

# 半定量 RT-PCR 检测运动发酵单胞菌中外源基因转录水平的研究

马媛媛<sup>1,2</sup> 邹少兰<sup>1,2</sup> 张 鲲<sup>1,2\*</sup> 洪解放<sup>1,2</sup> 井 欣<sup>1,2</sup> 刘 成<sup>1,2</sup> 张敏华<sup>1,2,3</sup>

(1. 天津大学石油化工技术开发中心 天津 300072)

(2. 天津大学绿色合成与转化教育部重点实验室 天津 300072)

(3. 天津大学内燃机燃烧学国家重点实验室 天津 300072)

**摘 要:** 本研究运用半定量 RT-PCR 法检测运动发酵单胞菌重组菌中外源基因 *xylB* 的转录水平。提取野生型运动发酵单胞菌 CP4 及其 2 个重组菌的总 RNA, 检测无 DNA 污染后定量至同一浓度, 并反转录为 cDNA。观测目的基因 *xylB* 和内标基因 16S rRNA 的 PCR 扩增曲线, 并确定合适的循环数, 选用相同量的 cDNA 为模板, PCR 检测各样本中 *xylB* 相对 16S rRNA 的转录水平。结果表明野生型菌株 CP4 中 *xylB* 基因没有转录, 而两株重组菌中皆有 *xylB* 的转录本, 且转录丰度基本一致, 酶活测定也进一步证实该基因在重组菌中有效表达。该方法可用于鉴定运动发酵单胞菌中特定基因的转录水平, 是一种快速有效的检测方法。

**关键词:** 运动发酵单胞菌, 半定量 RT-PCR, 基因表达

## Research on Exogenous Gene mRNA Levels in *Zymomonas mobilis* by Semi-quantitative RT-PCR

MA Yuan-Yuan<sup>1,2</sup> ZOU Shao-Lan<sup>1,2</sup> ZHANG Kun<sup>1,2\*</sup> HONG Jie-Fang<sup>1,2</sup>  
JING Xin<sup>1,2</sup> LIU Cheng<sup>1,2</sup> ZHANG Min-Hua<sup>1,2,3</sup>

(1. Tianjin University R&D Center for Petrochemical Technology, Tianjin University, Tianjin 300072, China)

(2. Key Laboratory for Green Chemical Technology of Ministry of Education, Tianjin University, Tianjin 300072, China)

(3. State Key Laboratory of Engine, Tianjin University, Tianjin 300072, China)

**Abstract:** An effective RT-PCR method was developed to detect exogenous gene *xylB* transcript levels in *Zymomonas mobilis* CP4. Total RNAs without genomic DNA contamination were purified from wild-type and gene engineering strains, and were quantified to the same concentration. Then, cDNAs synthesis and PCR analysis of these samples were conducted by reverse transcription PCR. The optimal number of cycles was determined by observing amplification profile of target gene *xylB* and internal control gene 16s rRNA, and relative expression levels of *xylB* in various samples were analyzed by RT-PCR. The results indicated that the *xylB* transcript was not be detected in CP4, however that could be found in recombinant strains, in which *xylB* transcription abundance was similar. The enzyme assay furthermore confirmed that effective ex-

pression of the target gene. The method provided a useful and rapid tool for detecting transcript levels of target genes from various samples of *Z. mobilis*.

**Keywords:** *Zymomonas mobilis*, Semi-quantitative RT-PCR, Gene expression

作为传统的生物发酵产品和潜力巨大的燃料,乙醇已被公认为是有发展前景的可再生清洁能源之一<sup>[1]</sup>。运动发酵单胞菌(*Zymomonas mobilis*)因其具有产醇量高、生物量少、无氧气需求、高乙醇耐受性、耐高糖浓度等优点而备受关注<sup>[2,3]</sup>,但其缺点在于可利用的碳源范围较窄。应用基因工程手段扩大运动发酵单胞菌的底物范围,使其具有利用可再生原料生产燃料乙醇有巨大的生产潜力。基因工程菌中外源基因表达受诸多因素的影响,有效的检测外源基因及其参与代谢途径中的各基因表达水平,对基因表达调控及代谢工程的研究有着重要的科学意义。

