

喹啉废水反硝化反应器中优势菌的代谢功能分析

仲汇慧 张晓君* 岳思青 袁飞 王凌华 赵立平

(上海交通大学生命科学技术学院 教育部微生物代谢重点实验室 上海 200240)

摘要: 采用纯培养技术对一个降解喹啉的反硝化反应器筛选到的 26 株优势菌株进行反硝化能力以及好氧降解喹啉能力研究, 其中的反硝化菌还测定了反硝化条件下的喹啉降解能力。结果发现 *Bacillus*、*Staphylococcus*、*Pseudomonas*、*Brucella*、*Delftia* 等 5 个属的 10 株菌具有反硝化能力, *Rhodococcus* 属的 9 株细菌能够好氧降解喹啉, 揭示了反硝化喹啉降解反应器中主要细菌类型的代谢特性, 发现在缺氧反硝化反应器中存在多样的代谢类型的细菌。

关键词: 喹啉, 反硝化, 降解率, 优势细菌, 群落

Analysis for Metabolic Activity of Predominant Bacterial Isolates in a Lab-scale Denitrifying Bioreactor for Quinoline-degradation

ZHONG Hui-Hui ZHANG Xiao-Jun* YUE Si-Qing YUAN Fei
WANG Ling-Hua ZHAO Li-Ping

(Key Laboratory of Microbial Metabolism, Ministry of Education, College of Life Science and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

Abstract: Using the pure culture technology, we analyzed 26 predominant bacterial strains isolated from a denitrifying quinoline-degrading bioreactor. The capacity of denitrification and aerobic degradation for quinoline of these strains was determined. Then the ability of denitrifying degradation of quinoline by selected denitrifying strains was measured. The results showed that 10 strains of isolates, which belong to *Bacillus*, *Staphylococcus*, *Pseudomonas*, *Brucella* and *Delftia*, were denitrifying bacteria. Whereas, 9 strains of isolates belonging to *Rhodococcus* had the ability of quinoline degradation under aerobic condition. This work described the metabolism function of the major predominant bacteria of microbial community in a quinoline degrading bioreactor. Diverse bacteria, in terms of metabolism, existed in the anoxic denitrifying bioreactor.

Keywords: Quinoline, Denitrification, Degrading efficiency, Predominant bacteria, Community

反硝化过程中反硝化细菌以有机碳源作为电子供体, 以硝酸盐氮为电子受体并最终还原为氮气, 同时有机物得以降解。反硝化过程常用来处理废水

中的一些复杂的有机物^[1-5]。喹啉在化工、医药及农药生产中经常用作溶剂和原材料, 是焦化等废水中常见的一类含氮杂环化合物, 具有毒性和潜在致

癌性^[6],含喹啉废水的排放对人类的健康和环境造成威胁。但喹啉属难降解化合物,因此,近年来对喹啉的降解进行了较多研究。反硝化条件下降解喹啉^[3,7]及其代谢途径^[8]也有报道,但对于反硝化降解喹啉过程中起关键作用的微生物及其发挥作用的机制却缺乏深入研究。刘彬彬等^[9]发现,在一个运行状态稳定的实验室反硝化喹啉降解生物反应器中,变形菌纲β亚纲的微生物成为主要的类群,其中 *Thauera* 和 *Azoacus* 属的微生物具有明显的优势。洪璇^[10]从焦化废水活性污泥及喹啉驯化的反硝化反应器生物膜样品中分离获得56株与喹啉降解相关的菌株,分离的大部分菌株在好氧条件下具有较强的喹啉降解能力,但是分离细菌是否可进行反硝化降解没有报道。本研究采用纯培养技术对喹啉降解反硝化反应器中筛选到的26株优势菌株进行了反硝化能力以及降解喹啉能力的研究,揭示了该反应器中一些主要微生物种群的代谢状况,为深入了解反应器的喹啉降解微生物群落的生态学奠定了基础。

