

一株纤维素降解菌的分离、鉴定及对玉米秸秆的降解特性

吴文韬 鞠美庭* 刘金鹏 刘博群 佟树敏

(南开大学 环境科学与工程学院 天津 300071)

摘要:【目的】获得高产纤维素酶细菌菌株,探讨以氨化预处理玉米秸秆为底物时的纤维素酶产酶特性及底物降解特性,探讨纤维素酶作用机理,提高玉米秸秆利用率。【方法】用 LB 培养基分离并纯化菌株,羧甲基纤维素钠培养基培养、刚果红染色进行初步筛选。考察氨化预处理对底物降解率、产酶能力的影响。通过形态特征观察及 16S rRNA、Biolog 鉴定菌株。【结果】分离到一株高效纤维素降解菌 NH11,经鉴定为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)。30 °C、发酵 5 d 时,预处理前后玉米秸秆降解率分别为 14.24%和 24.73%。30 °C、pH 7.2 时,处理组 CMC 酶活力峰值处为 153.84 U/mL, FPA 酶活力为 197.24 U/mL,比未处理组分别高出 11.45%和 10.59%。【结论】NH11 具有较高的纤维素酶产酶能力,氨化预处理能够提高菌株对玉米秸秆的降解率。该菌株在秸秆堆肥、制作食用菌培养基和制取反刍动物粗饲料方面具有很高的应用价值。

关键词: 农业废弃物, 纤维素酶, 玉米秸秆, 分离筛选, 预处理, 降解

Isolation, identification and corn stalk degradation characteristics of cellulose-degrading bacterial strain NH11

WU Wen-Tao JU Mei-Ting* LIU Jin-Peng LIU Bo-Qun TONG Shu-Min

(The College of Environmental Science and Engineering, Nankai University, Tianjin 300071, China)

Abstract: [Objective] This study is aimed to obtain effective cellulose-degrading bacterial

基金项目: 天津市科技计划重点项目(No. 12ZCZDSF01700)

*通讯作者: ✉: jumeit@nankai.edu.cn

收稿日期: 2012-05-29; 接受日期: 2012-08-07

strains and study the characteristics of cellulase production and degradation characteristics used $\text{NH}_3\cdot\text{H}_2\text{O}$ pretreated corn stalk as substrate, and explore mechanism of cellulose enzyme so as to improve the resource utilization rate of agricultural solid wastes. **[Methods]** LB medium was used to obtain eleven bacterial strains (NH1-11) from earthworm farm. CMC-Na was used in preliminary medium and congo red staining method to screening strains. Influence of pretreatment to cellulose production ability of NH11 and degradation rate of substrates was studied. Morphological characteristics of NH11 was observed by electron microscope and identified by 16S rRNA and Biolog method. **[Results]** Bacterial strain NH11 was isolated and identified as *Bacillus subtilis*. The maximum degradation rate of untreated and pretreated corn stalk was 14.24% and 24.73% when culture temperature was 30 °C after five days. CMC cellulose activity of NH11 reached to 153.84 U/mL and FPA cellulose activity to 197.24 U/mL in treatment group, 11.45% and 10.59% higher than untreated group. **[Conclusion]** NH11 has a high cellulase productivity, and $\text{NH}_3\cdot\text{H}_2\text{O}$ pretreatment could enhance the degradation rate of corn stalk. NH11 has a high value in straw compost, mushroom culture medium and ruminant feed production.

Keywords: Agricultural wastes, Cellulase, Corn stalk, Isolation and identification, Pretreatment, Degradation

纤维素是自然界中分布最广、储量最多的碳水化合物,是植物细胞壁的主要成分,其最小组成单元为葡萄糖。纤维素资源是一种可持续的能源物质,同时也是尚未得到充分利用的一类可再生资源^[1-2]。纤维素降解菌对于生物质固体废弃物的处理能够提高农业固体废弃物资源利用率。

我国自古是农业大国,玉米、小麦和水稻是主要的粮食作物,每年由此产生的作物秸秆数量极大,其中玉米秸秆约占秸秆总量的 32.3%,是北方地区常见的农业固体废弃物。玉米秸秆中纤维素的含量为 25%–35%^[3],经过处理后在农业方面可用作肥料、饲料、生活燃料、食用菌基料等。