本研究用半定量 RT-PCR (Semi-quantitative reverse transcription PCR) 的方法检测 2 株重组运动发酵单胞菌中外源基因——大肠杆菌木酮糖激酶 *xylB* 基因的转录水平,为进一步研究该基因的表达水平与木糖利用之间的关系,以及基因表达调控和代谢工程的研究建立了有效的分析手段。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

**1.1.1 菌株和质粒:** 运动发酵单胞菌 CP4、分别带有表达质粒 An1 和 An2 的 CP4 菌株 An1CP4 和 An2CP4 由本实验室构建和保藏。An1 与 An2 两质粒均由操纵子 *Pgap-xylA-xylB* 插入至大肠杆菌和运动发酵单胞菌的穿梭表达载体 *pZB21* 上构建而成, *Pgap* 为运动发酵单胞菌的组成型启动子 *GAP*, *xylA*、*xylB* 分别为大肠杆菌木糖异构酶基因和木糖激酶基因; An2 操纵子的终止子较 An1 短。

**1.1.2 主要试剂和仪器:** *Taq* DNA 聚合酶、dNTPs、购于天根公司; RNA 提取用的药品异硫氰酸胍、月

桂肌酸钠、柠檬酸钠、DEPC、乙酸钠、水饱和酚和氯仿等试剂购于生工。Dnase I 和反转录试剂盒 ImPromII Reverse Transcriptase 购自 Promega 公司。高速离心机 Sigma 3K30(Sigma 公司,德国); Bio-metra PCR 热循环仪(Whatman 公司,德国); 核酸电泳仪为北京六一 DYY-11 型、凝胶成像系统购自美国 Bio-Rad 公司。

**1.1.3 培养条件:** 运动发酵单胞菌 CP4 及其重组菌在 RM 培养基(含 1%酵母提取物, 0.2%  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ , 2% 葡萄糖)平板上 30°C 生长 2 d 后,挑取单克隆至含抗生素的 RM 液体培养基中,过夜培养 20 h,次日按 1/50 比例转接至 10 mL 的 RM 培养基中, 30°C 静置培养至  $OD_{600}=1.0$  时提取运动发酵单胞菌的总 RNA。

### 1.2 半定量 RT-PCR 方法的建立

**1.2.1 运动发酵单胞菌的总 RNA 提取:** 总 RNA 提取采用改良的异硫氰酸胍法。菌体离心后弃上清,加入 100  $\mu\text{L}$  TE(含溶菌酶 400  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ),振荡混匀后室温静置 5 min; 加入 500  $\mu\text{L}$  提取液(25 mM pH 7.0 柠檬酸钠,含 47.264%异硫氰酸胍, 0.5%月桂肌酸钠),充分混匀,依次加入 500  $\mu\text{L}$  水饱和酚、100  $\mu\text{L}$  氯仿、50  $\mu\text{L}$  乙酸钠(2 mol/L pH 4.2),此后步骤参照文献[4]。

**1.2.2 引物的设计及PCR体系的优化:** 依据大肠杆菌的木酮糖激酶基因 *xylB* 的核酸序列设计扩增引物 XBup和 XBdown; 选择运动发酵单胞菌的持家基因 16S rRNA作为RT-PCR反应的内标基因,上游和下游引物分别为Zm16SrRNA-1 和Zm16SrRNA-2 (表 1)。优化的反应体系: *Taq* DNA 聚合酶(5 U/ $\mu\text{L}$ ) 0.3  $\mu\text{L}$ ,  $\text{MgCl}_2$  (20 mmol/L) 5  $\mu\text{L}$ , 10×PCR buffer 5  $\mu\text{L}$ 、

