

读书报告

汇报人：牛铭铭 汇报日期：2019-12-01

IF=5.89

Biotechnology
for Biofuels



Biotechnol Biofuels. 2018; 11: 284.

PMCID: PMC6191919

Published online 2018 Oct 17. doi: [10.1186/s13068-018-1282-x](https://doi.org/10.1186/s13068-018-1282-x)

PMID: [30356893](#)

Anaerobic lignocellulolytic microbial consortium derived from termite gut: enrichment, lignocellulose degradation and community dynamics

[Adèle Lazuka](#), [Lucas Auer](#), [Michael O'Donohue](#), and [Guillermina Hernandez-Raquet](#)✉

► Author information ► Article notes ► Copyright and License information [Disclaimer](#)

Keywords: Lignocellulose, Anaerobic microbial consortium, Termite gut microbiome, Carboxylates, Xylanase, Cellulase

源自白蚁肠道的厌氧木质纤维素分解微生物菌群：富集，木质纤维素降解和群落动态

CONTENTS

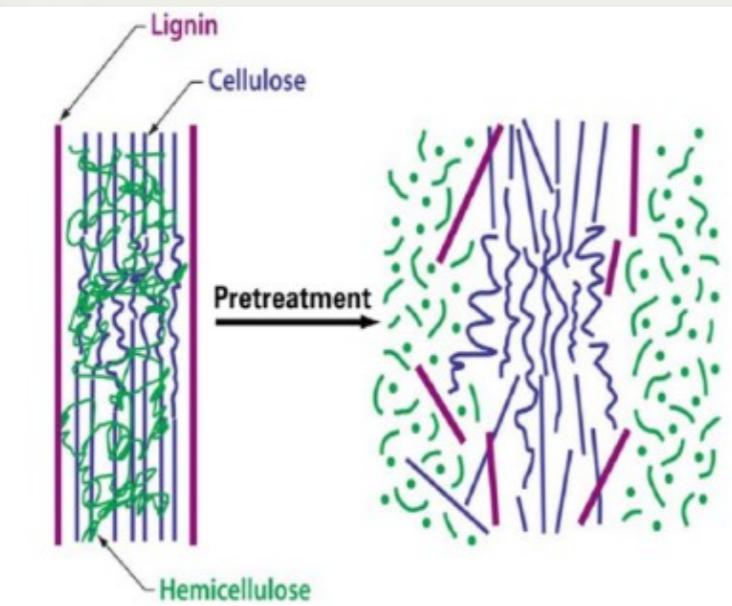
- 1. Introduction**
- 2. Materials and methods**
- 3. Results and discussion**
- 4. Conclusion**



01

Introduction

Introduction



木质纤维素 (LC) 是植物细胞壁的主要成分，是地球上最丰富的生物质资源，也是一种可再生碳资源，可用于生产能源和日用化学品。

据研究，在自然生态系统中，食草动物的消化系统对木质纤维素的分解是特别有效的 (Godon JJ *et al.*, 2013; Brune A, 2014) 。

食草动物 —— 共生 —— 微生物



Introduction



高效的木质纤维素微型生物反应器

白蚁在降解高度木质化的硬木方面非常有效。它们通过共生的肠道微生物菌群每小时消化**74-99%**的膳食纤维素,在分解植物材料和全球碳循环中发挥重要作用。



Termites

稳定的环境和营养供应

碳和能源：乙酸盐、VFA等



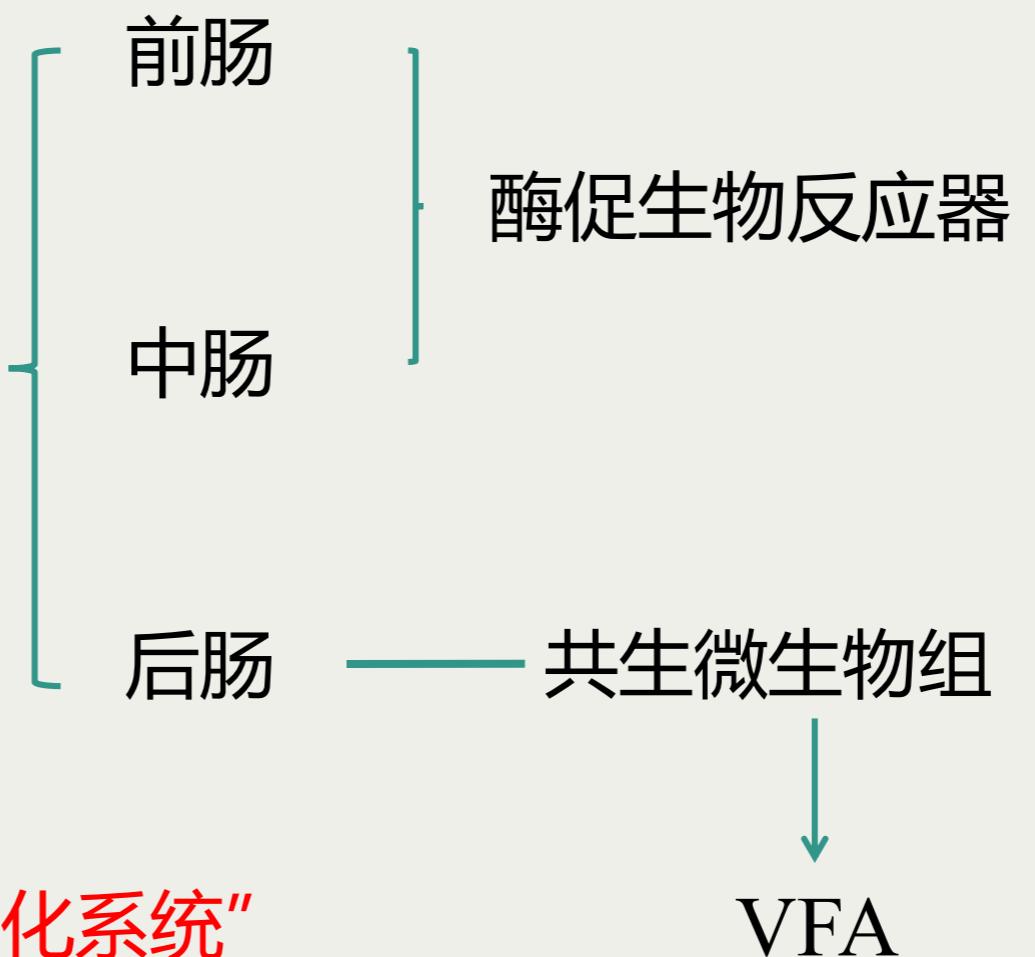
microbial
community

Introduction



Nasutitermitinae sub. sp.