利用微生物处理纤维素具有纤维素分解效率高、无污染的特点,自然界中存在大量能够产生纤维素酶的真菌和细菌,这类微生物资源经分离筛选和驯化后一般具有对人畜无害、生物转化效率高、作用条件温和等优点,因而具有很大的应用潜力,尤其在生物质固体废弃物资源化方面更

具有广阔的应用前景^[4-5]。因此,筛选高产纤维素酶菌株和对成本及环境有益的预处理手段就成为纤维素资源利用的关键。底物是调控菌体合成纤维素酶的主要因素,由于木质素和半纤维素对于纤维素的包裹形成粗纤维致密结构,并且秸秆成熟后表面蜡质层变厚,使微生物和酶与底物接触受阻,最终影响降解效率。本研究以获得高产纤维素酶细菌菌株出发,从蚯蚓养殖场泥土中分离出 11 株菌株,最终筛选出一株纤维素酶高产菌株,并比较所分离菌株对于氨水预处理前后玉米秸秆的分解能力,为纤维素酶制剂开发和农业废弃物纤维素资源的有效利用提供帮助。

1 材料与amp;方法

1.1 培养基

分离、纯化培养基: LB 培养基(g/L)^[6]。

羧甲基纤维素钠培养基(g/L): CMC-Na 15.0, NaCl 5.0, KH_2PO_4 1.0, MgSO_4 0.2, 蛋白胨 10.0,

酵母粉 5.0, 琼脂 18.0, pH 7.2。

产酶培养基 1 (g/L): 秸秆 10.0, NaCl 5.0, KH_2PO_4 1.0, MgSO_4 0.2, 蛋白胨 5.0, 酵母粉 5.0, 葡萄糖 1.0, pH 7.2。

产酶培养基 2 (g/L): 将产酶培养基 1 中秸秆换为氨化秸秆。

以上培养基均于 1×10^5 Pa 灭菌 30 min 后使用。实验所用试剂均购自天津江天化工科技有限公司。

1.2 菌株的筛选

土壤样品取自天津宁河贾立明蚯蚓养殖场土样, 无菌水过滤去除残渣, 收集土样过滤后的滤液, 沉淀后取上清液按照 1/10、1/100、1/1 000、1/10 000 倍的梯度稀释, 将稀释液涂在 LB 培养基上, 28 °C 恒温培养, 出现菌落后反复划线分离培养, 得到纯菌株后移至 LB 试管培养基 4 °C 保存。

将纯化后的菌落分别点种在羧甲基纤维素钠平板培养基上, 每个培养基点 3 个样, 30 °C 培养 4 d, 用 1 g/L 刚果红染液染色 20 min, 弃去染液, 加入 1 mol/L NaCl 溶液, 洗涤 20 min 后测量菌落直径和透明圈直径, 分别用 D 和 H 来表示。根据透明水解圈直径和菌落直径的比值大小初步判断菌株产纤维素酶的能力, 选取比值大的菌株继续进行研究。

1.3 菌种的鉴定

菌株处于稳定生长期时在电子显微镜下拍照。以分离菌株的 DNA 为模板, 采用通用引物 27F 和 1448R 进行 16S rRNA 基因的 PCR 扩增。扩增体系为 50 μL (10 \times Buffer 5.0 μL , MgCl_2 3.0 μL , dNTPs 4.0 μL , 引物各 1.5 μL , *Taq* 酶 0.4 μL , DNA 模板 1.0 μL , ddH₂O 33.6 μL)。PCR 条件: 95 °C 5 min; 94 °C 40 s, 55.3 °C 30 s, 72 °C 90 s, 共 32 个循环; 72 °C 5 min; 72 °C 20 min^[7]。PCR 产物测序由天津华大基因科技公司完成。将测序得到的特定序列, 提交 GenBank 通过 BLAST 程序与