表 1 PCR 引物信息  
Table 1 Information of PCR Primer

| 基因<br>Gene       | 引物名称<br>Name of Primer | 引物序列<br>Primer sequence          |
|------------------|------------------------|----------------------------------|
| <i>xylB</i>      | XBup                   | 5'-ATTACTTGCCTCTGCGTATGA-3'      |
|                  | XBdown                 | 5'-AGCGATTAAAGCTGGGACAT-3'       |
| <i>Zm16SrRNA</i> | Zm16SrRNA-1            | 5'-TAATCCTGTTTGCTACCCACGCTTTC-3' |
|                  | Zm16SrRNA-2            | 5'-CTGAGACACGGCCCAGACTCTAC-3'    |

dNTPs (10 mmol/L) 1  $\mu$ L, 上下游引物(10  $\mu$ mol/L)各 1  $\mu$ L、DNA template 5  $\mu$ L, 加无菌的超纯水补足 50  $\mu$ L。反应条件: 95 $^{\circ}$ C 5 min; 94 $^{\circ}$ C 30 s, 59 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 30 个循环; 72 $^{\circ}$ C 5 min。

**1.2.3 RNA 中残留 DNA 的检测:** 以各样本的 1  $\mu$ g 总 RNA 为模板, 分别用引物对 Zm16SrRNA-1 和 Zm16SrRNA-2 以及 XBup 和 XBdown 扩增目的基因和内标基因以检测样品中 DNA 的污染, 阳性和阴性对照的 PCR 分别以菌 An1CP4 和水为模板。

**1.2.4 总RNA的定量及反转录RT-PCR:** 测定RNA的 $OD_{260}$ 和 $OD_{280}$ 的值, 评价RNA的浓度和质量。依据 $OD_{260}$ 的数值, 调整各个样品至相同浓度。取各样品的总RNA 1  $\mu$ g, 六碱基随机引物 1  $\mu$ L (0.5  $\mu$ g/ $\mu$ L), 依据 Promega 的 ImPromII Reverse Transcriptase 说明书做反转录。取 5  $\mu$ L 稀释 10 倍的 cDNA 为模板进行半定量 RT-PCR, 按 1.2.2 的条件反应。

**1.2.5 平台期的检测:** 以样品An1CP4 的稀释 10 倍的 5  $\mu$ L cDNA为模板分别扩增 $xylB$ 和 16S rRNA, 分别将 25 至 34 个循环产物依次上样, 电泳观察平台期。进一步用GelPro4.0 扫描分析各电泳条带的积分光密度值(Integrated optical density, IOD)进行定量分析。在PCR指数扩增期, 对公式 $N=N_0(1+Y)^n$  ( $Y$ 为扩增效率,  $N_0$ 为起始模板数,  $n$ 为循环数,  $N$ 代表模板扩增程度)<sup>[5]</sup>, 两侧取对数, 得 $\lg N=\lg N_0+n\lg(1+Y)$ , 即 $\lg N$ 与 $n$ 呈一定的线性关系。以扩增产物IOD的对数值为纵坐标, 相应的循环数为横坐标作图, 分析扩增曲线和电泳结果确定适合的循环参数。

**1.2.6 半定量 RT-PCR 分析  $xylB$  的表达水平:** 以稀释 10 倍的 cDNA 为模板, 按上述反应体系用引物 XBup 和 XBdown 扩增目的基因, 以相同的 cDNA 为模板, 用引物 Zm16SrRNA-1 和 Zm16SrRNA-2 扩增样品中 16S rRNA 基因。分别上样 20  $\mu$ L, 电泳结果经凝胶成像系统扫描分析各电泳条带的光密度值, 分析目的基因相对内参基因的表达丰度。从总 RNA 提取, 到反转录 RT-PCR 重复 3 次。按上述条件, 将目的基因与内标基因在同一管扩增, 相同的方法分析目的基因的表达丰度。

**1.2.7 木酮糖激酶活力测定:** 木酮糖激酶(XK)的酶活测定参考Simpson等人的方法<sup>[6]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 总 RNA 提取方法的建立及结果