1 材料和方法

1.1 反应装置

本实验室建立了一个以喹啉为唯一碳源驯化的反硝化反应器,运行两年多时间,状态稳定。反应器体积为2 L,弹性材料作为填料,种子污泥采集于某焦化厂废水处理系统的二沉池。人工合成废水的成分为:100 mg/L喹啉、0.24 g/L NaNO₃、0.14 g/L K₂HPO₄·3H₂O。反应器为密闭系统,处于缺氧状态,合成废水中的硝酸根作为反硝化反应的电子受体。运行条件: HRT = 24 h、T = 25℃。定期测定反应器进、出水的喹啉浓度及NO₃⁻-N浓度。

1.2 菌株来源

从反应器运行稳定阶段采集了反应器填料表面的生物膜样品,并从中分离获得了约1200株分离物,以反应器生物膜总DNA作为探针与全部分离物分别进行菌落杂交,从中筛选得到26株优势纯菌,并进行分类地位鉴定,本文以这些菌株作为实验菌株(表1)。已知具有反硝化能力的 *Thauera*

表1 实验菌株及其系统发育分析结果
Table 1 Tested strains and their phylogenetic analysis

No. of tested strains	Closest neighbour from database (Accession No.)	Similarity (%)	Accession No.
1	<i>Bacillus pumilus</i> strain GF-2 (EU287450.1)	99	GU143662
2	<i>Staphylococcus aureus</i> strain SC01 (FJ899095.1)	99	GU143663
3	<i>Bacillus cereus</i> strain Y3 (GQ462534.1)	100	GU143664
4	<i>Staphylococcus aureus</i> strain SC01 (FJ899095.1)	99	GU143665
5	<i>Bacillus pumilus</i> strain XJSL5-4 (GQ903423.1)	100	GU143666
6	<i>Bacillus pumilus</i> strain XJSL5-4 (GQ903423.1)	100	GU143667
7	<i>Microbacterium</i> sp. PHD-5 (DQ227343.1)	100	GU143668
8	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143669
9	<i>Pseudomonas</i> sp. 13632A (EU741071.1)	100	GU143670
10	<i>Pseudomonas</i> sp. 13632A (EU741071.1)	100	GU143671
11	<i>Bacillus pumilus</i> strain GF-2 (EU287450.1)	100	GU143672
12	<i>Micrococcaceae bacterium</i> KVD-1921-02 (DQ490458.1)	100	GU143673
13	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143674
14	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	100	GU143675
15	<i>Brucella</i> sp. DMA (DQ513323.1)	100	GU143676
16	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143677
17	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143678
18	<i>Staphylococcus aureus</i> strain SC01 (FJ899095.1)	100	GU143679
19	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143680
20	<i>Microbacterium</i> sp. Atl-19 (GQ028128.1)	98	GU143681
21	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143682
22	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143683
23	<i>Bacillus cereus</i> strain S45 (GQ462533.1)	99	GU143684
24	<i>Delftia tsuruhatensis</i> strain WXZ-1 (EF440614.1)	98	GU143685
25	<i>Microbacterium</i> sp. ZD-M2 (DQ417926.1)	99	GU143686
26	<i>Rhodococcus</i> sp. QL2 (EF079074.1)	99	GU143687
T	<i>Thauera linaloolentis</i> strain 47Lo1 (DSM 12138) (NR_025283.1)	100	

