

纤维素高效降解菌 YN1 的筛选及其降解特性

赵方圆 范宁杰 朱建春 李顺鹏 黄星*

(南京农业大学生命科学学院 农业部农业环境微生物工程重点开放实验室 江苏 南京 210095)

摘要: 为了获得降解天然纤维素的微生物菌株, 并用于农田秸秆腐熟及竹林地稻壳促腐。从牛羊粪堆肥中筛选出一株纤维素降解菌 YN1, 对其进行了形态和系统发育分析; 测定了 YN1 的液、固体发酵酶活; 进行了 YN1 对纤维素的失重测定; 对 YN1 在纤维素表面上的定殖及其对纤维素的降解进行了电镜观察。经菌株形态分析和 ITS 基因序列分析, 将 YN1 鉴定为曲霉(*Aspergillus* sp.); 在 YN1 菌株的液体发酵培养第 3 天, 内切酶、外切酶、 β -糖苷酶和总纤维素酶活性都达到最大值, 分别为 95.7、14.6、20.5 和 26.6 U/mL, 固体发酵培养第 5 d 各酶活均达到峰值, 依次为 1192.2、100.6、136.9 和 210.7 U/g; 在失重测定中, YN1 在 7 d 内可降解 41.87% 的秸秆, 31.59% 的稻壳; 在扫描电镜下可明显观察到 YN1 对滤纸、秸秆和稻壳的降解。YN1 可有效降解天然纤维素, 对农田秸秆腐熟及竹林地稻壳促腐具有较好的应用前景。

关键词: 纤维素降解菌, *Aspergillus* sp., YN1, 纤维素酶活

Isolation and Characterization of an Efficient Cellulose-decomposing Strain YN1

ZHAO Fang-Yuan FAN Ning-Jie ZHU Jian-Chun LI Shun-Peng HUANG Xing*

(College of Life Science, Nanjing Agricultural University, Key Laboratory of Microbiological Engineering of Agricultural Environment, Ministry of Agriculture, Nanjing, Jiangsu 210095, China)

Abstract: To obtain cellulose-decomposing strains, and to use them for decomposition of rice straw and rice hull. A cellulose-decomposing strain YN1 was isolated from cattle and sheep feces compost. Strain YN1 was identified by morphologic and phylogenetic analysis. Moreover, we performed the liquid and solid fermentation of YN1, and the degrading test of cellulose. In addition, scan electron microscope was used to observe the fixed propagation of YN1 on the cellulose and cellulose degradation. The morphologic and ITS gene sequence analysis suggested that YN1 was *Aspergillus* sp.. Through liquid fermentation, endoglucanases, exoglucanases, beta-glucosidases and the total cellulase activities reached to maximum at the 3th day, and they were 95.7, 14.6, 20.5 and 26.6 U/mL respectively. Though solid fermentation, the 4 kinds of cellulase activities reached to maximum at the 5th day, and they were 1192.2, 100.6, 136.9 and 210.7 U/g respectively. In the degrading experiment, YN1 could degrade 41.87% of rice straw, 31.59% of rice hull in weight in 7 days respectively. The remarkable phenomenon that YN1 degrading crude cellulose could be observed by scan electron microscope. YN1 showed value of practical applications in rice straw and rice hull decomposition.

基金项目: 科技部平台建设项目(No. 2005DKA21201-2); 南京市科技发展计划资助项目(No. 200901070)

* 通讯作者: Tel: 86-25-84396685; Fax: 86-25-84396314; ✉: huangxin@njau.edu.cn
收稿日期: 2009-11-13; 接受日期: 2010-01-12

Keywords: Cellulose-decomposing strain, *Aspergillus* sp., YN1, Cellulase activities

我国是农业大国, 各类农作物秸秆资源十分丰富, 但秸秆直接还田后在土壤中分解转化的周期长, 难以作为当季作物的肥源。同时, 每年约有 30% 的剩余作物秸秆不能有效处理和利用^[1], 在收割季节秸秆被集中焚烧的现象日益突出, 污染空气并危害人们的身体健康。上世纪 90 年代以来, 浙江省富阳、临安等竹林地采取稻壳覆盖早出技术, 生产反季节竹笋, 取得了显著的经济效益。但随着该技术使用年限的延长, 也出现了一些问题。长期使用稻壳覆盖的竹林地, 竹子地下鞭的生长受到影响, 引起烂鞭、烂芽, 造成竹林地退化, 严重影响竹笋的产量与品质^[2]。因此研究农田秸秆、竹林地稻壳的人工快速促腐技术具有重要的意义。使用传统的物化方法, 如酸处理^[3]、碱处理^[4]以及蒸汽加热^[5]等方法处理秸秆等纤维素, 存在反应条件剧烈、设备昂贵、成本较高、带来新的环境污染等问题。而利用投加纤维素高效降解菌的方法经济、有效, 正逐渐成为当前的研究热点^[6-7]。近年来, 国内外对于纤维素降解菌和酶的报导较多, 但大部分研究集中在对秸秆的降解上^[8-10], 对于稻壳降解的报道甚少。本实验从堆肥中筛选到一株高效纤维素降解菌, 既可以高效降解秸秆, 对稻壳也有一定降解能力, 对农田秸秆腐熟及竹林地稻壳促腐具有较好的应用前景。