本实验采用改良的异硫氰酸胍法提取细菌的总 RNA, 电泳结果如图 1 所示, 23S rRNA 和 16S rRNA 条带清晰, 亮度比例在 2: 1 与 1: 1 之间,  $OD_{260}/OD_{280}=1.89$ , 所提取的RNA质量良好可用于后续的半定量分析。

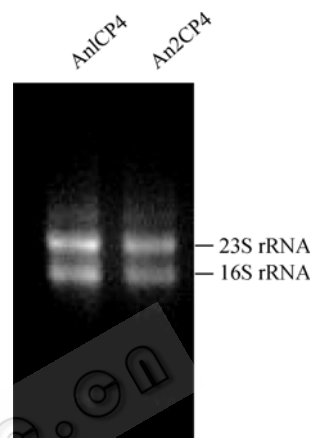


图 1 菌株 An1CP4 和 An2CP4 总 RNA

Fig. 1 Total RNA of strain An1CP4 and An2CP4

### 2.2 总 RNA 中基因组 DNA 残留的检测

制备 RNA 时基因组 DNA 污染将会干扰下游 PCR 或 Northern Blot 实验, 更会影响运用半定量 RT-PCR 法对目的基因转录水平的精确定量, 故总 RNA 样品中基因组 DNA 的检测至关重要。各以样品菌株 CP4、An1CP4 和 An2CP4 的 1  $\mu$ g 总 RNA 为模板进行 PCR, 未能扩增出  $xylB$  基因的 485 bp 和 Zm16SrRNA 的 444 bp 的特异片段, 而正对照电泳有特异条带, 且与预期大小片段相符(图 2)。说明 RNA 样品中无  $xylB$  和 Zm16SrRNA 的 DNA 污染, 可用于 RT-PCR 反应。

### 2.3 平台期的观测及循环参数的确定

$xylB$  的 PCR 产物从 25 到 34 个循环时的电泳结果如图 3 所示: 随循环数的增加, 485 bp 目的条带的亮度也逐渐增大(图 3A), Zm16SrRNA 的 PCR 扩增电泳图谱呈现相似的趋势(图 3B), 进一步扫描分析各电泳条带的积分光密度值(Integrated optical density, IOD)进行定量分析。以  $xylB$  扩增的循环数为横坐标, 扩增产物电泳条带 IOD 的对数值为纵坐标的曲线图(图 3)表明其扩增产物的对数值在循环数  $n$  从