linaloolentis strain 47Lol (DSM 12138)作为反硝化实验的阳性对照菌株。

1.3 培养基

LB 液体培养基(1 L): 酵母粉 5 g, 蛋白胨 10 g, NaCl 10 g。基本培养基(1 L): $\text{K}_2\text{HPO}_4 \cdot 3\text{H}_2\text{O}$ 3.275 g, $\text{NaH}_2\text{PO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 1.146 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.1 g, CaCl_2 0.018 g, 微量元素 [$\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 0.560 mg, $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 0.782 mg, FeCl_3 0.500 mg, $(\text{NH}_4)_6\text{Mo}_7\text{O}_{24} \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 3 mg]。反硝化培养基 I (LBN): LB 液体培养基 + 1 mmol/L NO_3^- 。反硝化培养基 II (MMN): 基本培养基 + 0.1 g/L 酵母提取物 + 0.06 g/L 葡萄糖 + 1 mmol/L NO_3^- 。好氧降解喹啉测试培养基(MMQ): 基本培养基 + 50 mg/L 喹啉 + 0.5 mmol/L NO_3^- 。反硝化降解喹啉测试培养基 I (MMNQ I): 基本培养基 + 0.1 g/L 酵母提取物 + 50 mg/L 喹啉 + 1 mmol/L NO_3^- 。反硝化降解喹啉测试培养基 II (MMNQ II): 基本培养基 + 50 mg/L 喹啉 + 1 mmol/L NO_3^- 。

1.4 反硝化能力测试

采用 LBN 和 MMN 两种液体培养基。培养瓶(100 mL 透明培养瓶)加入培养液 20 mL。接入活化的细菌, 橡胶塞密封瓶口, 以无菌高纯氮气置换瓶内空气后, 28℃、170 r/min 振荡培养 5 d, 测定菌悬液浓度(OD_{600})和 NO_3^- -N 浓度。

1.5 反硝化降解喹啉能力测试

分别采用 MMNQ I 和 MMNQ II 培养基。方法同 1.4。培养后测定 NO_3^- -N 和喹啉浓度。

1.6 好氧降解喹啉能力测试

采用 MMQ 液体培养基。每个试管(18 mm × 180 mm)加入无菌培养液 6 mL。接种后, 30℃、

140 r/min 振荡培养 5 d。测定喹啉浓度。

1.7 测定方法

培养液以分光光度法(UV7501)测定 OD_{600} , 代表菌体生物量。培养液以 10000 r/min 常温离心 5 min, 取上清液测定 NO_3^- -N 和喹啉浓度。 NO_3^- -N 浓度测定采用 PXJ-1B 型数字式离子计(江苏江分电分析仪器有限公司), 配合 p NO_3 -1 型硝酸根离子选择性电极(上海精密科学仪器有限公司)。喹啉浓度的测定: (1) 分光光度法测定 $OD_{313}^{[11]}$; (2) 高效液相色谱(HPLC)法: 岛津 LC10ADVP (SPD10AVP UV-Vis Detector), Diamonsil C18 色谱柱(250 mm × 4.6 mm, 5 μm), 流动相为甲醇与水(体积比为 4:1), 流速为 1 mL/min; 检测波长为 220 nm, 进样体积为 10 μL。

2 结果

2.1 反硝化反应器的运行状况

采样前后反应器运行状态稳定, NO_3^- -N 的去除率达到 90%以上, 喹啉去除率稳定在 80%左右。

2.2 菌株反硝化能力测试结果

实验菌株在 LBN 液体培养基厌氧培养后的生物量如图 1 所示。可以看出 11 株菌株(编号为 1、2、3、4、9、10、15、18、20、23、24)经培养后生物量明显增加。这些在添加硝酸盐的 LBN 中生长的菌株可能是反硝化菌。因此, 挑选这些菌株进一步用 MMN 培养基测定它们的反硝化能力。

11 株可在 LBN 中生长的菌株以 MMN 培养基培养后, 除 20 号菌株外, 其他菌株都能去除 NO_3^- -N。其中 7 株菌的 NO_3^- -N 去除率达到 90%以上, 其他 3 株(编号 2、4、18)菌株的去除率在