已知 16S rRNA 序列进行同源性比较及分析。

将纯化的 NH11 接种至 BUG+M+T 培养基上, 30 °C 培养 24 h, 革兰氏染色。确定使用平板类型为 GP 板。将制备好的菌悬液接种至 GP 鉴定微平板 96 孔中, 接种量为 150 μL /孔。30 °C 空气中培养, 使用 Biolog 微生物自动分析系统于 4–6 h、16–24 h 各读数一次^[8]。

1.4 氨化预处理对秸秆的影响

将秸秆粉碎至 0.5 cm–1.0 cm, 用稀释至 20% 浓度的氨水喷洒于秸秆上, 氨水使用量为秸秆重量的 4%, 混匀后于 30 °C 下氨化 12 d, 105 °C 烘干。将氨化处理前后的玉米秸秆样本采用 KBr 固体压片法在 FTS600 型傅立叶红外光谱仪上测定 FTIR 图谱。测定氨化预处理前后玉米秸秆 N 含量, 测定单位为天津市现代中药质量检测中心。

1.5 不同培养温度对菌株降解秸秆的影响

将培养温度设定为 25 °C、30 °C、35 °C、40 °C、45 °C, 将 3.000 g 预处理前后的秸秆分别装入 100 mL 蒸馏水的摇瓶中, 菌种接种量设定为 3%, 于 160 r/min 下摇床振荡培养, 测定菌株 5 d 的底物降解率, 每组 3 个平行, 差重法测底物降解率, 计算公式:

$$X = \frac{M_2 - M_1}{M} \times 100\%$$

其中, X 为降解率; M_1 为实验组底物重量(g); M_2 为对照组底物重量(g); M 为摇瓶培养基初始添加量。

1.6 纤维素酶活力的测定

根据 DNS (3,5-二硝基水杨酸) 比色法测定原理绘制葡萄糖标准曲线^[9]。制作两种液体发酵产酶培养基, 秸秆作为主要的碳源, 碳源添加量为 1.0%, 添加 0.1% 的葡萄糖作为菌体生长启动因子。用 3.0 mL 无菌水将菌体制成菌悬液, 取 0.5 mL 分别接种于两种不同培养基中。选择降解率最高时的培养温度, 160 r/min 下摇床振荡培

养。每 24 h 取一次菌液, 5 000 r/min 下离心 15 min, 收集上清液用于测定酶活。

CMCase 活力的测定^[10]: 取 CMC 缓冲液 2.0 mL 于比色管中, 加入 0.5 mL 稀释 10 倍的酶液, 50 °C 恒温水浴中反应 30 min, 加入 3.0 mL DNS 试剂, 沸水浴 10 min, 冷却后定容至 25.0 mL。在 540 nm 处测 OD 值, 测得 OD 值后查阅葡萄糖标准曲线, 求出酶解所得葡萄糖含量, 换算成酶活力值。

滤纸酶活力的测定^[11]: 将 50 mg 新华 1 号滤纸片放入比色管中, 加入 0.5 mL 稀释 10 倍的酶液, 加入 2.0 mL HAc-NaAc 缓冲液, 在 50 °C 恒温水浴中反应 60 min, 加入 3.0 mL DNS 溶液, 沸水浴 10 min, 冷却后定容至 25.0 mL。在 540 nm 处测 OD 值, 测得 OD 值后查阅葡萄糖标准曲线, 求出酶解所得葡萄糖含量, 换算成酶活力值。

将纤维素酶每分钟催化底物水解生成 1 μg 葡萄糖定义为一个酶活力单位, 用 U/mL 表示。

2 结果与分析

2.1 菌种的分离筛选和鉴定

2.1.1 刚果红染色结果: 获得 11 株菌株, 命名为 NH1-11。菌株 NH1 至 NH10 的 *H/D* 均未出超过 3, 菌株 NH11 的 *H/D* 较大, 透明圈非常明显, 达到 27.4 mm, 具有很大的研究潜力。图 1 为菌株 NH11 刚果红染色结果。



