代谢工程与合成生物学

阻断集胞藻 6803 PHB 合成途径提高胞内 NADPH 含量

解鹃,周杰,张海峰,李寅

中国科学院微生物研究所,北京 100101

摘要:蓝藻是探索利用太阳能生产化学品的重要微生物,但产量低限制了蓝藻化学品的工业应用。提高宿主还原力 水平是提高微生物合成化学品产量的重要手段。为提高集胞藻细胞内 NADPH 含量,利用同源重组方法,获得敲除聚 羟基丁酸酯 PHB 合酶编码基因 phaC 和 phaE 的集胞藻 Synechocystis sp. PCC 6803 突变体 S.AphaC&E。PCR 结果证明 突变体 S.AphaC&E 基因组中 phaC 和 phaE 已完全被氯霉素抗性基因取代。生长曲线结果显示 S.AphaC&E 的生长与野 生型无明显差异,说明敲除 phaC 和 phaE 对蓝藻生长的影响很小。用气相色谱检测胞内 PHB 含量,野生藻 S.wt 中 PHB 为细胞干重的 2.3%,而突变体 S.AphaC&E 中没有 PHB 生成,该结果说明敲除 phaC 和 phaE 能够有效阻断集胞藻中 PHB 合成。通过对野生藻与突变体进一步比较分析,发现 S.AphaC&E 胞内 NADPH 浓度明显提高,在第3天时差异最 为明显, S.AphaC&E 胞内 NADPH 浓度是 S.wt 的 2.85 倍。总之,敲除 phaC 和 phaE 不仅可以通过阻断副产物 PHB 的 合成,而且还节约了 NADPH,使胞内还原力 NADPH 的水平明显提高。因此为提高蓝藻化学品产量提供了可以改变碳 流向和具有充足还原力的工程集胞藻。

关键词:蓝藻,集胞藻,PHB合成途径,代谢工程,NADPH

Increasing reductant NADPH content via metabolic engineering of PHB synthesis pathway in *Synechocystis* sp. PCC 6803

Juan Xie, Jie Zhou, Haifeng Zhang, and Yin Li

Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract: Cyanobacteria have become attractive hosts for renewable chemicals production. The low productivity, however, prevents it from industrial application. Reductant NAD(P)H availability is a chief hurdle for the production of reductive metabolites in microbes. To increase NADPH content in *Synechocystis* sp. PCC 6803, PHB synthase encoding gene *phaC* and *phaE* in *Synechocystis* was inactivated by replacing *phaC&E* genes with chloromycetin resistance cassette *via* homologous recombination. PCR analysis showed that mutant S.AphaC&E with complete genome segregation was generated. The comparison between growth curves of S.wt and S.AphaC&E indicated the knockout of *phaC & phaE* genes did not affect obviously the cell

Received: October 13, 2010; Accepted: November 15, 2010

Supported by: National Natural Science Foundation of China (No. 30970103), Natural Science Foundation of Beijing (No. 5102026).

Corresponding author: Jie Zhou. Tel: +86-10-64807485; E-mail: jiezhouw@im.ac.cn

Yin Li. Tel: +86-10-64807485; E-mail: yli@im.ac.cn

国家自然科学基金 (No. 30970103), 北京市自然科学基金 (No. 5102026) 资助。

growth. Gas chromatography analysis showed that the accumulation of PHB in wild type was about 2.3% of the dry cell weight, whereas no PHB was detected in the mutant S. Δ phaC&E. The data indicated that inactivation of PHB synthase gene *phaC* and *phaE* interrupted the synthesis of PHB. Further comparative study of wild type and mutant demonstrated that NADPH content in S. Δ phaC&E was obviously increased. On the third day, the NADPH content in S. Δ phaC&E was up to 1.85 fold higher than that in wild type. These results indicated that deleting PHB synthase gene *phaC* and *phaE* not only can block the synthesis of PHB, but also can save NADPH to contribute reductant sink in cyanobacteria. Hence, the engineered cyanobacterial strain S. Δ phaC&E, in which carbon flux was redirected and NADPH was increased, will be a potential host strain for chemicals production in cyanobacteria.