1 材料和方法

1.1 培养基

刚果红培养基^[11]: K_2HPO_4 0.5 g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0.25 g, 蛋白胨 2 g, 酵母膏 1 g, 琼脂粉 1.5 g, 刚果红 0.2 g, H_2O 1000 mL。液体发酵培养基: 蛋白胨 3 g, NH_4NO_3 2 g, 酵母粉 0.5 g, KH_2PO_4 4 g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0.3 g, $CaCl_2 \cdot 2H_2O$ 0.3 g, 吐温-80 0.2 g, 羧甲基纤维素钠(CMC-Na) 10 g, H_2O 1000 mL, pH 6.0。固体发酵培养基: 秸秆 50 g, KH_2PO_4 0.05 g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0.025 g, $(NH_4)_2SO_4$ 1 g, 蒸馏水 100 mL。赫奇逊培养基: KH_2PO_4 1 g, $FeCl_3 \cdot 7H_2O$ 0.01 g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0.3 g, $CaCl_2 \cdot 2H_2O$ 0.1 g, pH 7.0-7.2。查氏琼脂培养基: $NaNO_3$ 2 g, K_2HPO_4 1 g, KCl 0.5 g, $MgSO_4$ 0.5 g, $FeSO_4$ 0.01 g, 蔗糖

30 g, 琼脂 20 g, H_2O 1000 mL, pH 自然。

1.2 发酵条件

液体发酵条件: 250 mL 三角瓶 100 mL 培养基, 用打孔器取直径为 8 mm 的 YN1 菌饼接种, 30°C、160 r/min 摇培 5 d。固体发酵条件: 500 g 罐头瓶 50 g 培养基, 斜面接种^[12]YN1, 30°C 培养 7 d。

1.3 菌株的分离

分别收集牛、羊粪堆肥, 浙江省临安稻壳长期覆盖的林地土壤, 溶于无菌水中, 系列稀释, 涂布于纤维素刚果红培养基上, 30°C 培养, 菌落呈红色并且能在周围形成透明水解圈的菌株即是能产纤维素酶的菌株。将产纤维素酶的菌株划线分离纯化, 接种至以 CMC-Na 为唯一碳源的液体发酵培养基中发酵, 测定各菌株的纤维素酶活进行复筛。

1.4 菌株的鉴定

1.4.1 菌株形态鉴定: 参考《中国真菌志》对 YN1 进行真菌形态学鉴定^[13]。

1.4.2 保守序列 ITS 区域的 PCR 扩增及系统发育分析: PCR 反应体系(50 μ L)为: 10 \times Buffer 5 μ L, $MgCl_2$ (25 mmol/L) 10 μ L, dNTPs (10 mmol/L) 1 μ L, 引物 ITS4 (2 μ mol/L)和引物 ITS5 (2 μ mol/L) 各 2 μ L, 模板 DNA 1 μ L, *Taq* 酶 (5 U/ μ L) 0.5 μ L, 重蒸水 28.5 μ L。模板 DNA 由 CTAB 法提取。PCR 程序如下: 94°C 3 min; 94°C 45 s, 56°C 45 s, 72°C 75 s, 35 个循环; 72°C 10 min。通用引物序列为 ITS4: 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3', ITS5: 5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3'由 Invitrogen 公司合成。PCR 产物测序由 Invitrogen 公司完成。将测定得到的 ITS 保守序列与 NCBI 数据库中的相关菌种的 ITS 保守序列进行比对分析, 并利用 MEGA3.1 的 Neighbor-joining 构建进化树^[14]。