图 1 NH11 刚果红染色结果

Fig. 1 Transparent hydrolysis circle of NH11 by congo red staining

2.1.2 菌株鉴定结果: 菌株 NH11 电子显微镜下形态如图 2 所示, 放大倍率为 9 000 倍, 菌体为杆状, 有明显芽孢。图 2A 标线长度为 0.5 μm, 图 2B 标线长度为 1 μm。以 16S rRNA 通用引物 27F 和 1448R 进行 PCR 扩增, 提交 GenBank 获得菌株序列号 JQ973708, 依照 BLAST 进行同源性比对, 与至少 30 种枯草芽孢杆菌具有 99% 的同源性。因此初步鉴定 NH11 为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)。NH11 菌株碳源利用图谱显示, NH11 能够完全利用 D-纤维二糖、L-阿拉伯糖、D-果糖、D-半乳糖、葡萄糖酸、α-D-葡萄糖、麦芽糖、麦芽三糖、D-甘露醇、D-甘露糖、D-蜜二糖、3-甲基-D-葡萄糖、α-甲基-D-葡萄糖苷、β-甲基-D-葡萄糖苷、D-核糖、水杨苷、蔗糖、D-木糖、乙酸、6-磷酸-D-葡萄糖等碳源; 不能利用 L-焦谷氨酸、6-磷酸-D-果糖、甘油/丙三酸、琥珀酸/丁二酸、α-戊酮酸; 能部分利用 α-D-乳糖、乳果糖、α-甲基-D-半乳糖苷、β-甲基-D-半乳糖苷、L-鼠李糖、木糖醇、L-乳酸、丙酸等碳源。通过概率最大模拟法将该反应模式或“指纹图谱”与数据库相比较, 将目标菌株与数据库菌株的特征数据比对后, 与枯草芽孢杆菌获得最大限度的匹配, 相似度为 0.536, 再由 16S rRNA 鉴定结果, 可鉴定 NH11 为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)。

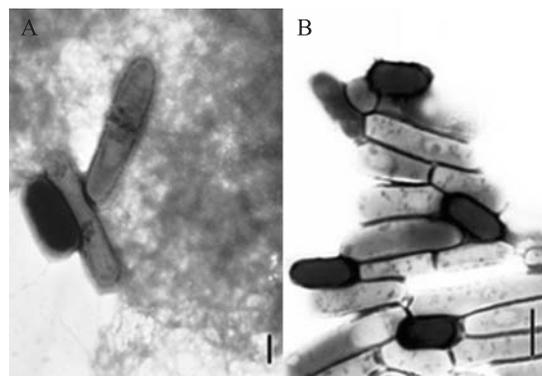


图 2 电子显微镜下 NH11 菌体形态

Fig. 2 Bacterial body morphologies of NH11

2.2 红外光谱分析

如图 3 所示, 处理组 1 730.30 cm^{-1} 处吸收峰消失, 此处变化来自木聚糖羧基基团 $\text{C}=\text{O}$ 的弯曲振动, 表明氨化玉米秸秆中部分半纤维素发生脱乙酰化作用形成有机酸。1 632.43、1 598.19 和 1 515.24 cm^{-1} 处处理组吸收峰减弱说明氨化秸秆中部分木质素间的酯键断裂并被降解。1 321.11 cm^{-1} 处处理组吸收峰发生变化, 表明氨化作用使秸秆纤维素长链间、木质素与纤维素间 $\text{C}-\text{C}$ 、 $\text{C}-\text{O}$ 键断裂。1 457.29 cm^{-1} 处的吸收与 $-\text{OH}$ 面内弯曲振动有关, 表明氨化预处理能够使秸秆表面亲水基团增多。1 246.99 cm^{-1} 处吸收峰的变化由纤维素 $-\text{OH}$ 面的内弯曲振动引起^[12-13]。

2.3 玉米秸秆 N 含量的变化

经测定, 30 $^{\circ}\text{C}$ 下氨化预处理秸秆 N 含量提高至 16.31%, 未处理时为 9.36%, 变化显著。氨化秸秆 N 含量的提高是由于 NH_3 与秸秆粗纤维发生氨解反应: $\text{R}-\text{COO}-\text{R}+\text{NH}_3\rightarrow\text{R}-\text{CO}-\text{NH}_2+\text{HOR}$ (R 为纤维素长链, R 为多糖链或羟基苯的氢原子或木质素的苯丙烷单位)。N 含量的提高说明秸秆纤维结构遭到破坏, 并且 N 元素的增加对微生物的繁殖起到积极作用。

