

盎亿泰地质微生物技术（北京）有限公司

地质微生物学研究进展

2012年5月1日

第1期（总第1期）

研发部编辑

盎亿泰地质微生物技术（北京）有限公司

北京昌平科技园华通路11号409-411室

电话：010-64411688 传真：010-69728772

目 录

创刊词.....	3
“恶魔线虫”入选美国国家地理 2011 十大奇异动物.....	4
海洋甲烷氧化古菌的宏基因组及宏蛋白质组学研究.....	5
土壤中好氧甲烷氧化菌群落主要受甲烷及其代谢能量流控制.....	6
地下深海油藏石油生物降解是好氧和厌氧微生物的共同作用结果?.....	6
鄂尔多斯盆地煤层微生物多样性研究显示了我国煤层微生物系统在国际上的特殊性.....	7
我国科学家首次利用高通量测序手段开始进行煤层气微生物系统研究.....	8
甲烷菌降解剩余油和脂肪酸的过程中存在微生物的相互作用.....	9
与铁化合物有关的的碳沉积和碳汇.....	10
样品保存期间微生物群落的改变.....	13
对作为潜在生物宿主耐丁醇的枯草芽孢杆菌 GRSW2-B1 的研究.....	13

创刊词

2012 龙年春夏之交的时节,《地质微生物学研究进展》创刊并和广大读者见面了。地质微生物学是近年来随着现代地球科学与生物技术的不断发展而快速形成的一个新兴交叉学科,其延伸的工程技术跨越生物、能源与环保等领域。盎亿泰地质微生物技术(北京)有限公司由海外留学归国人员于 2007 年创办于中关村,是一家以地质微生物学为基础,全方位服务于石油工业勘探、开发和环保的高新技术企业。

盎亿泰在积极推动成熟的地质微生物技术产业化的同时,还十分重视地质微生物学相关的应用基础研究及新技术开发。公司创办之初就成立了研发部,经过 5 年的发展,研发部已经初具规模。研发部现拥有研究人员 10 名,其中博士 3 名,硕士 6 名;建有微生物、分子生物学、地球化学三个实验室;拥有 SIGMA 冷冻高速离心机、安捷伦 7890 气相色谱、PCR 仪、基因突变分析系统等先进的仪器设备;承担了国家科技重大专项、863 计划、科技部中小企业创新基金等多项国家级的科研项目;建有盎亿泰地质微生物技术(北京)有限公司博士后(青年英才)创新实践基地工作站。

现代科学技术的竞争是全球化的竞争,了解全球在地质微生物学领域的最新研究进展是保持我们研究开发先进性的基础。盎亿泰注重对全球最新的地质微生物学相关研究情报的跟踪、收集和分析,在这样的背景下,我们创办了《地质微生物学研究进展》这样一个企业内部刊物。《地质微生物学研究进展》现阶段为双月刊,逢单月 1 日出刊,稿件的来源主要是近期国际著名学术期刊上发表的学术文章或者学科相关的一些重大事件。

地质微生物学科和《地质微生物学研究进展》这个内部刊物就像春天的初芽,还需要大家的关怀和呵护,在此祈请我们的读者支持和关心这个刊物,多提宝贵意见。愿《地质微生物学研究进展》越办越好,愿我国地质微生物学科之树长青!

盎亿泰地质微生物技术(北京)有限公司 总裁

梅海

2012 年 5 月 1 日

“恶魔线虫”入选美国国家地理 2011 十大奇异动物

美国国家地理评选出了 2011 年所发现的十大奇异动物，其中发现于南非地下数千米的一种线虫入选，该项研究于 2011 年 6 月发表在著名的杂志《自然》上。

比利时根特大学，美国普林斯顿大学等机构的科学家在南非 Beatrix 金矿距离地面 0.9 到 3.6 千米处采集的裂缝地下水发现了这种线虫，这是迄今为止发现的栖息地最深的多细胞动物。这个新种线虫被命名为“*Halicephalobus mephisto*”，以中世纪神话《浮士德》中描绘的恶魔，不喜欢阳光的地下之王墨菲斯托菲里斯(Mephistopheles)的名字命名。文章中解释到这样命名是因为这种线虫发现于地下深处永不见光的地方。