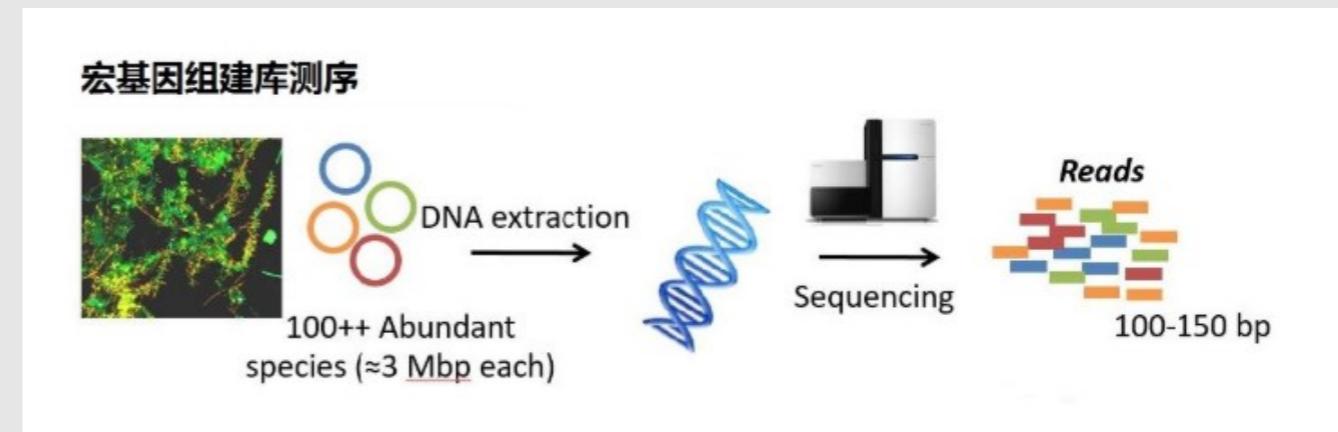
“双纤维素消化系统”



Introduction

先前的研究通过纯培养的方法，已经分离出属于不同分类群的纤维素分解和半纤维素分解细菌，包括拟杆菌门和肠杆菌门（Schultz JE, Breznak JA, 1978; Dheeran P *et al.*, 2012; Azizi-Shotorkhoft A *et al.*, 2016）。

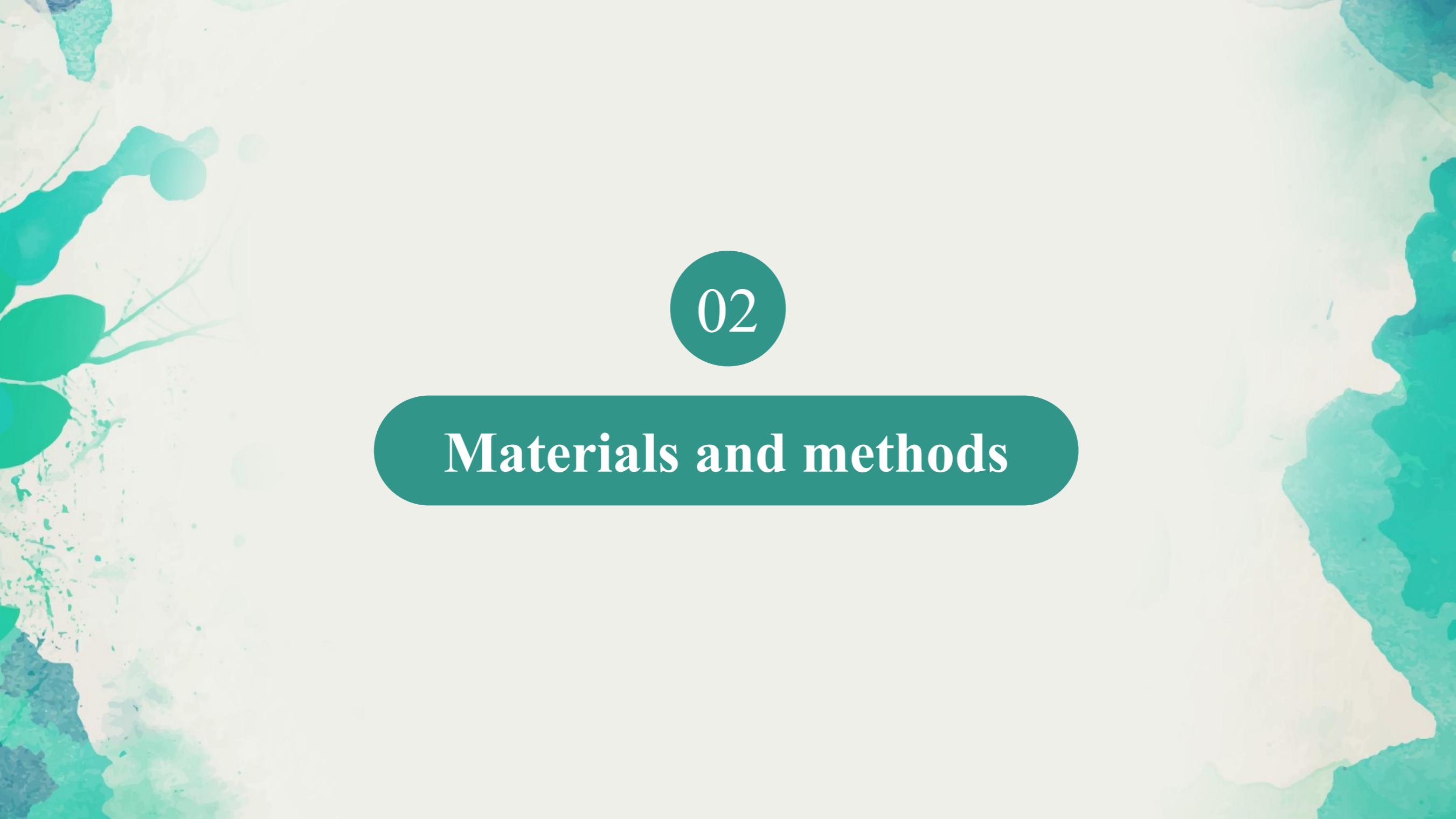
Warnecke 等通过宏基因组学的方法揭示了*Nasutitermes* 后肠中的细菌主要由 *Spirochaetes* 和 *Fibrobacteres* 组成。