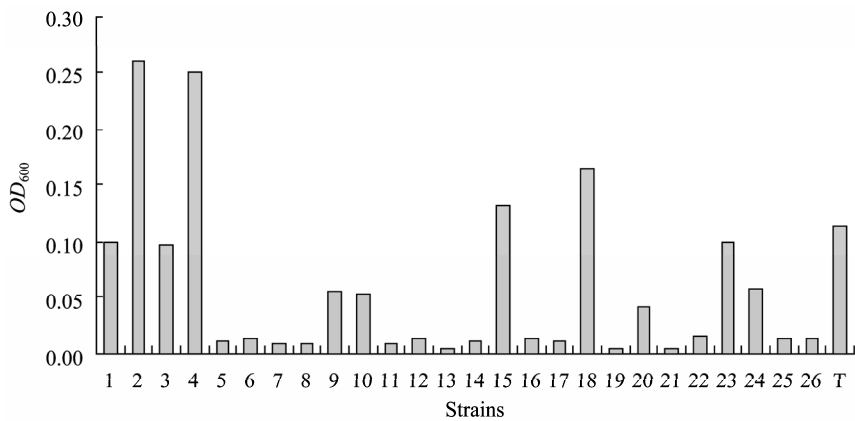


图 1 菌株在 LBN 培养基中反硝化条件培养 5 d 后的生长情况
Fig. 1 Growth of strains after cultivation under denitrification condition for 5 d in LBN media

50%–75%之间(图2)。说明菌株1、2、3、4、9、10、15、18、23和24都具有较好的反硝化能力,这10株菌株属于 *Bacillus*、*Staphylococcus*、*Pseudomonas*、*Brucella* 和 *Delftia* 5个属。

2.3 菌株反硝化降解喹啉能力测试结果

10株反硝化菌株以MMNQ I培养基在反硝化条件下培养后测定 NO_3^- -N去除能力,结果如图3所示。除了来自 *Staphylococcus* 属的2、4、18号菌株,其他7株菌株都能有效去除培养基中的 NO_3^- -N,去除率大于60%,说明这些菌可以进行反硝化。培养液采用分光光度法和高效液相色谱(HPLC)法测定喹啉浓度,两种方法的测定结果均表明10株待测菌都不能降解喹啉。

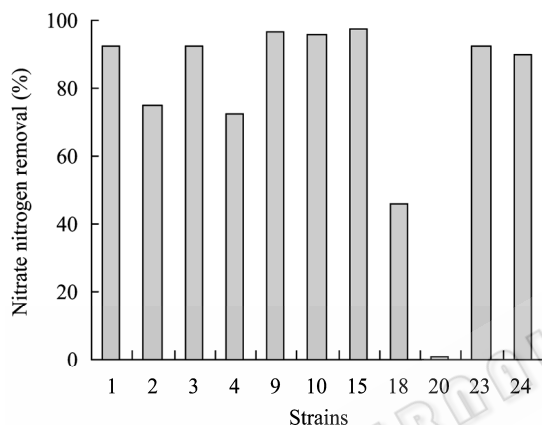


图2 菌株在MMN培养基中反硝化条件培养5 d后的 NO_3^- -N去除率

Fig. 2 NO_3^- -N removal after cultivation under denitrification condition for 5 d in MMN media

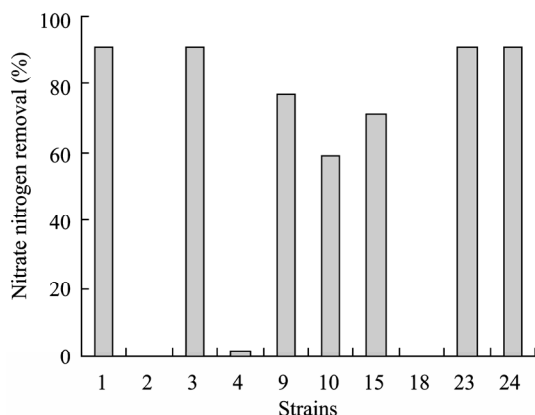


图3 菌株在MMNQ I培养基中反硝化条件培养5 d后的 NO_3^- -N去除率

Fig. 3 NO_3^- -N removal efficiencies after cultivation under denitrification condition for 5 d in media MMNQ I