在此之前，地下深部一直被认为是单细胞微生物的王国。而严酷的温度、能量、压力及空间等条件让人们认为不可能有多细胞动物生存在地下深处，这次在地下深处断裂面中发现的线虫推翻了这个认识。这种线虫能耐高温，单性生殖，以地下的细菌为食物生存，并由此影响着地下断裂面的微生物数量和密度。

科学家表示发现这种线虫说明地下拥有一个丰富的生物圈，并且在很大程度上不为人所知，甚至预示着在太阳系其他星球的深部类似环境中有可能找到生物。



编辑：郝纯

资料来源: <http://www.nature.com/nature/journal/v474/n7349/full/nature09974.html>
http://news.nationalgeographic.com/news/2011/11/photogalleries/111128-top-ten-weird-new-species-2011/#/devil-worm-nematode-found-in-mine_36157_600x450.jpg

海洋甲烷氧化古菌的宏基因组及宏蛋白质组学研究

宏基因组学和宏蛋白质组学是当今微生物分子生态学中最热门的研究领域。1998年, Handelsman 等人提出了宏基因组(Metagenome)的概念, 其最初含义是土壤微生物区系中全部遗传物质的总和, 目前一般指特定生境中细菌和真菌的基因组总和。2004年, Rodriguez - Valera 根据宏基因组学的概念提出了宏蛋白质组(Metaproteome,或称元蛋白质组学), 指环境混合微生物群落中所有生物的蛋白质组总和。

绝大多数生物化学过程的实现都依靠酶的催化, 而绝大多数酶的化学本质都是蛋白质, 所以对于宏蛋白质组学的研究是直接对环境微生物功能的研究, 具有比基因组研究更为重要的意义。但是由于长期以来蛋白质研究技术水平远低于核酸(基因), 对于环境样品蛋白质研究难度非常大。

最近挪威 Bergen 大学的科学家于 Nyegga 海中冷泉泄露的海域采集了海底以下 14-16 厘米的沉积物样品, 对这些海洋沉积物中甲烷厌氧氧化古菌菌群的宏基因组和宏蛋白质组进行了研究。宏基因组的研究结果表明沉积物中大量发育了广古菌门的古菌, 而其中最多的类群就是厌氧甲烷氧化菌 1 (ANME-1)。同时, 科学家们开发了一种能提取沉积物总蛋白质的技术, 对蛋白质的分析表明其中大部分的蛋白质由 ANME-1 合成, 其中主要的功能蛋白包括一类能调节适应寒冷环境的酶, 还有一类调节囊泡生成的酶。调节适应寒冷环境的酶主要功能就是使 ANME-1 能适应永久冰冷的环境, 调节囊泡生成的酶则认为是使 ANME-1 可以自行调节其在沉积物中的深度。同时, 宏蛋白质组的研究还发现了很多和甲烷和硫酸盐代谢相关的酶。

编辑: 郝纯

资料来源:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1462-2920.2012.02716.x/abstract;jsessionid=2A32267C0A5D9DF055D7E2B801F40A82.d01t02>

土壤中好氧甲烷氧化菌群落主要受甲烷及其代谢能量流控制

研究表明微生物群落及微生物过程对于人类活动的干扰有比较敏感的反应，但是这种反应到底有多强烈？环境变化到达何种程度，微生物群落才会产生变化？近期德国普朗克研究所的科学家以稻田中的好氧甲烷氧化菌作为研究对象对此进行了研究。他们的研究表明，决定甲烷氧化菌群落及其功能的主要因素是作为食物的甲烷及其代谢产生的能量流，外界环境干扰（如添加氮肥）不会对甲烷氧化菌群落产生显著影响。

科学家采集了意大利某地一处稻田的土壤，在实验室中以两种不同的强度供给甲烷，同时对土壤施加 NH_4^+ 并以此作为环境干扰因素，之后研究甲烷氧化菌群落对于这种环境干扰因素的响应。实验结果表明，作为能量来源的甲烷对于甲烷氧化菌的群落有着决定性的作用，而同时 NH_4^+ 几乎没有任何作用。

造成这种现象的主要原因是，采样的稻田土壤长期施氮肥，土壤中的微生物对于 NH_4^+ 已经有了一定的适应性。这个研究说明，在一个长期稳定的自然环境中，突然的，短暂的环境变化不会对甲烷氧化菌群落产生大的影响，甲烷氧化菌能适应这样的环境变化。决定甲烷氧化菌的因素主要是作为主要能源来源的甲烷供给。