Introduction

先前的研究已经通过连续富集培养不同接种物，包括来自土壤，堆肥和牛瘤胃，来获得高效木质纤维素分解菌。



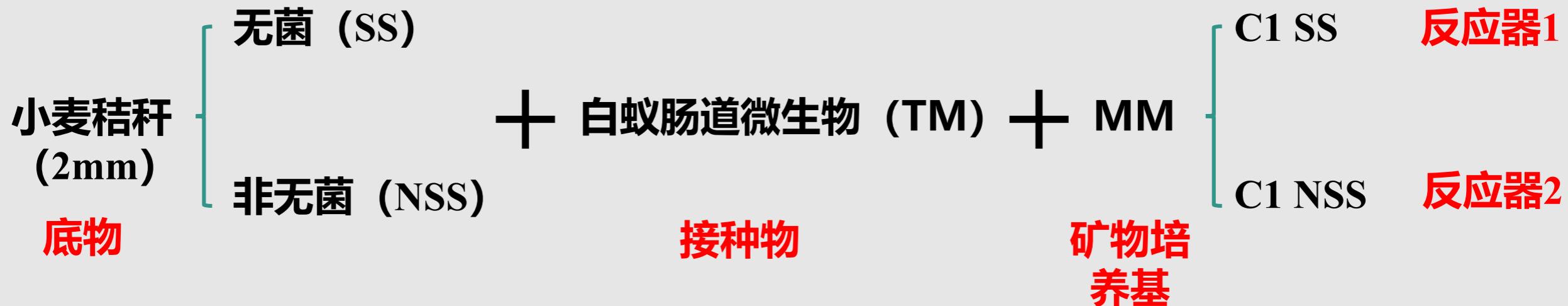


02

Materials and methods

Materials and methods

厌氧生物反应器