2.4 不同培养温度下菌株对预处理底物的降解

由图 4 可知, 不同培养温度对菌株降解底物产生了显著影响, 菌株在 30 $^{\circ}\text{C}$ -40 $^{\circ}\text{C}$ 之间对于

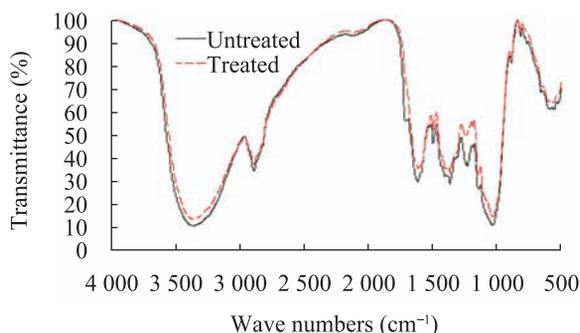


图 3 预处理前后玉米秸秆红外图谱

Fig. 3 Infrared spectrums of pretreated and untreated corn stalk

秸秆有较高的降解能力, 30 $^{\circ}\text{C}$ 时达到 14.24%。对于氨化后的秸秆, 底物降解率在 30 $^{\circ}\text{C}$ 时最高, 为 24.73%, 并且 30 $^{\circ}\text{C}$ 后降解率明显高于未处理组。

温度对底物降解率的影响在于不同培养温度下菌株的生长状况和产酶能力, 有研究指出, 从柠檬叶中分离并提取的枯草芽孢杆菌 L13 在 pH 5.0 条件下的最佳发酵产酶温度为 50 $^{\circ}\text{C}$, CMCase 最高达到 40.2 U/mL, 最低为 30.0 U/mL 左右, 可见培养温度对于产酶量大小影响显著。还有研究指出, 温度为 20 $^{\circ}\text{C}$ 时, 酶活力不及 50 $^{\circ}\text{C}$ 时的 50%; 从 20 $^{\circ}\text{C}$ 上升到 50 $^{\circ}\text{C}$, 酶活力迅速上升; 超过 50 $^{\circ}\text{C}$ 时, 酶活力迅速下降。经初步分析, 所分离菌株的产酶最佳温度可能与样品本身温度无直接关系, 而与所分离菌种本身有关, 30 $^{\circ}\text{C}$ 发酵温度是从分离并纯培养时菌株的生长状况出发的, 与降解率实验所得结果吻合。

2.5 酶活力测定结果

以 540 nm 处测出的吸光度 OD 值为纵坐标, 以葡萄糖含量(mg)为横坐标绘制标准曲线, 得到线性方程 $y=0.7264x+0.0006$, $R^2=0.9991$ 。

2.5.1 CMC 酶活力测定结果: 经测定得到不同发酵底物下 NH11 培养 5 d 的酶活力曲线, 结果见图 5。无论底物是否氨化处理, 由于菌体生长于

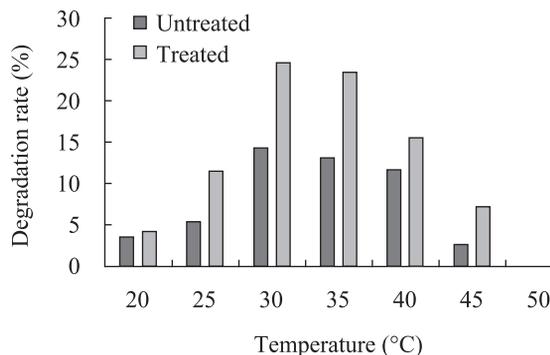


图 4 培养温度对 NH11 降解底物的影响

Fig. 4 Effect of culture temperature on decomposition rate of NH11

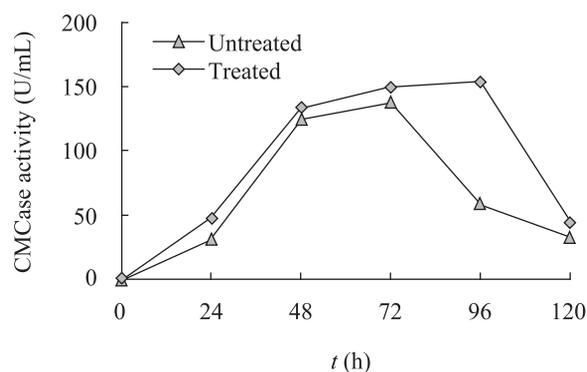


图5 底物预处理前后液态发酵 CMC 酶活力曲线
Fig. 5 CMCase activities of NH11 using pretreated and untreated corn stalk as substrate