编辑：郝纯

资料来源：

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1758-2229.2011.00322.x/abstract>

地下深海油藏石油生物降解是好氧和厌氧微生物的共同作用结果？

巴西坎皮纳斯大学的科学家通过实验室实验证明深海油藏的石油降解作用是厌氧微生物和好氧微生物的共同作用结果，而在此之前的科学家的所做研究成果显示石油降解可以通过厌氧或者好氧的微生物作用实现。而该科研团队通过利用 Pampo 油田的石油和油田水进行了石油降解实验，结果显示石油降解应该是厌氧和好氧微生物共同作用的结果。

油藏内的好氧微生物按照烃类>藿烷>甾烷>三环萜烷的顺序逐渐降低的利

用趋势，而相对应的厌氧微生物有按照烃类>甾烷>藿烷>三环萜烷的顺序逐渐降低的利用趋势。对含有混合菌群的实验中的氧气浓度进行定期测定显示出微氧度（氧气浓度约 0.8mg/L）和有氧度（氧气浓度约 6.0mg/L）的交替出现。实验中的石油降解也呈现厌氧降解和好氧降解的交替。而利用混合菌群进行降解的实验在前 90 天显示出来烃类>藿烷>甾烷>三环萜烷的降解偏好，而之后这个顺序被出现变化，甾烷明显比藿烷被降解得多，这个实验结果预示着好氧和厌氧微生物的交替作用。

通过对降解菌的 16S rRNA 基因克隆文库的研究结果显示，好氧降解菌包括 *Bacillus*, *Brevibacterium*, *Mesorhizobium* 和 *Achromobacter*, 厌氧降解菌包括 *Bacillus* 和 *Acinetobacter* (兼性菌株)，而混合菌群包括 *Stenotrophomonas*, *Brevibacterium*, *Bacillus*, *Rhizobium*, *Achromobacter* 和 5% 的未培养菌。

该研究结果揭示了一个重要的过程，即厌氧降解和好氧降解可以在没有外界氧气输入的情况下同时发生。这对我们更好的理解地下油气藏的降解过程具有很好的指导作用。

编辑：邓诗财 资料来源：<http://www.amb-express.com/content/1/1/47>

鄂尔多斯盆地煤层微生物多样性研究显示了我国煤层微生物系统在国际上的特殊性

来自北京大学吴晓磊教授的研究团队通过对鄂尔多斯盆地西北巴彦淖尔区和东南部韩城矿区两个地区的煤样进行分子生物学研究揭示了该地区特殊的微生物多样性，该研究是国内学者首次对该地区进行的微生物多样性研究。

该团队通过 16S rRNA 基因文库的方法对煤样进行了分析，结果显示变性杆菌和放线菌是采于浅部（38-40m）低阶煤中的主导菌属，而采于深部（651-652m）的高阶煤中变形杆菌、放线菌、拟杆菌、浮霉菌和酸杆菌则占据了主导。这样的微生物多样性要比以前国际上报道的煤层微生物丰富，同时在低阶煤中还发现了产甲烷菌群。

研究结果还显示，细菌丰度会随着硫酸盐还原细菌的存在而大幅度减少，同时高阶煤中没有检测到产甲烷菌的存在，所以硫酸盐还原菌也替代了产甲烷菌

进行醋酸发酵和氢气还原作用来完成煤的降解过程。

煤的大分子化合物如煤木质素、烃类、多环芳烃和其他芳香烃的降解多与放线菌和变形杆菌如阿尔法变形杆菌、贝塔变形杆菌和伽马变形杆菌有关。这些菌属在鄂尔多斯盆地的上述两个矿区大量发育，而且单个地区多样性明显比美国和澳大利亚等地区的煤和煤层水样中的微生物多样性丰富得多。

另外，对古菌的研究结果显示，能够进行乙酸发酵产甲烷作用、氢气还原产甲烷作用和甲基营养产甲烷作用的产甲烷古菌都在低阶煤中被检测到，说明这三种产甲烷作用都可能存在于鄂尔多斯盆地西北巴彦淖尔矿区，多种产甲烷菌同时存在也是该地区在国际上的研究首例，作者认为这与该地区的低煤化程度、浅埋深和沉积历史有关。同时作者也提到，对该地区发育的多样化微生物的相互作用关系还有待进一步的研究解决。