Keywords: cyanobacteria, Synechocystis, PHB synthesis pathway, metabolic engineering, NADPH

蓝藻 (Blue-green algae) 又称蓝细菌 (Cyanobacteria),是一类能进行放氧光合作用的光合 自养原核生物,能够利用二氧化碳和太阳能快速繁 殖。此外,蓝藻具有细胞结构简单、遗传背景清楚、 易于基因操作等特点。因此,随着全球能源匮乏及 气候变暖的加剧,蓝藻成为生产可再生化学品的潜 在理想宿主。通过基因工程改造,已实现在蓝藻中 生产异丁醛、乙醇和氢等化学品^[1-5]。但由于产量低, 限制了蓝藻化学品在工业领域的广泛应用。

集胞藻 6803 是一种单细胞蓝藻,已于 1996 年首 次完成了基因组序列的测定,遗传背景清楚,易于操 作。所以本研究对集胞藻 6803 进行代谢途径改造。

还原力 NADPH 是参与生物能量及碳代谢的重 要辅助因子,具体包括参与微生物细胞内还原型生 物合成、抗氧化、氧化胁迫等多个氧化还原反应^[6-7]。 目前,改变还原力流向已成为提高工业微生物化学品 产量的有效方法^[8]。近年来的研究进展表明,通过代 谢工程改造提高胞内 NADPH 含量可提高需 NADPH 依赖型关键酶催化合成的化合物产量,如 L 型氨基 酸、脂类、多酚等^[9-11]。因此,通过代谢工程改造提 高细胞内 NADPH 含量将有利于集胞藻生产化学品。

聚羟基脂肪酸 (Polyhydroxyalkanoate,简称 PHA) 是一类广泛存在于微生物中的高分子聚脂, 其中聚-β-羟基丁酸酯 (Poly-β-Hydroxybutyrate,简 称 PHB) 是最常见的一种。在正常生长条件下,有 些蓝藻细胞可以积累少量 PHB 作为碳源和能量储藏 物质^[12]。在限氮条件下,流向 PHB 合成途径的碳源 增加,PHB 含量可达蓝藻细胞干重的 38%^[13-14]。根 据已报道的研究结果^[12,19],PHB 作为细胞内的碳源 和能源储备物质,有利于细菌适应外界环境,增强 生存能力。目前尚未有关于 PHB 合成途径敲除对 细胞影响的报道。由图 1 集胞藻 PHB 合成途径示



图 1 集胞藻 PHB 合成途径示意图^[13]

Fig. 1 PHB synthesis pathway in *Synechocystis*^[13].

Chin J Biotech

意图^[13]可知, PHB 是由乙酰辅酶 A 在相应的酶催 化下聚合而成,该过程消耗 NADPH,而 PHB 合酶 作为该合成途径中的最后一个酶而成为 PHB 合成的 关键酶之一。正常生长状态下细胞中虽有一定的 PHB 合成,但当细胞处于正常生长环境时,PHB 不 发挥作用,故推测集胞藻中此途径的敲除对细胞影 响不大。

对于用于生产化学品的集胞藻而言,PHB的合成消耗了目标化学品合成所需的还原力 NADPH 及碳源,不利于进行目标化学品的生产。因此,阻断集胞藻中PHB合成途径,一方面可减少碳源在PHB合成上的消耗;另一方面,可使PHB合成中所需消耗的 NADPH 得以积累,提高了胞内 NADPH 的含量,从而利于工程集胞藻合成目标化学品。

本研究通过同源重组方法,用氯霉素抗性基因 取代集胞藻 6803 (*Synechocystis* sp. PCC 6803) 基因 组中 PHB 合酶编码基因 *phaC* 和 *phaE*,获得 PHB 合成途径被成功阻断并伴有细胞内 NADPH 含量提 高的集胞藻突变体 S.AphaC&E,为进一步开发集胞 藻生产化学品,提高目标产品的产量奠定基础。