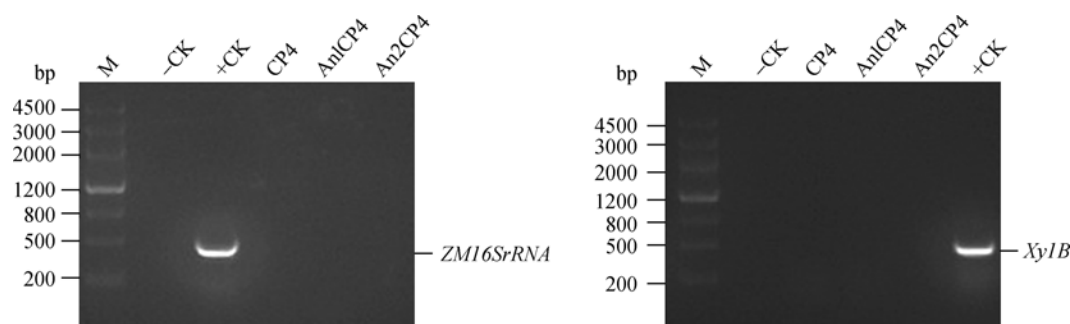
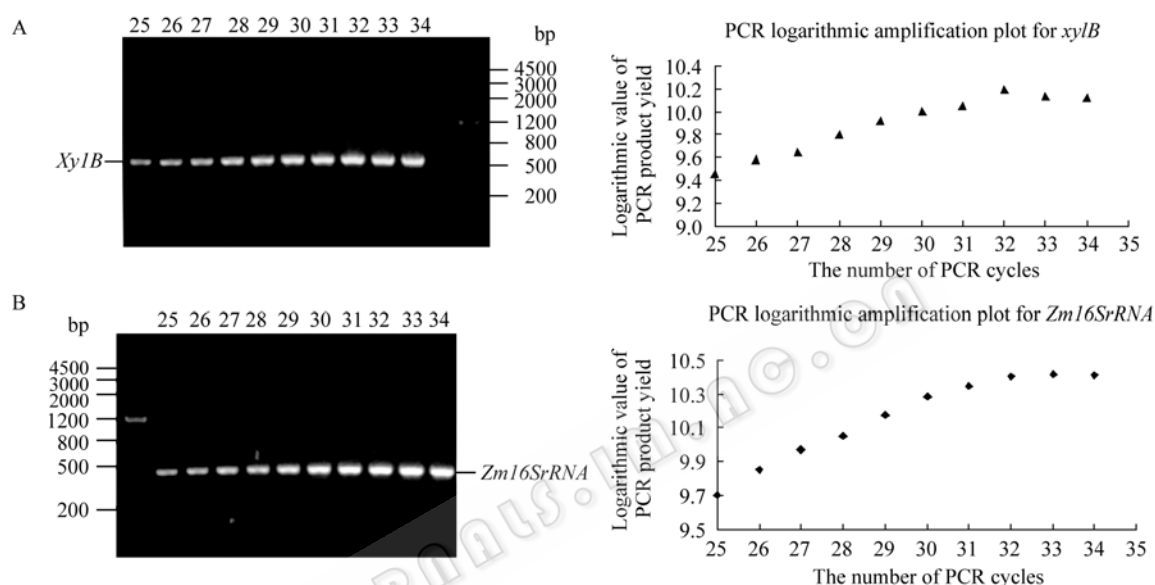


图 2 总 RNA 中残留基因组 DNA 的 PCR 检测

Fig. 2 Detection of genomic DNA contamination in total RNA

图 3 基因 *xylB* 和 *Zm16SrRNA* 的 PCR 电泳图谱及扩增曲线Fig. 3 PCR electrophoresis pattern and amplification profile of *xylB* and *Zm16SrRNA*

注: A 和 B 分别为基因 *xylB* 和 *Zm16SrRNA* 第 25 至 34 个循环的电泳图谱及扩增曲线。

Note: A and B indicated Electrophoresis and amplification profile of *xylB* and *Zm16SrRNA* from 25 to 34 cycles respectively.

25 到 32 时也呈现很好的线性关系: 拟合公式为  $y=0.1045x+9.3582$ ,  $R^2$  值为 0.9898, 说明在 32 循环内尚未达到平台期, 而 32 个循环后的 PCR 产物上样后 IOD 值变化不大, 说明已接近平台期。内标基因 *Zm16SrRNA* 扩增产物 IOD 的对数值在循环数  $n$  从 25 到 32 时也呈现很好的线性关系, 拟合公式为  $y=0.1067x+7.0672$ , 其中  $R^2$  值为 0.991。在 27 到 32 个循环时, 外源基因与内标基因的扩增产物亮度清晰, 本研究选择 30 为定量 PCR 反应的适合循环参数。

#### 2.4 *XylB* 基因的 mRNA 表达水平

样品 CP4、An1CP4、An2CP4 的 1  $\mu$ g 总 RNA 反转录 cDNA 后, 以 5  $\mu$ L 稀释 10 倍的 cDNA 为模板进行 PCR, 20  $\mu$ L 产物电泳如图 4A 所示, 3 个样品的内标基因运动发酵单胞菌 16S rRNA 扩增产物的亮度基本一致; 野生型运动发酵单胞菌 CP4 未扩增

