound, amino acids and amphiphile compounds of microorganisms in compost are enhanced by *Streptomyces griseorubens* C-5.

**Keywords:** composting; lignocellulose; bio degradation; microbial community; metabolism; Biolog method; *Streptomyces griseorubens*