10株反硝化菌株采用以喹啉为唯一碳源的MMNQ II培养基在反硝化条件下培养。经测定发现,10株菌株的培养液中喹啉浓度和 NO_3^- -N浓度都没有减少,说明以喹啉为唯一碳源时,10株待测反硝化菌株不能进行反硝化和降解喹啉。

2.4 菌株好氧降解喹啉能力测试结果

采用MMQ液体培养基好氧培养5 d后,测定计算菌株对喹啉的降解率。结果发现,仅 *Rhodococcus* 属的9株菌有好氧降解喹啉的能力(表2)。这些菌降解喹啉能力有所差异,其中菌株8、16、17、19、26的喹啉降解能力较高,降解率达到86%–94%;菌株13、14、21、22的降解能力较差,为20%–50%。而10株有反硝化能力的菌株均不能够好氧降解喹啉。

表2 *Rhodococcus* 属菌株好氧培养5 d后的喹啉降解率
Table 2 Quinoline degradation by *Rhodococcus* after aerobic cultivation for 5 d

No. of tested strains	Percentage of quinoline degradation (%)
8	87.33
13	34.57
14	48.15
16	86.09
17	87.41
19	94.00
21	24.69
22	47.16
26	87.74

3 讨论

我们对从一个具有良好喹啉降解效果的喹啉废水反硝化反应器的群落内分离的26株优势细菌进行了分析,发现来自 *Bacillus*、*Staphylococcus*、*Pseudomonas*、*Brucella*和 *Delftia* 5个属的10株菌具有反硝化能力,这些类群的微生物具有反硝化能力也有相关文献报道^[12–14]。经过进一步分析发现,以喹啉和酵母提取物为碳源时, *Bacillus*、*Pseudomonas*、*Brucella*、*Delftia*属的7株菌可以利用培养基中的酵母提取物作为碳源进行反硝化,表明这7株菌能够耐受喹啉。而 *Staphylococcus* 属的3株菌不能耐受50 mg/L喹啉,反硝化能力受到喹啉抑制。 *Brucella* 属和 *Delftia* 属的微生物在喹啉废水群落中占有优势,且可耐受喹啉进行反硝化还未见报道。但是,这些

反硝化菌株却不能以喹啉为唯一碳源进行反硝化作用。

此外, 我们发现, *Rhodococcus* 属的 9 株细菌具有好氧降解喹啉能力。目前分离到的能够降解喹啉的微生物菌株中假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)的报道居多。*Rhodococcus* 属的细菌能够降解喹啉也有报道, 如 *Rhodococcus* sp. B1^[15]、*Rhodococcus* sp. Q1^[16]、*R. Erythropolis* strains A66^[17]、*R. Erythropolis* strains A69^[17]、*Rhodococcus* sp. QL2^[18]以及洪璇^[10]从焦化废水反应器的生物膜样品富集培养分离得到的 *Rhodococcus* sp. X-10。我们得到的降解喹啉的 9 株 *Rhodococcus* 属菌株与 *Rhodococcus* sp. QL2 具有 99% 以上的同源性, *Rhodococcus* sp. QL2 菌株分离自某焦化厂的活性污泥中, 可以喹啉为唯一碳源、氮源生长, 并降解喹啉。我们研究的 9 株 *Rhodococcus* 菌中, 菌株 8、16、17、19、26 具有较高的喹啉降解能力, 在低浓度接种情况下, 5 d 的降解率达到 90% 左右, 这些菌株对于含喹啉废水的处理具有重要价值。

在本研究中, 我们没有发现具有反硝化降解喹啉能力的菌株。那么, 在这个以喹啉为唯一碳源驯化的反硝化反应器中, 究竟是哪些微生物类群起关键作用? 我们应用变性梯度凝胶电泳(DGGE)指纹图谱技术, 分析了反硝化反应器在稳定运行状态下的微生物区系组成状况, 发现 *Thauera* 属细菌是其中的最优势类群(未发表)。该结果和我们以前建立的另一个类似反应器的研究结果具有一致性^[8]。*Thauera* 属细菌是一类广泛存在于各种类型的废水处理装置中, 并具有多种芳香族污染物降解能力的重要功能类群^[19-21]。作为反应器中的最优势类型, *Thauera* 属细菌很有可能在反硝化降解喹啉的过程中起重要作用。但 *Thauera* 属细菌分离比较困难^[22], 我们还未曾分离到本研究的反应器中检测到的优势 *Thauera* 细菌。