出外源基因 *xylB*, 而样品 An1CP4 和 An2CP4 的目的基因 *xylB* 亮度基本一致(图 4A)。扫描分析各电泳条带的光密度值, 以目的基因和内标基因的光密度值之比作为目的基因的相对表达量, 样品 An1CP4 和 An2CP4 的 *xylB* 相对内标基因的表达量分别为 61% 和 59%(图 4B), 即 An1CP4 和 An2CP4 的 *xylB* mRNA 丰度比约是 1.03: 1; 而目的基因和内标基因同管扩增的结果显示 An1CP4 的 *xylB* mRNA 丰度是 An2CP4 的 1.06 倍, 也进一步验证两样本的目标基因转录无显著差异(图 4C)。以上结果表明外源基因 *xylB* 在菌株 An1CP4 和 An2CP4 中均能够被有效的转录, 并有较高的表达水平, 这说明外源基因 *xylB* 在组成型启动子 P<sub>gap</sub> 的控制下能有效的转录; 而 2 个工程菌株的目的基因转录水平无显著差异也表明终止子的差异未对 *xylB* 基因的转录造成影响。

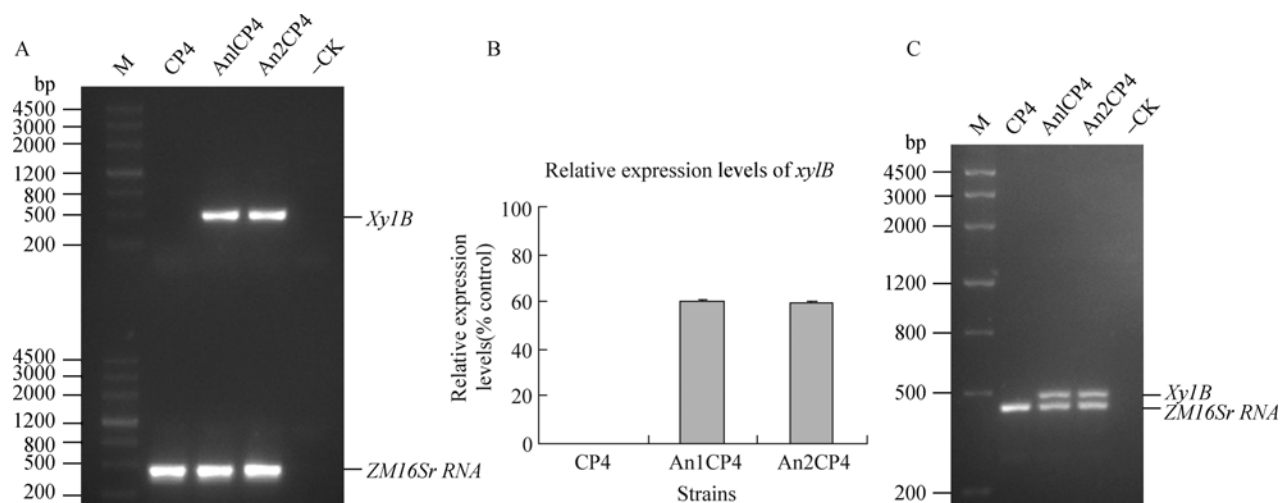


图 4 运动发酵单胞菌及其重组菌株的外源基因 *xyIB* 的表达水平

Fig. 4 Expression levels of foreign gene *xyIB* in *Zymomonas mobilis* wild-type and recombinant strains

Note: A: The mRNA levels of *xyIB* in wild-type and recombinant CP4 strains were detected by RT-PCR method and the *Zm16SrRNA* was amplified as the quantitative control; B: The expression abundances in A were quantified by software Gel-Pro Analyzer. Digitized intensities of *xyIB* bands were normalized to that of the 16S rRNA band in each lane, and the relative expression levels in percentage were shown; C: Further affirmation of the relative mRNA expression levels of *xyIB* by one tube semi-quantitative RT-PCR.