编辑：邓诗财

资料来源：<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0166516211002047>

我国科学家首次利用高通量测序手段开始进行煤层气微生物系统研究

来自中国科学院生态环境研究中心的研究团队通过对鄂尔多斯盆地东部柳林地区的煤层气矿区微生物的分子生物学研究显示甲基营养产甲烷作用是该地区煤层内的主要产甲烷过程。

该研究团队在柳林地区煤层气生产井中约 700 米深处取得了二叠系下统山西组煤层煤样、岩石样品和煤层水样。该研究是国际上 454 高通量测序手段在煤层气系统细菌和古菌的多样性和丰度研究的首次应用。

数据结果显示古菌中 *Methanosarcinaceae* 科 *Methanolobus* 属分支占据了煤层水古菌的 81.18%，煤样的 99.84% 和岩石样品的 99.98%。同属 *Methanosarcinaceae* 科的 *Methanosaeta* 属分支占据了煤层水样古菌的 0.05% 和煤样的 0.02%。*Methanolobus* 属是地下生物系统中利用甲基和甲醇进行产甲烷作用的典型代表，这显示了甲基营养产甲烷作用是鄂尔多斯盆地内生物产甲烷作用的主要途径，而这种作用在国际煤层气系统中非常少见的，只在日本和美国阿拉斯加地区的煤层中被发现过。

和其他煤层气系统相似，三类样品中变形杆菌都占据了主导（75.07-97.1%）。煤样和岩石样细菌中大量的耗氢气菌 *Hydrogenophaga* 的存在可能是在其他煤层气系统中普遍存在的耗氢产甲烷作用在柳林地区没有占主导的原因。一些发酵细菌如 *Fibrobacter* 在煤样中被发现。一些反硝化细菌如 *Azonexus* 在煤层水大量发育（32.61%）。

值得注意的是，该项研究显示煤层水与煤样及岩石样品微生物的多样性差别极大，虽然作者在这方面没有做太多的阐述，但是这些差别可能预示了不同微生物对栖息地的选择，是后期进行煤层产气激化的突破口之一，因为三种样品的微生物多样性结合才显示了一套比较完备的产甲烷链。

编辑：邓诗财

资料来源：

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0166516212000237>

甲烷菌降解剩余油和脂肪酸的过程中存在微生物的相互作用

近期来自美国，德国和西班牙的科学家共同研究发现在甲烷菌降解剩余油和 n-脂肪酸的过程中存在着非常重要的微生物相互作用。

该研究组通过综合运用稳定同位素分离、稳定同位素蛋白探针和宏蛋白组学技术发现了具有代谢碳氢化合物的甲烷菌团之内存在着碳流。他们的研究结果显示不论在有和没有石油供给的情况下，甲烷和 CO_2 上的 $\delta^{13}\text{C}$ 都出现了富集的现象，表明在甲烷碳氢化合物矿化过程中发生了复杂的微生物相互作用。特别是在不论石油是否供给的情况下，所有培养物中 CO_2 上的 $\Delta \delta^{13}\text{C}$ 都基本相同；而甲烷上的 $\Delta \delta^{13}\text{C}$ 则在有石油供给的情况下高一些，在只有 n-脂肪酸供给的情况下低一些更是证明了上述论点。另外，当被标记的 n-脂肪酸与石油一起供给给甲烷菌时，其能够在甲烷菌团各成员之间均匀分布；而当 n-脂肪酸被单独提供给甲烷菌时，其只能被少数甲烷菌利用也表明在甲烷碳氢化合物矿化过程中存在着复杂的微生物相互作用。

该研究组还发现在其所有的培养物中，能降解乙酸和氢营养的甲烷菌都被均匀标记，这表明在其模式甲烷菌团产生甲烷的过程中没有一种代谢途径能够占到压倒性的优势。在只供给 n-脂肪酸的情况下，甲烷菌先代谢醋酸盐，然后在利用 CO₂ 产生甲烷。通过稳定同位素探针技术发现了在由 CO₂ 和醋酸盐产生甲烷的过程中其关键作用的酶。但是并没有发现添加延胡索酸能够使蛋白（酶）具有催化碳氢化合物激活的作用。

总的来说，该研究组认为其研究结果表明在将碳氢化合物转化成甲烷的过程中需要微生物间的相互作用。

编辑：盖永锋

资料来源：

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1758-2229.2012.00333.x/abstract>