1 材料与方法

1.1 菌种和质粒

大肠杆菌 *Escherichia coli* DH5α、质粒 pUC18、 质粒 pRL271、集胞藻 6803 均为本实验室保存。

1.2 试剂

PrimeSTAR HS DNA 聚合酶购自宝生物工程 (大连)有限公司;DNA限制性内切酶、去磷酸化酶 CIP、T4 DNA 连接酶均购自 NEB (北京)有限公司; 质粒 DNA 提取试剂盒、PCR 产物回收试剂盒、 DNA 凝胶回收试剂盒购自 Omega 公司;细菌基因 组 DNA 提取试剂盒、细菌 RNA 提取试剂盒购自天 根生化科技 (北京)有限公司;抗生素购自 Amresco 公司;其他常规试剂采用进口分装或国产分析纯, 购自国药集团化学试剂有限公司;引物合成和测序 由上海英骏生物工程有限公司完成。

1.3 基因敲除载体 pUC-HR 的构建

载体 pUC-HR 示意图见图 2。通过 PCR 分别从 集胞藻 6803 基因组中克隆到 PHB 合酶基因 phaC 和 phaE 上、下游各 600 bp 片段,分别命名为 up、 down。用融合 PCR 方法将 down 片段与来自质粒 pRL271 的氯霉素抗性基因 catP 相融合^[15],获得融 合片段 down-Cm,并将其插入到质粒 pUC18 的 Xba I 位点,得到中间载体 pUC-Cmdown。将 up 片 段插入到中间载体 pUC-Cmdown 的 Sac I 和 BamH I 位点,构建带有 up-Cm-down 结构的用于 PHB 合酶 基因敲除载体 pUC-HR。所用引物序列如需要可向 作者索要。



图 2 基因敲除载体 pUC-HR

Fig. 2 Diagram of gene knockout vector pUC-HR.

1.4 蓝藻的转化、筛选及鉴定

集胞藻 6803 置于光照培养箱 (GXZ-280c,宁 波江南仪器厂) 中振荡培养,温度为 30 ℃,光强为 100 µm/(m²·s),振荡频率为 130 r/min,培养基为 BG-11 培养基^[15]。利用自然转化方法并参照文献 中^[17]关于提高转化效率的优化条件,用构建好的载 体 pUC-HR 转化集胞藻 6803,用 10 µg/mL 氯霉素 筛选转化子。分别提取野生藻、转化子的基因组 DNA 作为模板,用 up 片段 5'引物和 down 片段的 3'端引物进行 PCR 扩增,鉴定基因组完全分离的突 变体 S.ΔphaC&E。1% 琼脂糖电泳后使用凝胶成像仪 (EC3, UVP) 检测扩增产物。

1.5 RNA 提取及 RT-PCR

用 RNA 提取试剂盒 (天根生化科技有限公司, 北京) 提取野生藻 S.wt 和突变体 S.ΔphaC&E 的总 RNA。用不含 RNA 酶的 DNA 酶处理提取的总 RNA,以去除残留的 DNA。用 Quant 反转录酶进行 反转录,为检测可能残留的 DNA 污染,用 *Taq* 聚合 酶代替反转录酶为对照。按扩增基因靠近 3'末端 400~500 bp 的原则设计引物,对反转录产物进行 PCR 扩增^[4]。之后用 1%的琼脂糖电泳检测。

1.6 蓝藻生长的测定

按比例分别接种野生藻 S.wt 和基因敲除藻 S.ΔphaC&E,确保两种藻细胞的起始 OD₇₃₀一致,均为 0.2。吸光度测量使用 UNICO 型号为 7200 spectrophotometer 的紫外-可见分光光度计。光照振 荡培养,每隔 24 小时取藻液测定 OD₇₃₀,并以此做 出生长曲线,比较野生藻 S.wt、基因敲除藻 S.ΔphaC&E 之间生长差异。