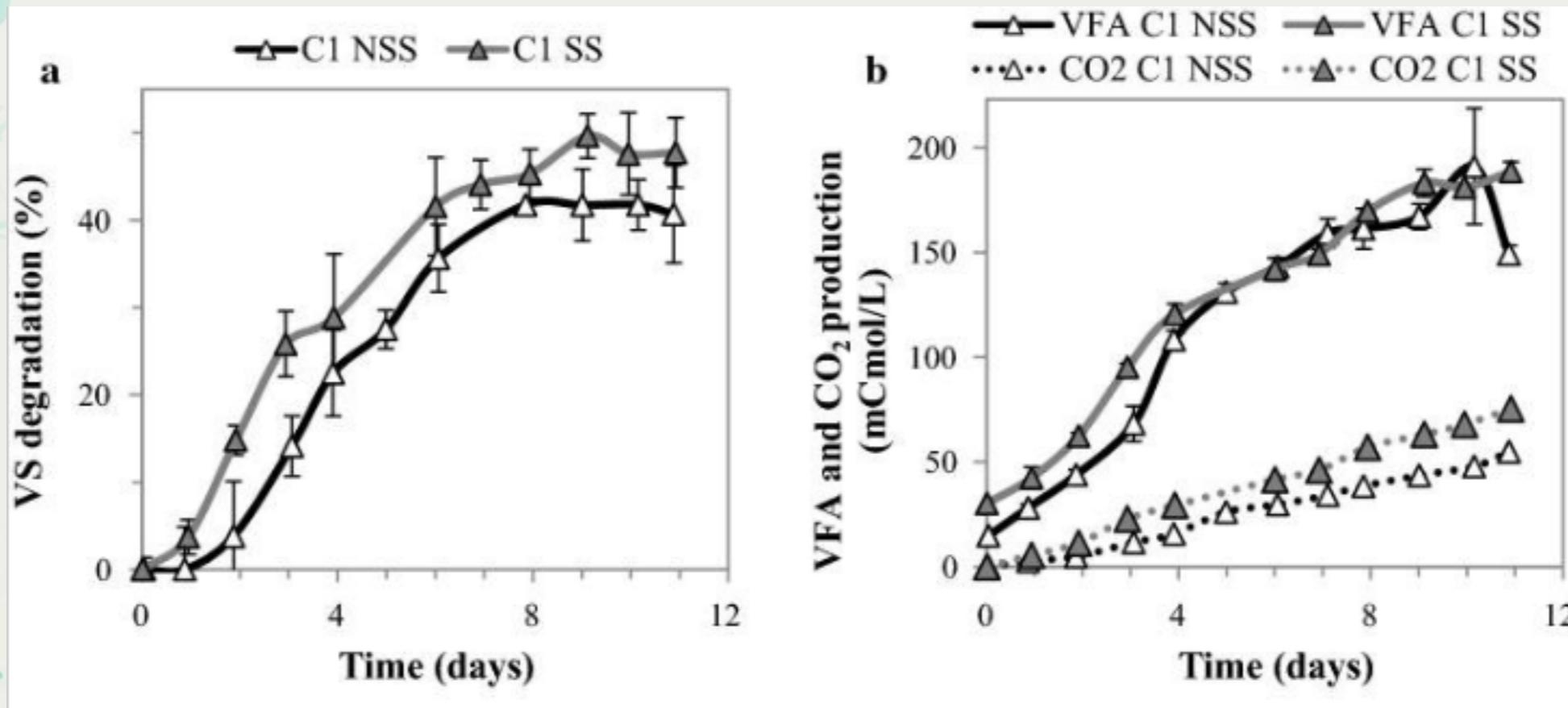


03

Results and discussion

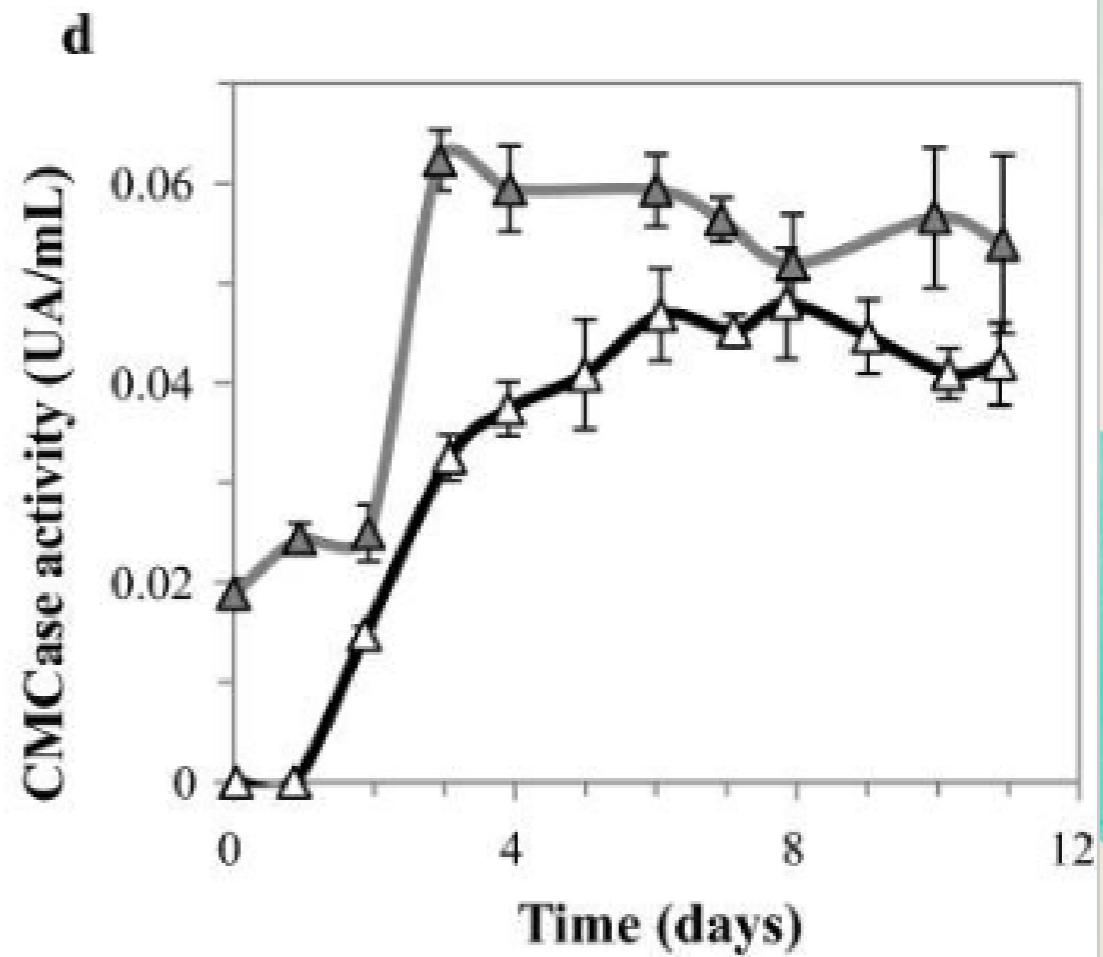
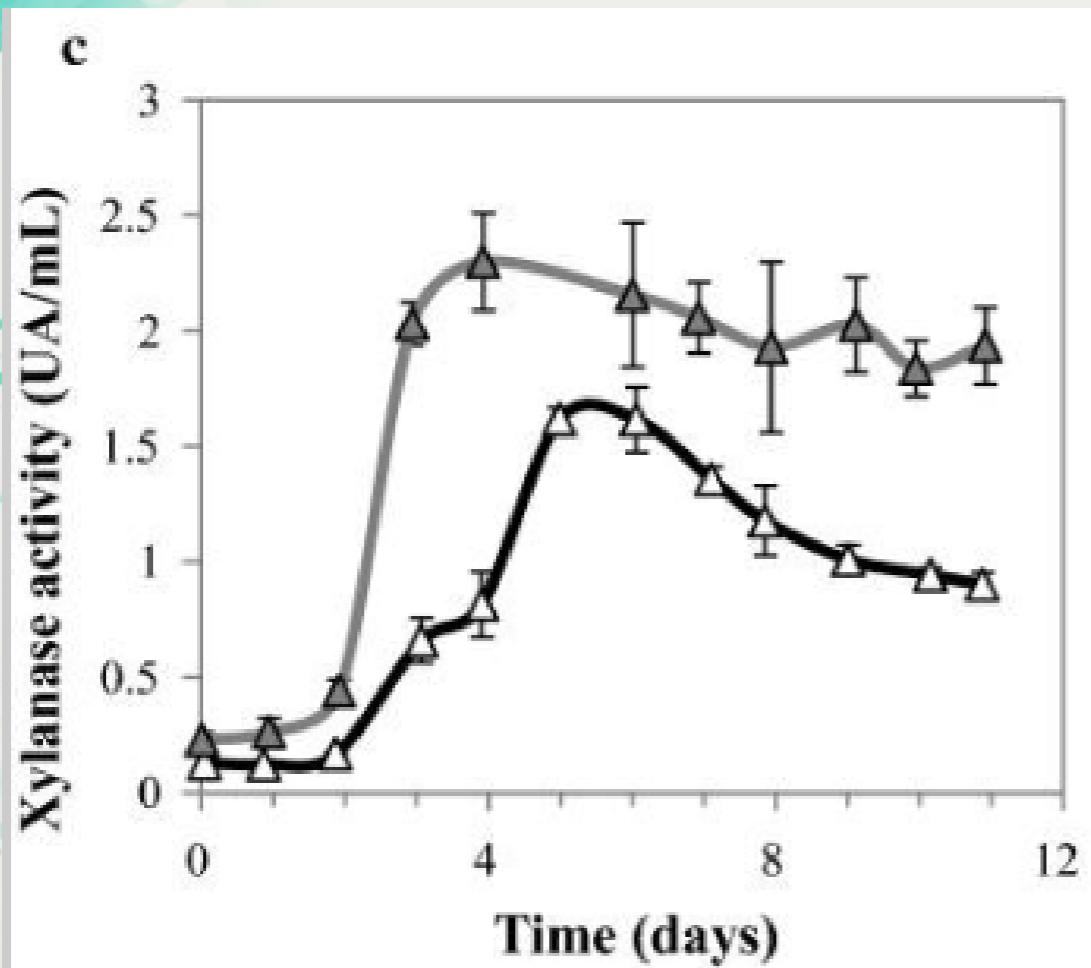
Results and discussion