## 2.5 木酮糖激酶的酶活检测

样本 CP4、An1CP4 和 An2CP4 的 XK 酶活分别为 0、1.99 U/mg 和 1.89 U/mg, 进一步验证了 *xyIB* 基因在菌株 An1CP4 和 An2CP4 中有较好的表达。

## 3 讨论

半定量 RT-PCR、Real time RT-PCR 以及 Northern 等方法均可检测细胞内的 mRNA 水平<sup>[7]</sup>。杂交法所需起始材料 RNA 用量大、灵敏度低; PCR 定量法可以使靶基因扩增几百万倍, 几微克甚至纳克级水平的 RNA 就足可以对样品进行定量, 灵敏度高<sup>[8]</sup>。实时 PCR 可对起始模板进行准确、便捷的定量分析, 但需要专门的试剂和仪器, 价格昂贵; 半定量 RT-PCR 技术能相对精确有效的反映基因的转录水平, 又不需要专门的仪器和设备, 因此被许多实验室广泛使用。

运用半定量 RT-PCR 对运动发酵单胞菌中的 mRNA 实现准确而有效的定量, 以下几个因素尤为关键:

1) 总 RNA 的质量: 考虑反转录及 PCR 的抑制因素, RT-PCR 与 Northern 相比, 对 RNA 纯度和样本之间的精确定量要求较高。本研究将异硫氰酸胍法改良用于提取运动发酵单胞菌的总 RNA: 通过加入含溶菌酶的 TE 重悬菌体温浴 5 min 破坏细胞壁, 提高裂解能力, 增加了 RNA 得率及纯度。RNA 样

本中残留的 DNA 通过 PCR 扩增将会对反应的结果产生直接的影响, 因此对 RNA 样品中残留基因组 DNA 的检测十分重要。

2) 循环参数的选择: 半定量 RT-PCR 技术是利用在 PCR 扩增的指数期产物量的对数值与起始模板量呈线性关系, 通过扩增反应终产物的量来反映总 RNA 中目的基因 mRNA 的量。但是随着扩增反应的进行, *Taq* 酶活性和溶液中反应底物不断下降, 产物量会达到一个平台<sup>[7]</sup>。因而选择合适的循环数使扩增反应在到达平台期前结束, 且扩增产物在琼脂糖凝胶上清晰可见是实现有效定量的关键因素。

3) 内源参照物: 在半定量 RT-PCR 中, 要有效地监控样本的细胞数量, 考虑到 RNA 反转录的效率和 PCR 抑制剂对定量的影响, 通常选择样本持家基因的表达作为内标同时定量<sup>[9]</sup>, 这类基因的表达与细胞的基础代谢相关。常用的持家基因有 *GAPDH*, *β-actin*, 18S rRNA、16S rRNA 等<sup>[5]</sup>。但大多数持家基因通常具有较高的转录水平, 在 PCR 反应过程中会比目的基因先到达平台期<sup>[10]</sup>, 合适的内标基因选择对精准定量也极为重要。

目前, 运动发酵单胞菌已成为潜在的燃料乙醇生产菌之一, 其基因工程菌已被美国杜邦等几家公司用作纤维素原料的乙醇发酵生产试验; 其代谢机理、基因表达调控及发酵等研究也备受关注<sup>[3,11,12]</sup>, 研究层次也将在功能基因组和蛋白组, 转录组和代

谢组水平不断深入。mRNA的合成作为基因表达的一个检测参数,为细胞生物化学提供了一个独特的视角<sup>[5]</sup>。对运动发酵单胞菌中基因转录水平的研究多采用Northern方法<sup>[13-15]</sup>,而RT-PCR技术在运动发酵单胞菌中的应用则较为有限,2005年Anastasia等人用该技术从转录水平上证实了glc操纵子上基因的表达受葡萄糖浓度的调节<sup>[11]</sup>。

本研究系统地阐述了半定量 RT-PCR 技术在检测运动发酵单胞菌中外源基因转录水平的应用,首次对构建在多拷贝质粒上的外源基因在运动发酵单胞菌中的转录水平进行了分析,获得了很好的效果,为在运动发酵单胞菌中进行基因表达调控及转录组的研究奠定了技术手段。