与铁化合物有关的碳沉积与碳汇

——发现活性铁物质可能在海洋沉积物有机质固定中起到一定的作用，也表明在碳的生物地球化学循环与铁具有紧密耦合的关系

在地质历史时期，海洋沉积物中有机质封存是大气中碳循环的一个主要机制。在整个碳循环过程中生物圈产生的有机质只有很少一部分保存下来最终埋藏在沉积地层中，绝大多数都转变成二氧化碳返回到大气中。为何在沉积记录中保留的有机物质如此之少或者说如何才能使有机物质保存在沉积记录中？Lalonde 等在《自然》中所报道的研究成果可能有助于解决这个难题。他们发现沉积物中有机质和铁物质（包括一些发现于铁锈中的化合物）之间的紧密联系可能会对碳的保存有非常大的影响。

尽管经过了几十年的研究，但是我们对水中沉积物中有机质稳定和保存机制的认识还远远不够，这也影响了我们对碳埋藏理论的进一步研究。近几年出现的一种新观点认为向土壤和沉积物中供应有机物质的内在反应的重要性要小于沉积物沉积本身的贡献。综合其他因素，认为这种内部的反应使得生物体更容易向简单的有机化合物转变，并且最终会变成碳氧化物。在土壤中，有机物质以及铁

盐复合体的形成都可看成是有机碳稳定的一种机制。尽管在海相沉积物中有机碳和铁有明显的耦合关系,但这种关系之前没有被作为水生环境中有机物质保存机制来探究。

Lalonde 等曾用一个简单的化学过程从沉积物样品中释放出铁物质,并在整个反应期间定量有机物质。他们研究发现,通常情况下超过 20%的水体沉积物中有机碳来源于各种沉积条件(不同盐度,海陆过渡环境到陆相环境,深水,高有机物质含量和含氧量),并且这些有机碳都与铁反应有关。作者也在沉积时间较长的深部地层沉积物中测试并得到类似的结合铁的有机碳比例,表明这种复合物具有很强的稳定性和长时间抵抗微生物作用的能力。

由于沉积物中的铁矿物的有效表面积不足以承载研究中所观测到的有机碳,因此 Lalonde 等人提出有机物质“吸附”在铁矿物之上的结论还不足以解释他们观测到的现象。相反,他们提出在成岩作用过程中铁盐必须与有机碳同步沉积或者铁-有机质-碳的复合物已经形成(或者两者兼而有之)时才有利于有机物质的保存。然而在成岩作用过程中沉积物表层的铁物质在沉积不久后就发生了生物地球化学或物理变化。

更具体地说,作者设想有机碳和铁氧化物(有机化合物)形成的大分子稳定化合物可在几千年沉积历史中都会保持稳定。但他们的研究表明,以这种复合物为载体的有机碳如长期暴露在有氧环境中可能会逐渐减少,但总体来看这种复合物还是很稳定的,特别是在缺氧条件下更是如此,这意味着他们可以提供一个有机碳长期封存的机制。

Lalonde 等明确指出他们的这种化学分析仅仅针对“捆绑”在有机物质之上的铁化合物,如果这种方法之前只用来研究土壤样品,我们还需进一步的研究来证实。假如这种观测是可信的,那么作者研究的一些观点还是很令人信服的。首先,他们的研究提高了人们对水生环境沉积物中有机物质保存的认识,可以与土壤中有机碳的稳定性进行比较。

其次,有机物质和铁化合物结合的化学特征表明在非常可能发生降解的过程中一些生物化学成分会发生富集。这种观点可能会有助于来解释沉积记录中那些不稳定的生物大分子如何保存的。

第三,如果与铁化合物结合的所有有机碳都和该研究样品中所测得的相似,

那么这种复合体就代表了一个全球性长期沉积的有机碳汇的重要贡献。这两点都强调了碳在地球化学循环中和铁之间紧密耦合的关系。

然而，作者的研究也留下许多悬而未决的问题。例如，由于还不了解铁的有机化合物在早期成岩作用和长期埋藏期间的性质和演化，因此铁对有机质稳定性增强的确切机制仍然未知。在铁的有机化合物形成过程中对不同类型有机化合物稳定过程的选择性以及生物活性保存（如在岩石记录中的有机标志化合物）的影响也值得进一步关注。我们只能推测当时在与现今海洋环境显著不同条件下（如海平面或海水中溶解氧的差异）这些过程是如何影响有机碳的埋藏。然而，总的来说，能识别海底沉积物中“与铁化合物有关的碳沉积和碳汇”本身就代表了我们在认识碳循环这种神秘过程的组成部分上有了一个重大的进展。

