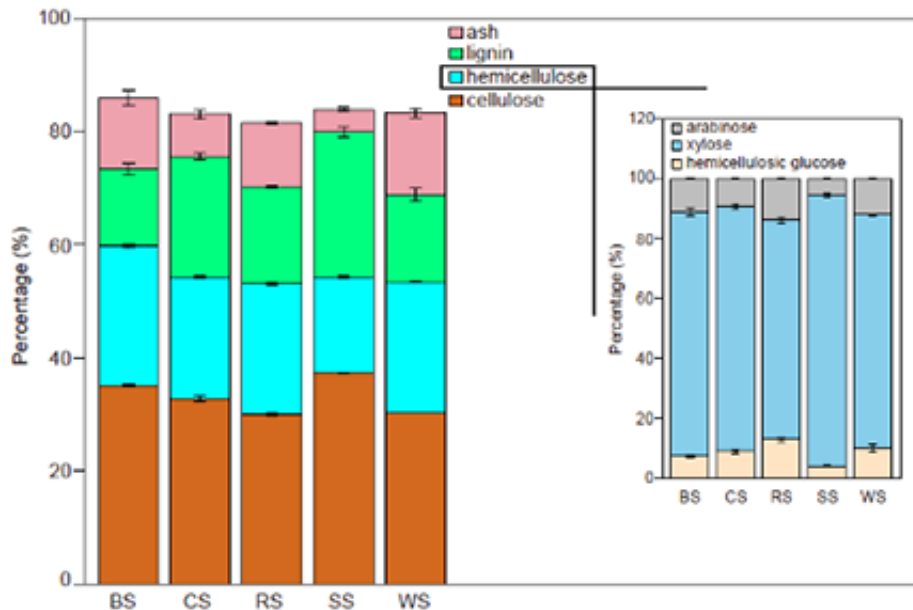
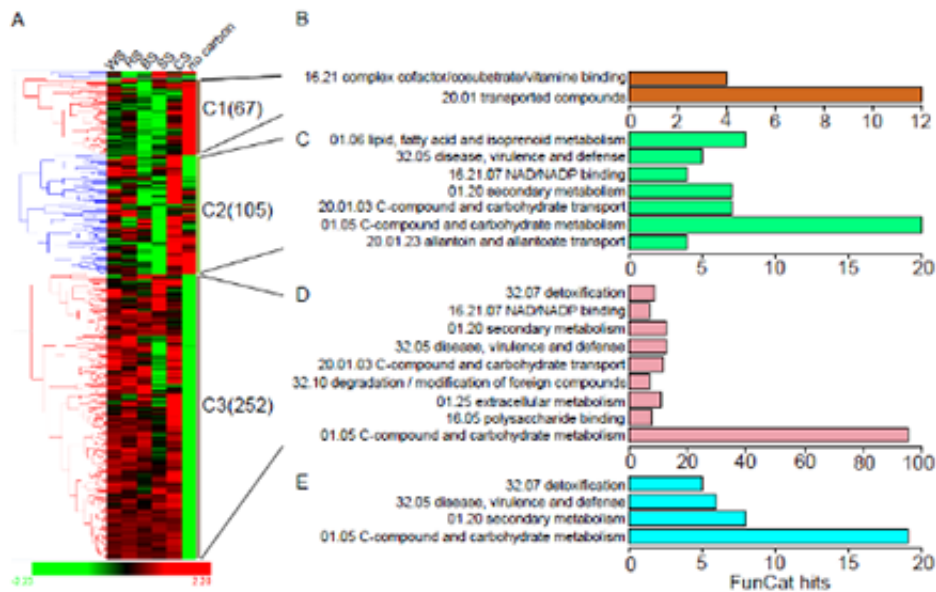


## 天津工生所在秸秆降解利用研究方面取得进展



五种生物质的化学组成成分 (BS: 大麦秸秆; CS: 玉米秸秆; RS: 稻草; SS: 大豆秸秆; WS: 小麦秸秆)



生物质响应核心基因的聚类分析与功能分类 (A. 总体差异基因表达谱; B. 不同组差异表达基因的功能分类分析)

生物质资源有效利用是缓解能源危机、减少温室气体排放、促进社会可持续发展的重要举措。农作物秸秆以其生产范围广、年生产量大、不与人争粮以及纤维素、半纤维素含量高优点成为重要的生物炼制原料。然而，由于秸秆成分复杂、坚韧、异质性高，使得不同农作物秸秆在生物炼制过程中所需的降解酶系可能会有所不同。因此，厘清微生物降解过程中利用的不同农作物秸秆的共性和特性，有助于理性改造生物质降解菌，开发有效的从秸秆到产品的微生物直接转化策略，实现化学品和燃料的生物炼制。

中国科学院天津工业生物技术研究所田朝光研究组以粗糙脉孢菌为研究对象，选取我国主要的五种农作物秸秆（大

麦、小麦、玉米、水稻以及大豆的秸秆)作为唯一碳源,采用第二代高通量测序技术(RNA-Seq),系统探讨了真菌响应不同生物质底物的特点。基因差异分析显示,物种秸秆共同诱导了430个基因上调表达,是响应植物生物质的核心,其中包含大量碳水化合物活性酶(CAZy)基因。在这个响应核心中,虽然有些基因在碳饥饿条件下上调表达,但仍有252个基因被植物生物质特异诱导,属于生物质调节子(Biomass regulon)。进一步通过与微晶纤维素(Avicel)、木聚糖(Xylan)以及果胶(Pectin)调节子的比较分析发现,88个基因仅在生物质上被诱导。通过筛选这88个特异数据库中的转录因子发现,缺失了转录因子rca-1能显著提高粗糙脉孢菌在农作物秸秆上的产酶水平;因此,推测可能是由于在生物质上缺失了rca-1有助于抑制纤维素酶调控的核心枢纽之一clr-2的表达。在rca-1的基础上再缺失负调控因子cre-1,能进一步提高粗糙脉孢菌在生物质上生长时木质纤维素酶的表达水平。

该研究得到国家“973”计划(2011CB707403)等科技计划项目资助。相关研究成果发表在生物能源领域主要国际期刊Biotechnology for Biofuels,天津工生所博士研究生王邦为论文第一作者。

原文地址：<http://www.china-nengyuan.com/tech/76534.html>