对数期, 发酵 1 d 后酶活力均较低。发酵到达第 3 天, 未处理组 CMC 酶活力达到峰值 138.03 U/mL, 处理组则在第 4 天达到峰值 153.84 U/mL, 最大值相比未处理组高出 11.45%。陈丽燕在腐烂枯叶及土壤中分离并筛选的 CM2 发酵 4 d 后 CMC 酶活力达到 167.17 U/mL; 朱军莉等所筛选的菌株 BSX5 产酶活峰值达到 54.5 U/mL, 对比之后可知 NH11 具有较高的纤维素酶产酶能力, 尤其是氨化秸秆为底物液体发酵中。

2.5.2 滤纸酶活力测定结果: 图 6 为处理组与未处理组不同发酵时间下所得 FPA 酶活力值。未处理组在第 3 天酶活力达到峰值 178.36 U/mL, 相比以往研究具备较高产酶能力; 处理组同样在第 3 天 FPA 酶活力达到峰值, 为 197.24 U/mL, 相比未处理组高出 10.59%。

3 讨论

以预处理前后的秸秆作为底物液体发酵产酶时, NH11 均表现出较高的纤维素酶分泌水平, 这可能与土壤样品的组成性质有关。所选取土样的蚯蚓养殖场使用牛粪和玉米秸秆作为养殖食物, 蚯蚓的代谢活动使得蚓粪与秸秆混合物的全磷和全钾含量增加, 同时使碳氮比降低、木质素和纤维素得到初步分解、吸水性及氨基酸含量增

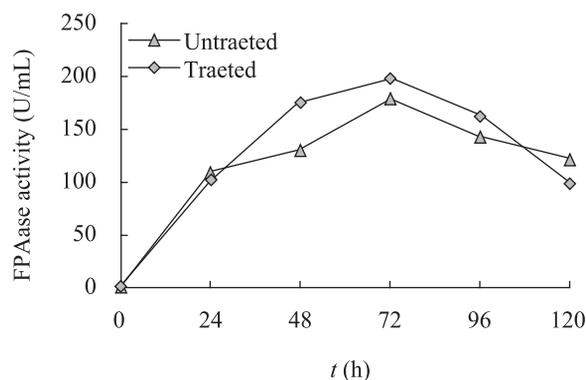


图6 底物预处理前后液态发酵 FPA 酶活力曲线
Fig. 6 FPAase activities of NH11 using pretreated and untreated corn stalk as substrate

加。微生物生长基质对微生物群落的组成产生影响, 降解纤维素的菌群丰富且对秸秆的利用形成一定的专一性, 在不经驯化的条件下表现出较高的降解能力。

本实验中, 处理组底物降解率比未处理组高出 10.49%, 这与之后的酶活力实验所得结论一致。纤维素酶是多组分协同作用酶系, 分为葡聚糖内切酶、葡聚糖外切酶和 β -葡萄糖苷酶^[14]。本实验选取氨化预处理, 利用氨化和碱化作用使秸秆薄壁组织松散膨化、维管束形变、纤维结晶度降低。由红外光谱分析结果可知, 氨解反应破坏木质素与半纤维素间共价键、纤维素部分分子间和分子内氢键, 从而使葡聚糖内切酶(Endo-1,4- β -D-glucanase)穿透空隙作用于纤维素分子内部非结晶区, 水解 β -1,4-糖苷键, 将长链纤维素分子切短并产生带有非还原性末端的小分子纤维素; 对于葡聚糖外切酶(Exo-1,4- β -D-glucanase, 简称 C1)和 β -葡萄糖苷酶(β -Glucosidase, 简称 BG), 两者分别作用于纤维素线状分子的末端和纤维二糖, 由于各自作用前体增加, 使得整体酶解效率提高, NK11 产酶量即有所增加。氨解反应还对蜡质层起到破坏作用, 使秸秆表面亲水性增强, 有利于微生物和酶的渗入^[15-16]。