编辑：徐荣德

资料来源：<http://www.nature.com/nature/journal/v483/n7388/full/483165a.html>

样品保存期间微生物群落的改变

环境微生物研究一个很重要的问题就是样品如何保存才能真实的反应采样原地的微生物群落情况。近期德州农工大学和南加州大学的科学家的研究揭示了样品保存过程中微生物群落和功能发生的一些变化。

该研究以大洋综合钻探计划（Integrated Ocean Drilling Program, IODP）所采集的沉积物岩心为样本，按照标准保存程序操作，检测在保存过程中微生物群落结构的变化和主要功能的变化。样品保存的标准程序为：矿物质分析、地球化学分析和岩性分析的样品保存在 4℃，而微生物样品是立即保存到-80℃。在地质时期内微生物活动的温度与 4℃的保存温度相似，因此微生物在这个温度下还是有活性的。

检测保存的岩心中有活性的微生物种群能够揭示岩心样品中地球化学和地球物理条件随着时间推移的变化。为检测样品保存中微生物活性及其带来的可能变化，研究者分别在 3 个月保存期前后对 IODP 计划 325 Great Barrier Reef 岩心样品中所有微生物群落中新陈代谢最为活跃的一部分微生物进行了检测：从

海底沉积物以下 2m, 20m, 40m 的样品中提取总 RNA, 反转录互补 DNA 并且用 454FLX 测序技术进行测序, 并从 6 个样品中测到了 14800 个序列。结果显示, 在检测到的所有基因序列中, 高达 97.3% 的基因序列与样品保存过程中地球化学属性变化有关, 包括生物地球化学氮, 铁和硫的循环相关的基因序列。这些微生物种属很可能永久改变了所采集样品的物理和化学特征, 并对原地的生物地球化学环境研究形成误导。此外, 在样品保存期间出现的微生物变化, 很可能让使用标准微生物群落研究法得出的结果产生偏差, 而这种偏差在现在的大多数研究中被忽视。

编辑: 李雪

资料来源: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3281211/>

对可用于丁醇发酵的耐丁醇枯草芽孢杆菌 GRSW2-B1 研究

丁醇生产的一个重要的方法是微生物发酵法, 现在主要采用的方法是通过基因工程技术将包含丁醇生产基因的质粒转入到宿主细菌中进行表达, 从而发酵生产丁醇。这样的工艺要求宿主细菌具有很高的耐丁醇性。近期日本广岛大学的科学家对于可用作宿主的, 对丁醇具有耐受性的芽孢杆菌 GRSW2-B1 进行了研究。

该项目旨在有目的和针对性地寻找和细化研究一种作为基因重组的宿主细胞的耐丁醇的微生物, 而它主要在生物燃料醇类的生物生产过程中应用。作为供替代的微生物宿主, 它可耐有机溶剂并产生丁醇, 而这需要相当严格的条件。枯草芽孢杆菌——GRSW2-B1, 可作为一种耐丁醇的细菌被分离出来。它能耐受浓度非常高 (5% v/v) 的有机溶剂, 对丁醇和其他醇类的耐受能力尤其强, 尤其在丁醇环境下生存时, 耐受能力明显提高。此菌在发酵过程中的应用非常广泛: 细胞暴露在丁醇中时, 它具有明显的耐受特性, 不仅表现在高密度和后指数生长的细胞 (可以达到 5% v/v) 方面, 初始生长阶段 (2.5% v/v) 方面, 也具备良好的耐丁醇特性。经优化后的遗传转化率, 最高可达 $5.17 \times 10^3 \text{cfu}/\mu\text{g DNA}$ 。生产丁醇的基因高效表达是由几个启动子在不同条件下决定的, 而最大表达与木糖有关。无论丁醇存在与否, 构建的丁醇生产质粒在转化时都具有良好的稳定性。另在研究中意外发现, 流体介导的抗四环素作用对于该细菌耐有机溶剂的能力具有

反效应。以上结论表明，枯草芽孢杆菌 GRSW2-B1 可作为生物产生丁醇的基因宿主细胞。

编辑:李雪

资料来源: <http://www.springerlink.com/content/9314j622726n58u5/>