1.7 胞内 PHB 含量测定

参照文献用气相色谱测定胞内 PHB 含量^[14,16]。 所用气相色为岛津公司的 GC2010 气相色谱仪,色 谱柱为 DB-5 毛细管柱,柱长 30 m,内径 320 μm。 柱温 170 ℃,检测器温度 250 ℃,载气 N₂ 0.14 MPa, 使用氢焰检测。

取 80 mg 左右干细胞于酯化管中,加入 2 mL 酯 化液 (含有 2 g/L 苯甲酸、3% (V/V) 浓硫酸的甲醇 溶液)和 2 mL 氯仿,加盖密闭,100 ℃酯化反应 4 h。冷却至室温后,加入 1 mL 去离子水,充分振 荡混匀,静置分层。待氯仿相与水相完全分离后, 取氯仿相进行气相色谱分析。使用内标法定量分析 胞内的 PHB 含量。

1.8 胞内 NADPH 含量测定

根据文献方法^[17-18],使用酶标仪 (SpectrsMax 190, Molecular Devices) 测定蓝藻细胞内的 NADPH 含量。分别取处于对数生长期的野生藻及突变体

30 mL (*OD*₇₃₀≈0.8), 离心收集细胞。加入 1 mL 0.3 mol/L 高氯酸, 1 mmol/L EDTA, 充分振荡 30 s, 裂解细胞。离心弃细胞碎片,取上清。取 0.5 mL 上 清, 加入 0.1 mL 2 mol/L K₂CO₃中和反应。取上清, 检测细胞液在 340 nm 的吸光度。根据 NADPH 浓 度与 *OD*₃₄₀关系的标准曲线,确定胞内 NADPH 的 浓度。

2 结果

2.1 蓝藻基因敲除载体 pUC-HR 的构建

经 DNA 测序分析可知,从集胞藻 6803 基因组 中克隆的 PHB 合成酶基因 *phaC*上游 600 bp 片段 up 和 *phaE*下游 600 bp 片段 down,及从质粒 pRL271^[15]克隆的氯霉素抗性基因 *catP* (1 050 bp), 序列均正确。

如载体酶切产物琼脂糖凝胶电泳图谱所示(图 3),用 Xba I 进行酶切,载体被切成 3.3 kb 和 1.6 kb 片段;用 BamH I 和 Sac I 进行酶切,分别切出约 4.3 kb 和 0.6 kb 片段,两组酶切结果均与预期得到 的片段大小相符。同时对基因敲除载体 pUC-HR 中 的 up-Cm-down 片段进行 DNA 测序分析,证明 pUC-HR 中的 up-Cm-down 的方向及序列正确。因 此表明集胞藻 6803 基因 phaC 和 phaE 敲除载体 pUC-HR 构建成功。



图 3 敲除载体 pUC-HR 酶切产物的凝胶电泳图谱 Fig. 3 Identification of plasmid pUC-HR by restriction enzyme digestion. 1: pUC-HR digested with *Xba* I; 2: pUC-HR digested with *Sac* I and *Bam*H I; M: DNA marker III.

为敲除集胞藻 6803 基因组中的 PHB 合酶编码 基因 phaC 和 phaE,用构建的基因敲除载体 pUC-HR 转化集胞藻 6803。经过反复抗生素筛选, 用基因 phaC 上游片段 up5'端和 phaE 下游 down3' 端引物分别对转化子和野生型蓝藻基因组 DNA 进 行 PCR 扩增,如图 4 所示,以野生藻为模板则扩增 得到 3.4 kb 片段,而以转化子基因组 DNA 为模板 扩增得到大小在 2.26 kb 片段,与预期的大小相符, 证明集胞藻 6803 基因组中 phaC 和 phaE 基因 (约 2.2 kb) 完全被氯霉素抗性基因 catP (约1 kb)取代, 已成功得到基因组完全分离的基因敲除突变体 S.ΔphaC&E。



图 4 集胞藻完全分离基因敲除突变体 S.ΔphaC&E 的 PCR 验证

Fig. 4 Identification of complete segregation *Synechocystis* mutant S.ΔphaC&E by PCR. 1: S.wt; 2: S.ΔphaC; M: DNA marker III.

