



天津工生所等完成工业上丁醇发酵重要菌株的全基因组测序

文章来源：天津工业生物技术研究所(筹)

发布时间：2012-03-07

【字号： 小 中 大 】

*Clostridium acetobutylicum*是工业上丁醇发酵的重要菌株，了解其发酵代谢等途径对于更多地获得目的产物至关重要。此外，丁醇对于细胞具有一定的破坏作用，因此，提高细胞的耐受性也是必要的。随机突变与表型筛选主要用于微生物功能的研究。然而，每个突变株可能含有50-100个随机突变位点，导致工作量非常大，并且数据分析较为困难。

中科院天津工业生物技术研究所陈祖耕研究员与中科院微生物研究所马延和研究员、李寅研究员合作，首先完成了*Clostridium acetobutylicum* DSM1731菌株的全基因组测序。并应用表型测序（phenotype sequencing），对细胞丁醇耐受基因进行了分析。

此项研究为*Clostridium acetobutylicum*丁醇发酵等代谢提供了基因水平的依据，并快速揭示了与丁醇耐受相关的基因族。这些结果有助于对工业菌株改造提出理性设计，为获得高产丁醇的菌株提供了帮助。另外，表型测序技术也为相应的领域，包括重要基因的筛选、耐受基因的筛选等提供了一条简单快捷的途径。

相关研究结果已经发表于国际学术刊物*J. Proteome Res.*，*PLoS ONE* 和*J. Bacteriol.*上。

[J. Bacteriol. 论文链接](#)

[PLoS ONE 论文链接](#)

[J. Proteome Res. 论文链接](#)

打印本页

关闭本页