本实验通过研究反硝化喹啉降解反应器中主要细菌类型的代谢特性, 发现群落中存在较丰富的反硝化细菌, 也有一定丰度的非反硝化细菌。26 株分离菌株都不具有厌氧反硝化降解喹啉的能力, 而群落内存在好氧降解喹啉的菌株, 说明缺氧的反硝化反应器为微生物提供了多样的生态位, 多样的代谢途径在反应器中共存。所有 9 株 *Rhodococcus* 属菌均只能在有氧条件下降解喹啉, 说明我们研究的反

硝化反应器仍存在好氧降解微生物类型, 可能是由于反应器进水中存在的少量溶解氧维持了这些好氧细菌的生存和代谢。*Bacillus*、*Pseudomonas*、*Brucella* 和 *Delftia* 属的微生物在本研究中证明是反硝化菌, 但是不能在反硝化条件下利用喹啉。由于反应器的进水是以喹啉为唯一碳源的, 这些细菌的反硝化作用必然依赖于喹啉的水解产物, 因此在喹啉的降解过程中也发挥着作用。生物生态系统具备的功能是菌群之间共同作用的结果。稳定的微生态系统, 其中的微生物种群可形成相互协作关系, 通过代谢互营作用, 使得难降解有机物得以降解。章非娟^[23]研究微生物对吡啶的反硝化降解时发现, 菌种间的协同作用提高其降解速率。在本文研究的反应器中, 反硝化条件下降解喹啉可能是多种微生物类群共同作用的结果。本文虽只分析了群落的优势菌的代谢特性, 但为我们深入了解微生物群落的功能奠定了基础。

参考文献

- [1] van Schie PM, Young LY. Isolation and characterization of phenol-degrading denitrifying bacteria. *Appl Environ Microbiol*, 1998, **64**(7): 2432-2438.
- [2] Fetzner S. Bacterial degradation of pyridine, indole, quinoline, and their derivatives under different redox conditions. *Appl Microbiol Biot*, 1998(49): 237-250.
- [3] Li YM, Gu GW, Zhao JF, et al. Anoxic degradation of nitrogenous heterocyclic compounds by acclimated activated sludge. *Process Biochemistry*, 2001, **37**(1): 81-86.
- [4] Probian C, Wulfing A, Harder J. Anaerobic mineralization of quaternary carbon atoms: isolation of denitrifying bacteria on pivalic acid (2,2-dimethylpropionic acid). *Appl Environ Microbiol*, 2003, **69**(3): 1866-1870.
- [5] Shinoda Y, Sakai Y, Uenishi H, et al. Aerobic and anaerobic toluene degradation by a newly isolated denitrifying bacterium, *Thauera* sp. strain DNT-1. *Appl Environ Microbiol*, 2004, **70**(3): 1385-1392.
- [6] Azhar NG, Stuckey DC. The influence of chemical structure on the anaerobic catabolism of refractory compounds: a case study of instant coffee wastes. *Water Science and Technology*, 1994(30): 223-232.
- [7] Licht D, Ahning BK, Arvin E. Effects of electron acceptors, reducing agents, and toxic metabolites on anaerobic degradation of heterocyclic compounds. *Biodegradation*, 1996(7): 83-90.
- [8] Johanson SS. Degradation pathway of quinoline in a biofilm system under denitrifying conditions. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 1997, **16**(9):