为进一步从转录水平证明 phaC 和 phaE 失活, 对突变体及野生型进行了 RT-PCR 比较分析。如图 5 所示,以野生藻 S.wt cDNA 为模板检测不到氯霉 素抗性基因片段,但以基因敲除藻 S.AphaC&E 的 cDNA 为模板,可检测到氯霉素抗性基因片段。同 时,以野生藻 S.wt 的 cDNA 为模板可检测到 PHB 合酶基因片段,但以基因敲除藻 S.AphaC 的 cDNA 为模板,则检测不到 PHB 合酶片段。因此,RT-PCR 结果进一步证明,蓝藻突变体 S.AphaC&E 中 PHB 合酶编码基因已经被氯霉素抗性基因取代。



图 5 RT-PCR 鉴定基因敲除集胞藻突变体 S.ΔphaC&E Fig. 5 Identification of the transcription of chloromycetin resistance gene and PHB synthase gene in *Synechocystis* mutant S.ΔphaC&E by RT-PCR. 1: transcription of *catP* in S.wt; 2: transcription of chloromycetin resistance gene in S.ΔphaC&E; M: DNA marker I; 3: transcription of PHB synthase gene in S.ΔphaC&E; 4: transcription of PHB synthase gene in S.wt.

2.3 蓝藻生长的测定

成功构建蓝藻突变体 S.AphaC&E 后,对野生型 及突变体的生长进行了比较研究。从生长曲线 (图 6)可以看出, PHB 合酶基因敲除蓝藻突变体 S.AphaC&E 的生长虽然略低于野生藻 S.wt,但差异 不大。这说明 PHB 合酶编码基因的敲除基本不影响 蓝藻的生长。

2.4 集胞藻胞内 PHB 含量检测

为检测敲除 phaC 和 phaE 能否阻断蓝藻 PHB 的



图 6 野生集胞藻 S.wt 和集胞藻突变体 S.ΔphaC&E 的生 长曲线

Fig. 6 Growth curves of S.wt and *Synechocystis* mutant S.AphaC&E.

合成,对野生藻和突变体的胞内 PHB 含量进行了测定。结果发现,野生藻 S.wt 中 PHB 积累约为细胞 干重的 2.3% (2.30±0.12),而基因敲除突变体 S.ΔphaC&E 中没有 PHB 的积累 (0.00±0.05),说明 *phaC* 和 *phaE* 的敲除能够阻断蓝藻中 PHB 的合成。

2.5 胞内 NADPH 含量检测

由于 PHB 的合成是消耗 NADPH,因此对突变 体和野生型胞内 NADPH 含量进行了比较分析。根 据文献[17-18]中的 NADPH 检测方法,对野生藻 S.wt 和突变体 S.ΔphaC&E 中的 NADPH 进行测定,得到 NADPH 浓度与 *OD*₃₄₀ 对应关系的标准曲线,公式为: *y*=10.333*x*-0.111, *R*²=0.998。其中,*x*为 *OD*₃₄₀; *y* 为 NADPH 浓度 (mmol/L)。根据标准曲线,得到 NADPH 含量随培养时间变化曲线,如图 7 所示,突 变体 S.ΔphaC&E 胞内的 NADPH 含量明显提高,为 野生藻 S.wt NADPH 含量的 2.85 倍。说明集胞藻 6803 细胞中 PHB 合成途径的阻断,可以使胞内 NADPH 含量提高。



图 7 野生集胞藻 S.wt 和集胞藻突变体 S.ΔphaC&E 胞内 NADPH 的检测结果

Fig. 7 Detection of celluar NADPH contents of S.wt and *Synechocystis* mutant S.ΔphaC&E.