## 参 考 文 献

- [1] 刘巍峰, 张晓梅, 陈冠军, 等. 木糖发酵酒精代谢工程的研究进展. 过程工程学报, 2006, 6(1): 138-143.
- [2] Jeffries TW. Ethanol fermentation on the move. *Nature Biotechnology*, 2005, 23(1): 40-41.
- [3] Rogers PL, Jeon YJ, Lee KJ, *et al.* *Zymomonas mobilis* for fuel ethanol and higher value products. *Adv Biochemical Eng Biotechnology*, 2007, 108: 263-288.
- [4] Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T, *et al.* 分子克隆实验指南. 金冬雁, 黎孟枫等译. 第三版. 北京: 科学出版社, 2002, pp.518-522.
- [5] Farrell RE Jr. RNA 分离与鉴定实验指南-RNA 研究方法. 第三版. 金由辛, 刘建华, 金言等译. 北京: 化学工业出版社, 2007, pp.269-271.
- [6] Simpson FJ. D-Xylulokinase. *Methods Enzymol*, 1966, 9: 454-458.
- [7] 迪芬巴赫 CW, 德维克斯勒 GS. PCR 技术实验指南.
- 黄培堂, 俞炜源, 陈添弥等译. 第一版. 北京: 科学出版社, 2002, pp.205-216.
- [8] 陈爱美, 陈仪本. 竞争性 RT-PCR 法及对大肠杆菌 *acrA* 基因 mRNA 表达水平的定量研究. *微生物学报*, 2007, 47(2): 235-239.
- [9] Goerke C, Bayer MG, Wolz C. Quantification of bacterial transcripts during infection using competitive reverse transcription-PCR (RT-PCR) and LightCycler RT-PCR. *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology*, 2001, 8(2): 279-282.
- [10] Marone M, Mozzetti S, Ritis DD, *et al.* Semiquantitative RT-PCR analysis to assess the expression levels of multiple transcripts from the same sample. *Biol Proced*, 2001, 3(1): 19-25.
- [11] Christogianni A, Douka E, Koukkou AI, *et al.* Transcriptional analysis of a gene cluster involved in glucose tolerance in *Zymomonas mobilis*: Evidence for an osmo-regulated promoter. *J Bacteriol*, 2005, 187(15): 5179-5188.
- [12] Fu N, Peiris P. Co-fermentation of a mixture of glucose and xylose to ethanol by *Zymomonas mobilis* and *Pachysolen tannophilus*. *World J Microbiol Biotechnol*, 2008, 24: 1091-1097.
- [13] Barnell WO, Liu J, Hesman TL, *et al.* The *Zymomonas mobilis* *glf*, *zwf*, *edd*, and *glk* genes form an operon localization of the promoter and identification of a conserved sequence in the regulatory region. *J Bacteriol*, 1992, 174(9): 2816-2823.
- [14] Hesman TL, Barnell WO, Conway T, *et al.* Cloning, characterization, and nucleotide sequence analysis of a *Zymomonas mobilis* phosphoglucose isomerase gene that is subject to carbon source-dependent regulation. *J Bacteriol*, 1991, 173(10): 3215-3223.
- [15] Liu J, Barnell WO, Conway T. The polycistronic mRNA of the *Zymomonas mobilis* *glf-zwf-edd-gl*k operon is subject to complex transcript processing. *J Bacteriol*, 1992, 174(9): 2824-2833.

## 栏目介绍

## 生物实验室

将原来“技术与方法”栏目改为“生物实验室”。刊发的文章主要侧重于从实验室科研人员的角度,深度报道使用某种仪器设备进行实验后所获得的最新结果,交流由此衍生出的新技术新方法。希望此栏目能够成为架起实验室与实验室,以及实验室与仪器生产商之间联系的桥梁。