- 1821–1828.
- [9] Liu BB, Zhang F, Feng XX, *et al.* *Thauera* and *Azoarcus* as functionally important genera in adenitrifying quino-line-removal bioreactor as revealed by microbial commu-nity structure comparison. *FEMS Microbiology Ecology*, 2006, **55**(2): 274–286.
- [10] 洪璇, 张晓君, 孟智奇, 等. 废水反硝化生物反应器中喹啉降解细菌的分离与特性. 应用与环境生物学报, 2008, **14**(6): 803–808.
- [11] 李亚新, 赵晨红. 紫外分光光度法测定焦化废水的主要污染物. 中国给水排水, 2001, **17**(1): 54–56.
- [12] Martienssen M, Schoeps R. Population dynamics of deni-trifying bacteria in a model biocommunity. *Water Research*, 1999, **33**(3): 639–646.
- [13] Heylen K, Vanparys K, Wittebolle L, *et al.* Cultivation of denitrifying bacteria: optimization of isolation conditions and diversity study. *Appl Environ Microbiol*, 2006, **72**(4): 2637–2643.
- [14] Gumaelius L, Magnusson G, Pettersson B, *et al.* *Comamonas denitrificans* sp. nov., an efficient denitrifying bacterium isolated from activated sludge. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001(51): 999–1006.
- [15] Schwarz G, Bauder R, Speer M, *et al.* Microbial metabo-lism of quinoline and related compounds II. Degradation of quinoline by *Pseudomonas fluorescens* 3, *Pseudomonas putida* 86, and *Rhodococcus spec* B1. *Biol Chem*, 1989(370): 1183–1189.
- [16] O’Loughlin EJ, Kehrmeier SR, Sims GK. Isolation, characterization, and substrate utilization of a quino-line-degrading bacterium. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 1996(38): 107–118.
- [17] Santos SCC, Alviano DS, Alviano CS, *et al.* Comparative studies of phenotypic and genetic characteristics between two desulfurizing isolates of *Rhodococcus erythropolis* and the well-characterized *R. erythropolis* strain IGTS8. *J Ind Microbiol Biotechnol*, 2007(34): 423–431.
- [18] 朱顺妮, 刘冬启, 樊丽, 等. 喹啉降解菌 *Rhodococcus* sp. QL2 的分离鉴定及降解特性. 环境科学, 2008, **29**(2): 488–493.
- [19] Mechichi T, Stackebrandt E, Gad’on N, *et al.* Phylogenetic and metabolic diversity of bacteria degrading aromatic compounds under denitrifying conditions, and description of *Thauera phenylacetica* sp. nov., *Thauera aminoaro-matica* sp. nov., and *Azoarcus buckelii* sp. nov.. *Arch Mi-crobiol*, 2002(178): 26–35.
- [20] Thomsen TR, Kong Y, Nielsen PH. Ecophysiology of abundant denitrifying bacteria in activated sludge. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, **60**(3): 370–382.
- [21] Valle A, Bailey MJ, Whiteley AS, *et al.* N-acyl-L-homoserine lactones (AHLs) affect microbial community composition and function in activated sludge. *Environmental Microbiology*, 2004, **6**(4): 424–433.
- [22] 毛跃建, 张晓君, 张宝让, 等. 专一性 PCR 和变性梯度胶电泳协助从焦化废水处理装置中分离优势功能菌 *Thauera* 属菌株. 微生物学报, 2008, **48**(12): 1634–1641.
- [23] 章非娟, 李冬生, 陈艳丽. 焦化废水处理反硝化过程中吡啉的降解. 给水排水, 1998, **24**(9): 30–34.

编辑部公告

《微生物学通报》英文刊名变更

《微生物学通报》之前使用的英文刊名“Microbiology”因在国际上有重名,造成了本刊在被国内外作者引用以及国外数据库收录时英文刊名的混乱,这大大影响了本刊在国际上的传播,也不利于对我刊引用数据的统计。经本届编委会讨论,以及主办单位批准,本刊英文刊名自 2010 年起变更为“Microbiology China”,请各位作者、读者和数据库引用时注意使用。

《微生物学通报》编辑部

2009-12-25