3 讨论

利用代谢工程技术敲除生物代谢途径中的关键 基因,并结合辅因子工程技术,改变代谢流分布, 构建新的代谢途径,在微生物代谢工程中具有重要 作用^[6]。

本研究结合代谢工程和辅因子工程的方法、以 蓝藻 PHB 合成途径为改造对象,通过敲除 PHB 合 酶基因成功阻断集胞藻 6803 中 PHB 的合成,获得 胞内还原力 NADPH 含量明显提高的工程蓝藻 S.∆phaC&E。由于集胞藻 6803 的基因组是多拷贝的, 因此我们通过对转化子的反复多轮筛选,得到基因 组完全分离的蓝藻基因敲除突变体 S.ΔphaC&E。在 正常培养条件下集胞藻 6803 细胞内是有 PHB 积累 的。Hein's 等通过在大肠杆菌中表达集胞藻 6803 PHB 合酶基因 phaC 和 phaE, 使大肠杆菌中可以产 生 PHB 来证明 PHB 合酶是蓝藻 PHB 合成的关键 酶^[19]。而本工作通过在蓝藻中敲除 PHB 合酶基因阻 断 PHB 合成,更直接证明 PHB 合酶是集胞藻 6803 PHB 成途径的关键酶。在本研究正常培养条件下, 野生藻 S.wt 可以积累细胞干重 2.3%的 PHB 作为碳 源和能量储备,这与前人的实验结果相一致^[12]。同 时发现阻断 PHB 合成对蓝藻的生长影响很小。推测 原因应与 PHB 的生理功能有关。根据已报道的研 究结果^[19], PHB 作为细胞内的碳源和能源储备物 质,有利于细菌适应外界环境,增强生存能力。正 常生长状态下虽有一定的 PHB 合成, 但当细胞处于 正常生长环境时 PHB 不发挥作用,同时 PHB 的合 成途径与蓝藻生长的途径无关联,所以它的敲除对 正常环境下生长的细胞影响不大。因此, 敲除 PHB 合成酶编码基因阻断 PHB 合成,可以实现蓝藻中碳 流的重新分配,即把原本用于合成 PHB 的碳源用于 目标化学品的合成, 使细胞内有限的碳源得到更有

PHB 合成途径需要有还原力 NADPH 的参与^[13], 而本研究通过阻断 PHB 合成得到胞内 NADPH 含量 增加的工程蓝藻也进一步证明了这一点。还原力 NADPH/NADH 是参与微生物代谢的重要辅助因子, 而微生物细胞内具有实现 NADPH 与 NADH 相互转 化的能力。近期 McNeely 等^[20]的研究结果表明,增 加蓝藻胞内还原力水平,可以提高蓝藻相应代谢产 物水平,如乙酸,琥珀酸等。因此,本研究实现胞 内 NADPH 含量提高,这将为蓝藻合成还原型化合

效地利用,从而提高蓝藻目标化学品的产量。

物提供充足的还原力,为进一步提高蓝藻化学品产 量,开发蓝藻产醇类、脂类等化学品奠定基础。

综上所述,本研究通过敲除 PHB 合成酶编码基 因 phaC 和 phaE 成功阻断了集胞藻 6803 中的 PHB 合成,实现胞内还原力 NADPH 的有效积累,并且 与野生藻相比,突变体蓝藻 S.ΔphaC&E 的生长没有 受到影响。本实验一方面由于成功阻断 PHB 的合成, 可以实现蓝藻中碳流的重新分配,为提高目标化学 品产量作了碳源重新分配上的准备;另一方面提高 了蓝藻胞内 NADPH 水平,为实现蓝藻产化学品、 提高目标产物产量提供了充足的还原力。因此,本 研究所建立的成功阻断 PHB 合成途径同时实现 NADPH 提高的蓝藻突变体 S.ΔphaC&E,为蓝藻产 目标化学品作了碳源和还原力方面的准备,为蓝藻 产醇类、脂类等还原型化学品、提高化学品产量提 供了理想菌株。