底物灭菌对微生物群落富集的影响

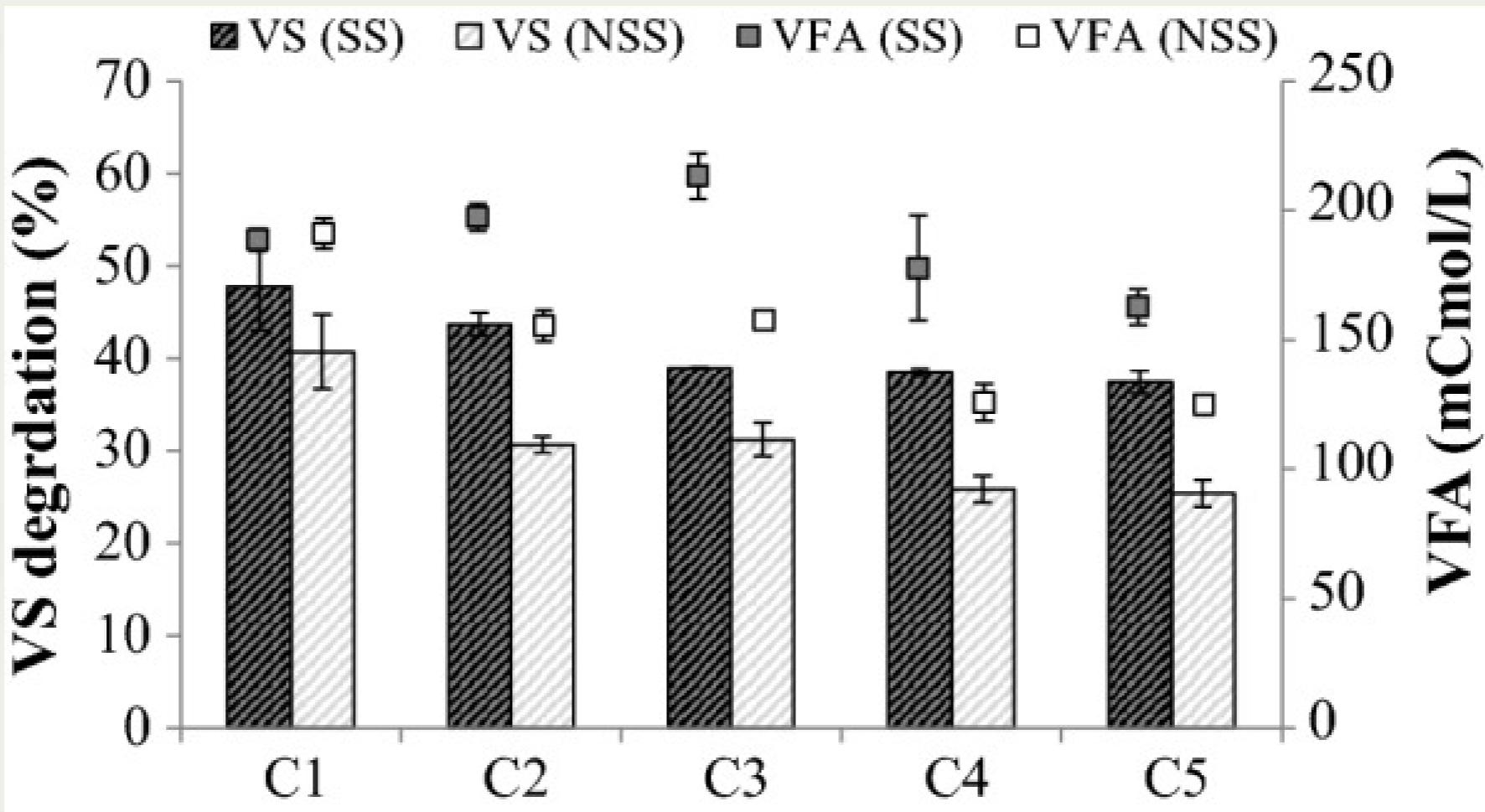


含SS的用NBS的反应器的降解速率比含NSS的反应器快。VFA的产量是较慢，基物的最终率的差（从麦草到羧酸盐）有关。

Results and discussion



Results and discussion



尽管SS的富集并不能增强木质纤维素的初始活性，但它可以稳定并维持在较高水平。

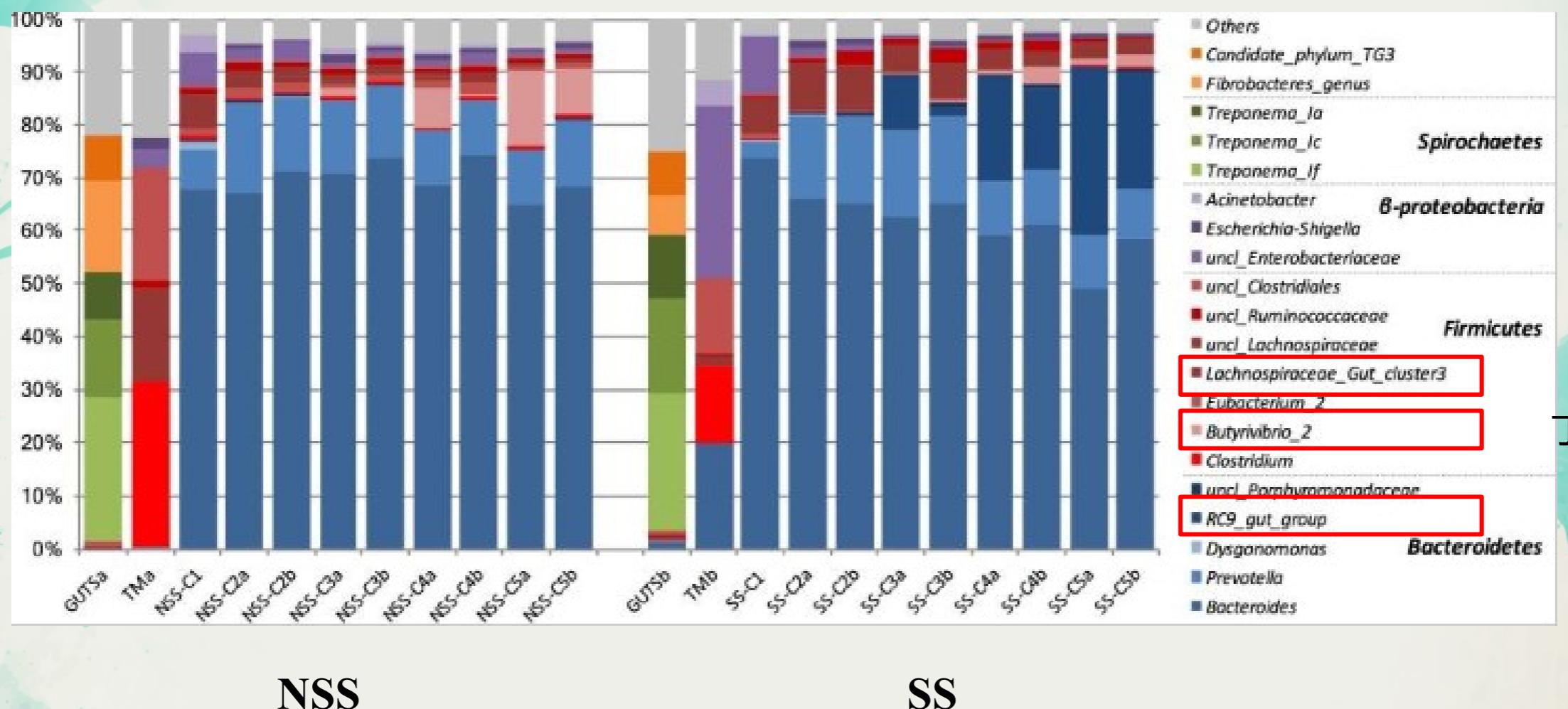
Results and discussion

Table 1 Diversity index at each cycle of enrichment with sterile or non-sterile straw