本实验在设定的实验条件下得到的液体发酵

产酶能力与初始刚果红染色所表征的结果基本一致,刚果红染色结果代表菌株具有分解纤维素的能力,但也有可能与纤维素酶发酵试验结果不一致。由于纤维素酶的合成发生在内质网上,接着转移至分泌液泡中,其分泌过程在接触培养基的底物时发生,因此固、液培养的条件不同会影响纤维素酶分泌水平。本实验结果是在液体发酵温度设定为 30 °C、发酵液 pH 7.2–7.3 的条件下得到的,为初步探索并挖掘菌株最大产酶能力,本实验将发酵培养基 pH 初步设定为 7.2,与菌种所提取的样品 pH 值保持一致。

4 结论

本实验所涉及的菌株能够代谢多种碳源,并具有较高的纤维素酶产酶能力。氨化预处理对 NH11 降解玉米秸秆产生显著影响。以预处理前后的玉米秸秆为底物,CMC 酶活力分别达到 138.03 U/mL 和 153.84 U/mL, FPA 酶活力达 178.36 U/mL 和 197.24 U/mL。

芽胞杆菌(*Bacillus* sp.)利用纤维素底物具有复杂性,秸秆的氨化预处理有利于菌体与秸秆的接触并因此使得降解效率提高。化学预处理方法对于后续微生物发酵的有益效果对于秸秆堆肥、制作食用菌培养基和制取反刍动物粗饲料提供了指导。

在实际生产中,由于菌株生长环境条件无法达到实验水平,并且高产纤维素酶细菌难以获得,使得纤维素酶降解菌的应用受到限制。不同微生物的纤维素酶酶谱会存在一定差异,在应用中往往需要多菌种混合发酵,使以上多种不同功能的酶协同作用,提高降解效率。本实验为提高生物质固体废弃物资源化效率提供了优良菌种,经过驯化并使用基因工程的技术手段后将可能有更大应用潜力。

参考文献

- [1] 范力敏,季萍,陈晓湘,等.转化纤维素资源生成酒精的研究[J].环境科学学报,1990,10(3):356–358.
- [2] Ragauskas AJ, Williams CK, Davison BH, et al. The path forward for biofuels and biomaterials[J]. Science, 2006, 311(5760): 484–489.
- [3] 岳建芝,张杰,徐桂转,等.玉米秸秆主要成分及热值的测定与分析[J].河南农业科学,2009,(9):30–31.
- [4] 周俊强,邱忠平,韩云平,等.纤维素降解菌的筛选及其产酶特性[J].环境工程学报,2010,4(3):705–707.
- [5] 冯玉杰,王鑫,王赫名,等.以玉米秸秆为底物的纤维素降解菌与产电菌联合产电的可行性[J].环境科学学报,2009,29(11):2295–2297.
- [6] 贺军军,罗萍,陈永辉,等.甘蔗渣纤维素降解菌的筛选及鉴定[J].微生物学杂志,2011,31(1):39–41.
- [7] 陈丽燕,张光祥,黄春萍,等.两株高产纤维素酶细菌的筛选、鉴定及酶学特性[J].微生物学通报,2011,38(4):531–538.
- [8] 程池,杨梅,李金霞,等. Biolog 微生物自动分析系统——细菌鉴定操作规程的研究[J].食品与发酵工业,2006,32(5):50–54.
- [9] 管斌,丁友昉,谢来苏,等.还原糖测定方法的规范[J].无锡轻工大学学报,1999,18(3):74–79.
- [10] 钱林,郑巧利,付瑾,等.一株高效纤维素降解菌株的分离鉴定及其酶学性质[J].微生物学通报,2010,37(4):524–528.
- [11] 冯健玲,姚晓华,韦秉兴,等.稻草秸秆纤维素分解菌的分离筛选[J].基因组学与应用生物学,2009,28(3):477–480.
- [12] 陈尚钡,勇强,徐勇,等.稀酸预处理对玉米秸秆纤维组分及结构的影响[J].中国粮油学报,2011,26(6):14–17.
- [13] Kokot S, Czarnik-Matusiewicz B, Ozaki Y. Two-dimensional correlation spectroscopy and principal component analysis studies of temperature-dependent IR spectra of cotton-cellulose[J]. Biopolymers, 2002, 67(6): 456–469.
- [14] 郑哲,贾翠英,张玉辉.一株产纤维素酶细菌紫外