REFERENCES

- Atsumi S, Higashide W, Liao JC. Direct photosynthetic recycling of carbon dioxide to isobutyraldehyde. Nat Biotechnol, 2009, 27(12): 1177–1180.
- [2] Cadoret JP, Bernard O. Lipid biofuel production with microalgae: potential and challenges. J Soc Biol, 2008, 202(3): 201-211.
- [3] Ghirardi ML, Dubini A, Yu JP, et al. Photobiological hydrogen-producing systems. Chem Soc Rev, 2009, 38(1): 52-61.
- [4] Deng MD, Coleman JR. Ethanol synthesis by genetic engineering in cyanobacteria. Appl Environ Microbiol, 1999, 65(2): 523-528.
- [5] Zhou J, Li Y. Engineering cyanobacteria for fuels and chemicals production. Protein Cell, 2010, 1(3): 207–210.
- [6] Xia WL, Wang Z, Wang Q, et al. Roles of NAD+/ NADH and NADP+/ NADPH in cell death. Curr Pharm Des, 2009, 15(1): 12–19.
- [7] Ying WH. NAD⁺/NADH and NADP⁺/NADPH in cellular functions and cell death: regulation and biological consequences. Antioxid Redox Signal, 2008, 10(2): 179–206.
- [8] Qin Y, Dong ZY, Liu LM, et al. Manipulation of NADH metabolism in industrial strains. Chin J Biotech, 2009, 25(2):161–169.

秦义,董志姚,刘立明,等.工业微生物中 NADH 的代谢调控. 生物工程学报,2009,25(2):161-169.

- [9] Chemler JA, Fowler ZL, McHugh KP, et al. Improving NADPH availability for natural product biosynthesis in *Escherichia coli* by metabolic engineering. Metab Eng, 2010, 12(2): 96–104.
- [10] Bartek T, Blombach B, Zonnchen E, et al. Importance of NADPH supply for improved L-valine formation in *Corynebacterium glutamicum*. Biotechnol Prog, 2010, 26(2): 361–371.
- [11] Suagee JK, Corl BA, Crisman MV, et al. De novo fatty acid synthesis and NADPH generation in equine adipose and liver tissue. Comp Biochem Physiol B Biochem Mol Biol, 2010, 155(3): 322–326.
- [12] Philippis RD, Ena A, Guastini M, et al. Factor affecting poly-β-hydroxybutyrate accumulation in cyanobactria and in purple-non-sulfur bacteria. FEMS Microbiol Lett, 1992, 103(2/4): 187–194.
- [13] Asada Y, Miyake M, Miyake J, et al. Photosynthetic accumulation of poly-(hydroxybutyrate) by cyanobacteria
 --the metabolism and potential for CO₂ recycling. Int J Biol Macromol, 1999, 25(1/3): 37–42.
- Panda B, Mallick N. Enhanced poly-b-hydroxybutyrate accumulation in a unicellular cyanobacterium, *Synechocystis* sp. PCC 6803. Lett Appl Microbiol, 2007, 44(2): 194–198.
- [15] Castenholz RW. Culturing methods for cyanobacteria. Meth Enzym, 1988, 167: 68–93.
- [16] Beaulieu M, Beaulieu Y, Melinard J, et al. Influence of ammonium salts and cane molasses on growth of alcaligenes eutrophus and production of polyhydroxybutyrate. Appl Environ Microbiol, 1994, 61(1): 165–169.
- [17] Muro-Pastor MI, Reyes JC, Florencio FJ. Cyanobacteria perceive nitrogen status by sensing intracellular 2-oxoglutarate levels. J Biol Chem, 2001, 276(41): 38320-38328.
- [18] Senior PJ. Regulation of nitrogen metabolism in Escherichia coli and Klebsiella aerogenes: studies with the continuous-culture technique. J Bacteriol, 1975, 123(2): 407-418.
- [19] Hein S, Tran H, Steinbüchel A. Synechocystis sp. PCC 6803 possesses a two-component polyhydroxyalkanoic acid synthase similar to that of anoxygenic purple sulfur bacteria. Archives Microbiol, 1998, 170(3): 162–170.
- [20] Mcneely K, Xu Y, Byrant N, et al. Redirecting reductant flux into hydrogen production via metabolic engineering of fermentative carbon metabolism in a cyanobacterium. Appl Environ Microbiol, 2010, 76(15): 5032–5038.