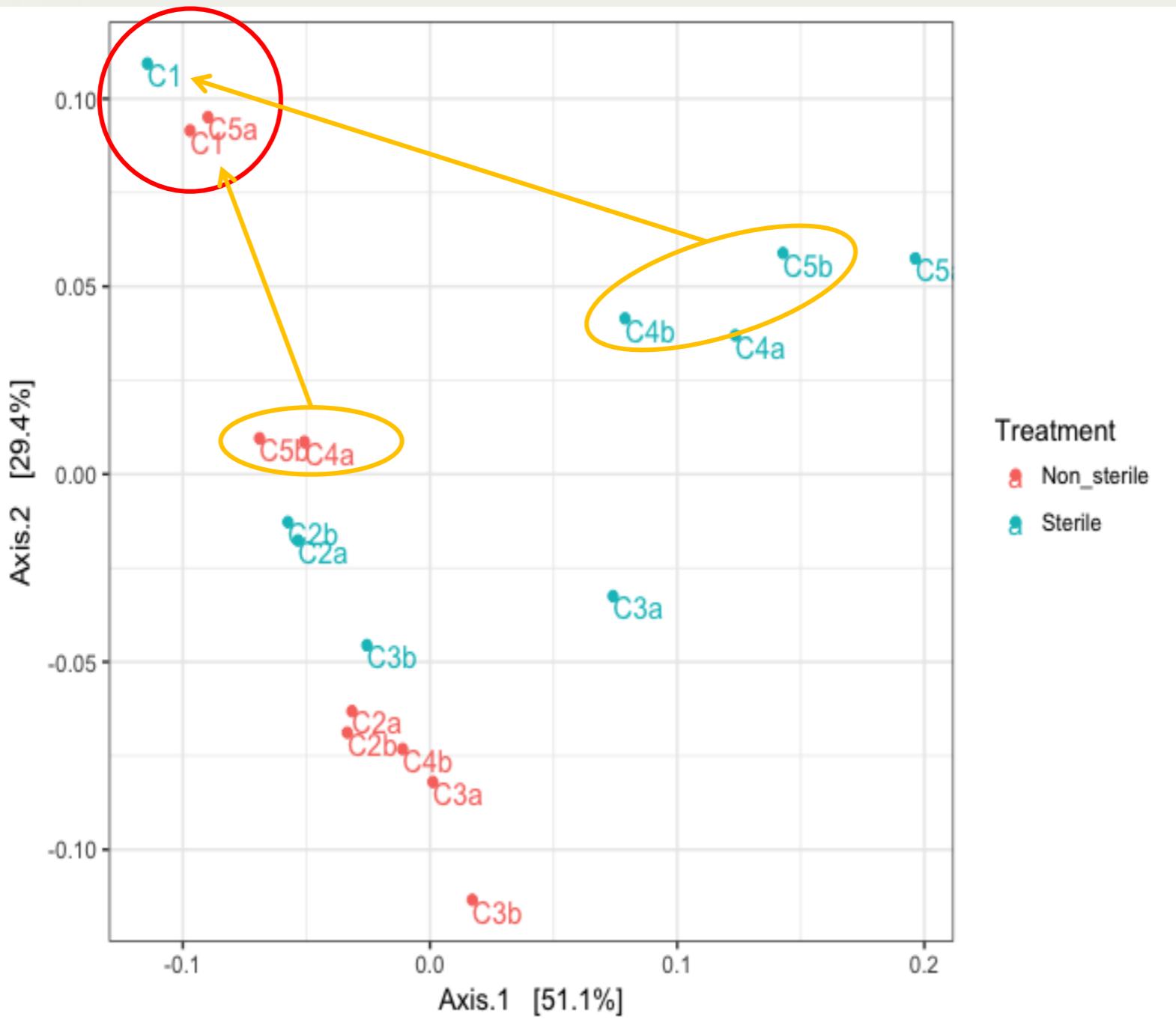
Substrate	Cycle	Diversity Index		
		Richness	Shannon	Simpson
SS	Gut	680	4.8	45
	TMa	125	2.8	8.5
	C1	118	1.1	2.0
	C2	119±8	2±0.03	4±0.1
	C3	132±5	2±0.1	5±0.03
	C4	109±11	2±0.1	5±0.2
NSS	C5	121±6	1.9±0.1	4±0.3
	Gut	587	4.8	44
	TMb	116	2.6	8.5
	C1	164	1.6	2.0
	C2	123±1	1.9±0.1	3±0.1
	C3	122±1	2±0.07	4±0.2
	C4	119±7	2±0.07	4±0.4
	C5	127±10	1.9±0.03	4±0.3

两次重复之间的辛普森指数和香农指数非常接近，并且在灭菌和未灭菌的底物的第一个周期均显示出强烈的下降。此后，多样性指数稳定在稍高的值。

Results and discussion



Results and discussion



小结 1

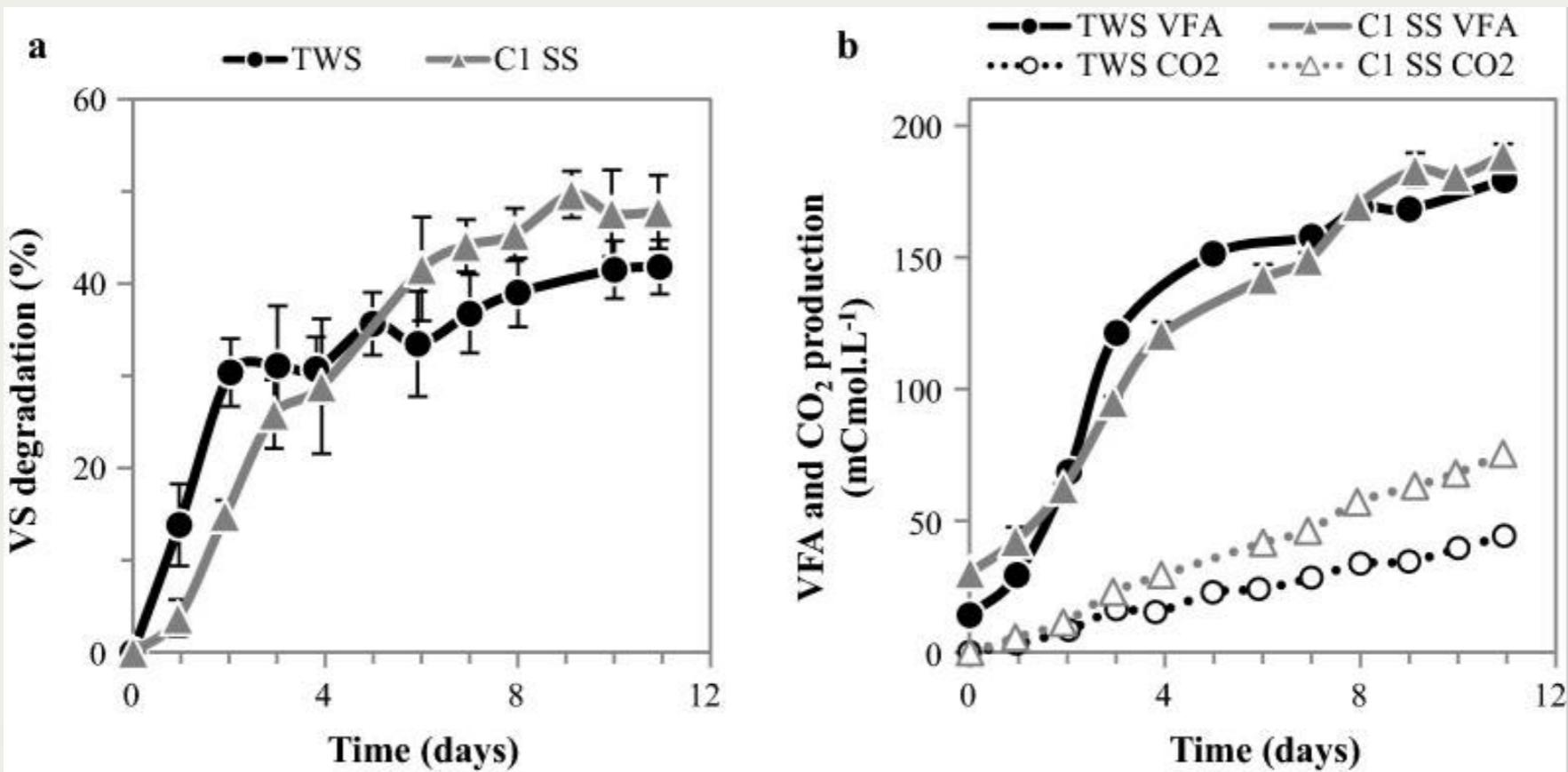
无论底物无菌性如何，作者观察到在小麦秸秆富集过程中，白蚁肠道中存在的初始微生物多样性发生了根本变化，这表明底物和生物反应器的无菌厌氧条件是最终结果的主要决定因素。