- 线诱变研究[J]. 生物学杂志, 2011, 28(3): 66-68.
- [15] 吴显荣, 穆小民. 纤维素酶分子生物学研究进展及趋向[J]. 生物工程进展, 1994, 14(4): 25-28.
- [16] 寇巍, 赵勇, 徐鑫, 等. 膨化技术用于玉米秸秆厌氧干发酵的试验研究[J]. 可再生能源, 2010, 28(3): 64-68.

2013 年中国微生物学会及各专业委员会学术活动计划表

序号	会议名称	主办单位	时间	人数	地点	联系人
1	第二届全国植物寄生线虫微生物防治学术研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	1 月	100	云南昆明	张克勤 kqzhangl@yahoo.com.cn
2	国际休克与脓毒症高峰论坛	中国微生物学会微生物毒素专业委员会	3 月 1-3 日	700	广东广州	张庆红 010-66867398
3	第一届中-欧放线菌生物学研讨会	中国微生物学会	4 月 9-10 日	200	北京	史明欣 15210746182
4	第四届传染病防控基础研究与应用技术论坛	中国微生物学会分析微生物学专业委员会	5 月 29-31 日	150	贵州	吕相征 lvxz@cnis.gov.cn
5	中国微生物学会微生物生物安全专业委员会第二次学术会议	中国微生物学会微生物生物安全专业委员会	4 月或 5 月	150	湖南张家界	贾晓娟 010-64807503
6	the 11 th international symposium on <i>Yersinia</i>	中国微生物学会分析微生物学专业委员会	6 月 24-28 日	200	苏州	沈晞 meetings@csh-asia.org
7	首届全国固体有机废弃物生物转化及资源化利用研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	7 月	200	湖北武汉	张吉斌 zhangjb@mail.hzau.edu.cn
8	第十四届微生物学教学和科研及成果产业化研讨会	中国微生物学会普通、农业微生物学专业委员会	7 月	200	江苏南京	袁生 025-85891067
9	第十六次全国环境微生物学术研讨会	中国微生物学会环境微生物学专业委员会	8 月	500	甘肃兰州	蒋建东 025-84395326
10	海洋微生物资源开发利用高端研讨会	中国微生物学会海洋微生物学专业委员会	8 月	50	厦门	王梁华 021-65493936
11	国际粘细菌大会 (Myxo2013)	中国微生物学会普通微生物学专业委员会	8 月 7-10 日	100 人	北京	李越中 0531-88564288
12	2013 年中国微生物学会学术年会	中国微生物学会	10 月	600	云南昆明	王旭 010-64807200
13	第四届中国临床微生物学大会暨微生物学与免疫学论坛	中国微生物学会临床微生物学专业委员会	10 月 12-15 日	300-500	甘肃敦煌	张丹 1875881066
14	全国酶工程学术研讨会	中国微生物学会酶工程专业委员会	10 月	150-200	广西南宁	欧阳浩森 010-64807420
15	病原基因组学、进化与溯源	中国微生物学会分析微生物学专业委员会	11 月 中旬	150	重庆	郭刚 guogang7001@163.com
16	第五届微生物资源学术暨国家微生物资源平台运行服务研究会	中国微生物学会微生物资源专业委员会	11 月	400 人	广东广州	阮志勇 cmr@caas.ac.cn
17	第八届全国芽胞杆菌青年工作者学术研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	12 月	100	待定	孙明 027-87283455
18	第十届全国病毒学学术研讨会	中国微生物学会病毒学专业委员会	待定	150	待定	梁华 010-58900979