在NSS的情况下，小麦秸秆内源性细菌可能与原始接种物中存在的木质纤维素分解微生物竞争，与SS相比，在随后的富集循环中木质纤维素降解能力下降得更快。

要成功地富集木质纤维素分解菌群，应尽可能地保护它们免受其他微生物的侵害，例如天然存在于麦草或周围环境中的微生物。

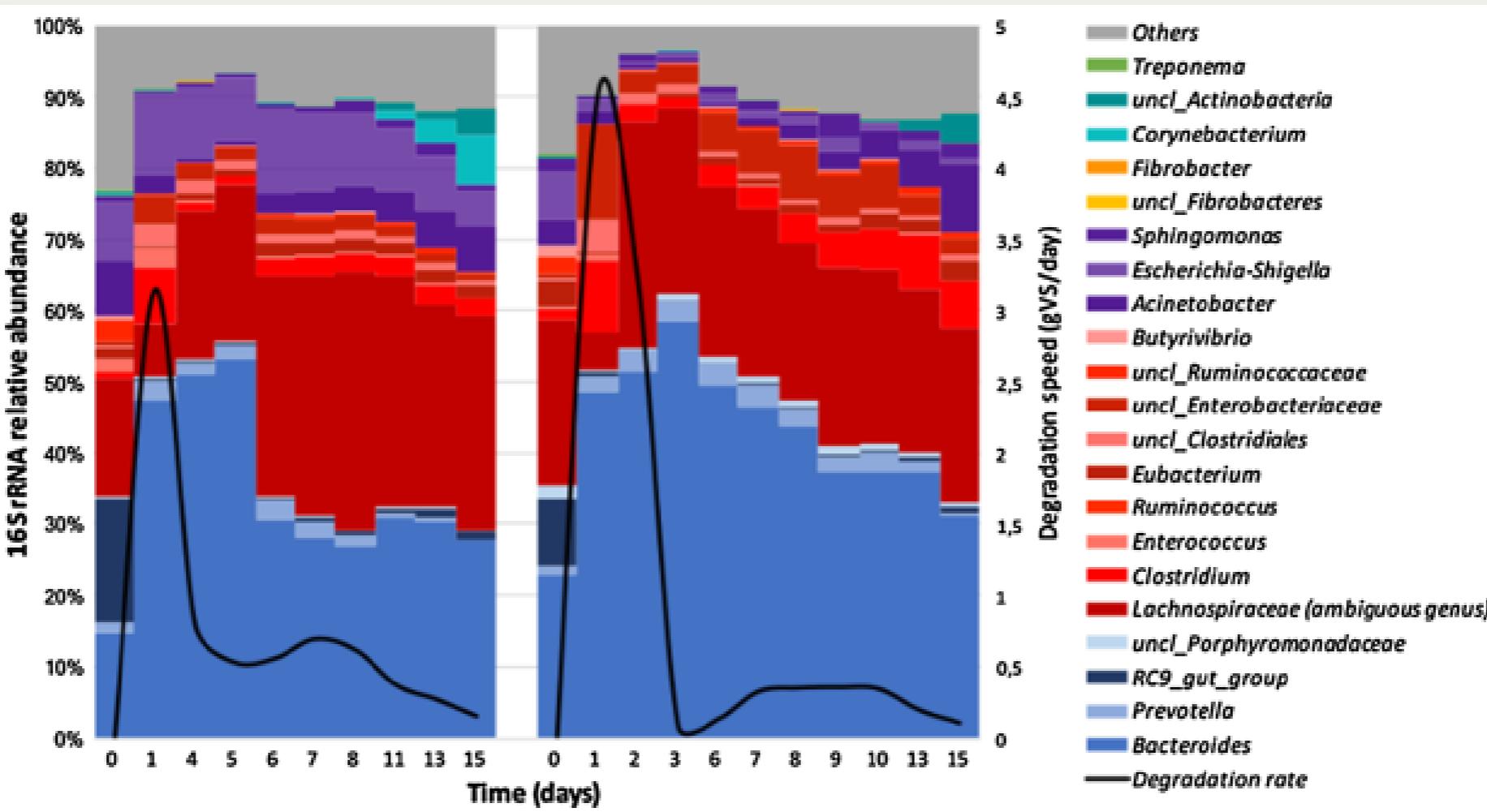
Results and discussion

无菌桔秆富集的微生物组TWS的表征



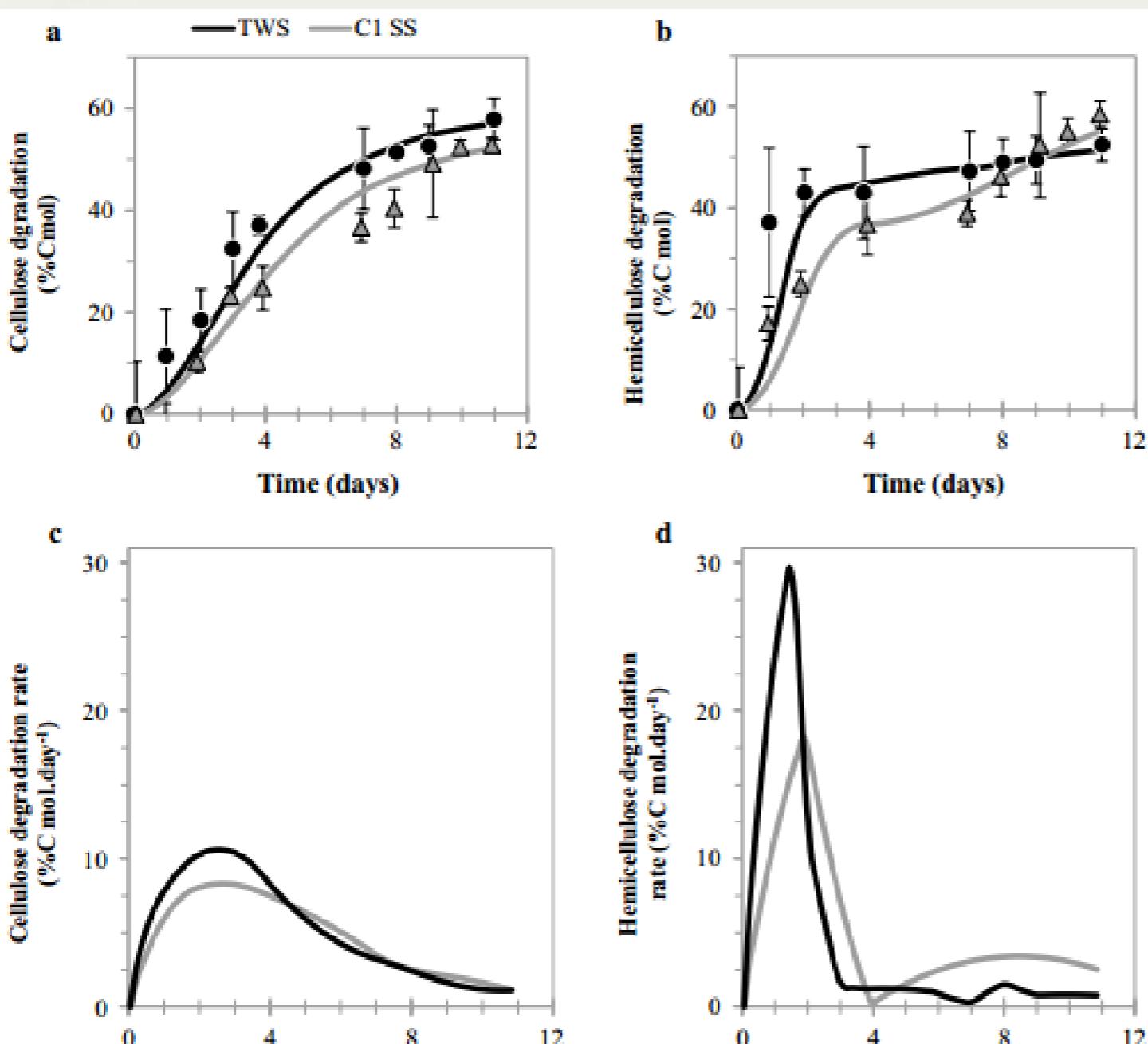
与C1 SS相比，TWS显示出更高的木质纤维素降解和VFA生产率。

Results and discussion



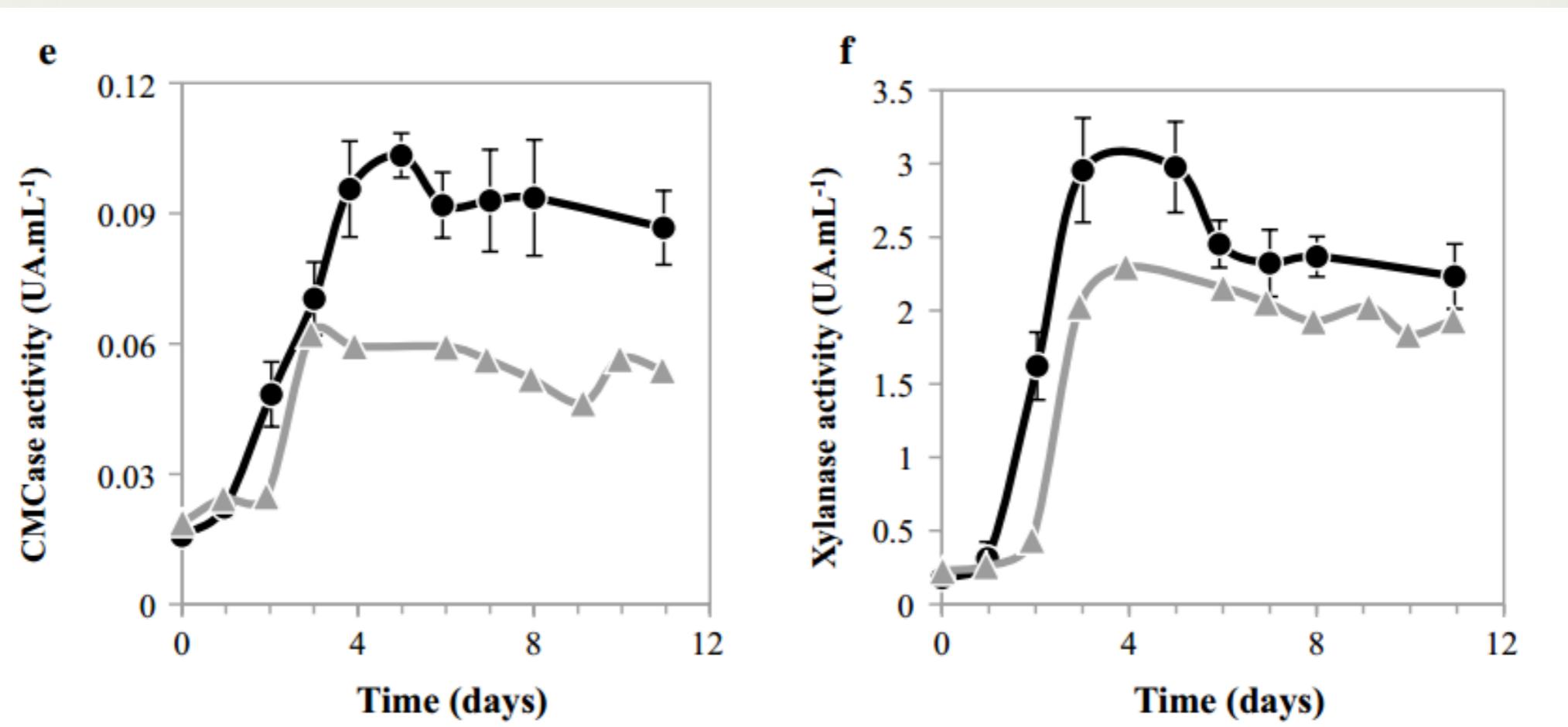
随着时间的延长，拟杆菌变得越来越普遍，并且该属的进展与木质纤维素降解密切相关。

Results and discussion



富集过程提高了
TWS的半纤维素降解
效率。

Results and discussion



关于酶活性的动力学，CMCase（内切葡聚糖酶活性）和木聚糖酶活性都很高；在短暂的滞后阶段之后，两种酶活动在初始阶段都急剧增加，达到最大值，然后缓慢降低。

小结2

通过改变生物反应器中的培养条件，有可能提高木质纤维素降解性能以获得最大的白蚁肠道能力。

在这项研究中，基质灭菌已被确定为木质纤维素降解的积极因素。然而，重要的是要注意，高压灭菌可能会改变基质，从而增加其可降解性。

04

Conclusion

Results and discussion

总结

与先前对瘤胃微生物群落的研究相比，TWS是更好的木聚糖酶的提供者，在较小程度上是CMC降解酶。。

TWS是木质纤维素分解酶的潜在库，并且是进一步研究其酶系统和优化从生物质生产羧酸盐的过程的原型。



敬请批评指正！