1.5 纤维素酶活测定方法

YN1 菌株经固、液体发酵后, 经过滤或离心后得到粗酶液, 分别以 1% (W/V)羧甲基纤维素钠、1% 的微晶纤维素、1%水杨苷、50 mg 滤纸为底物, 测定纤维素内切酶、外切酶、 β -糖苷酶和总纤维素酶活性^[15]。用柠檬酸缓冲液稀释酶液, 于 50°C 下反应 30 min (测总纤维素酶活反应 1 h), 加 3 mL 的 3,5-二硝基水杨酸(DNS), 煮沸 5 min, 紫外分光光度计 540 nm 波长下测定吸光值并计算酶活。以每分钟催

化纤维素水解产生 1 μg 葡萄糖所需要的酶量为 1 个酶活力单位(U)。

1.6 YN1 菌株的液、固体发酵酶活性测定

将筛选到的纤维素高效降解菌株 YN1 进行液、固体发酵, 每隔 24 h 采样测定 4 种纤维素酶活, 并制作以时间为横坐标, 以酶活为纵坐标的酶活性曲线。得出其酶活与培养时间的关系, 从而确定产酶最佳时间。液体及固体发酵培养基及发酵条件见 1.1 和 1.2。

1.7 YN1 对纤维素的失重测定

将秸秆、稻壳、滤纸及棉花在 105 $^{\circ}\text{C}$ 烘至恒重。分别以烘干的 1 g 秸秆、稻壳、滤纸、棉花为唯一碳源配制液体发酵培养基, 接入降解菌 YN1, 30 $^{\circ}\text{C}$ 、160 r/min 摇培 7 d, 将发酵液过滤并将残留纤维素烘干称重, 用减重法计算失重率。

1.8 YN1 在滤纸、秸秆和稻壳表面定殖及降解纤维素的电镜观察

将 YN1 接种到装有滤纸、秸秆和稻壳的试管(赫奇逊培养基)中 30 $^{\circ}\text{C}$ 、160 r/min 摆床培养 7 d, 将样品剪成适当大小, 用戊二醛固定, 采用扫描电子显微镜观察 YN1 在滤纸、秸秆和稻壳上定殖及各种纤维素被降解后的形态变化。

2 结果

2.1 纤维素降解菌的筛选

通过纤维素刚果红培养基初筛出 65 株纤维素降解菌, 对所有初筛菌株进行纤维素酶活测定, 发现菌株 YN1 的内切酶、外切酶、 β -糖苷酶及总纤维素酶活均高于其他菌株, 因此选定 YN1 作为进一步研究对象。

2.2 菌株的鉴定

2.2.1 菌株形态鉴定: YN1 在查氏琼脂培养基上生长迅速, 菌落平坦并具有辐射状沟纹, 质地丝绒状; 菌落呈紫黑色, 反面无色, 后呈不同程度的黄色; 分生孢子头为球形至辐射形; 分生孢子梗发生于基质, 近顶囊部分带淡黄褐色, 壁平滑; 产孢结构单层, 分生孢子球形, 壁显著粗糙, 具刺(图 1)。

2.2.2 保守序列 ITS 区域的 PCR 扩增及系统发育分析: 通过 PCR 扩增获得菌株 YN1 的 ITS 保守序列, 共 561 bp, GenBank 登录号为 GU290041。分析此序列发现, 其与 GenBank 数据库中的日本曲霉原变种 (*Aspergillus japonicus*) 及日本曲霉棘孢变种 (*Aspergillus aculeatus*) ITS 基因序列具有 100% 的同源性。YN1 的系统发育树见图 2。根据形态学及系统发育分析, 鉴定该菌为曲霉(*Aspergillus* sp.)。

2.3 YN1 菌株的液、固体发酵酶活性测定

采用液体、固体发酵培养基培养 YN1, 每隔 24 h 采样测定内切酶、外切酶、 β -糖苷酶及总纤维素酶 4 种酶活, 结果见图 3 及图 4, 在培养过程中, YN1 的 4 种纤维素酶活变化趋势基本相同, 均呈一单峰曲线。液体培养条件下, 4 种酶活均在第 3 天达到最大值, 内切酶、外切酶、 β -糖苷酶及总纤维素酶依次为 95.7、14.6、20.5 和 26.6 U/mL。在固体培养条件下, 4 种酶活在第 5 天达到最大值, 依次为 1192.2、100.6、136.9 和 210.7 U/g。同时由图 3 可知, 液体和固体发酵条件下, 各酶活大小均依次为内切酶 > 总纤维素酶 > β -糖苷酶 > 外切酶。以固体发酵为例, 在 5 d 内, 内切酶酶活的平均值为 912.9 U/g, 外切酶为 80.7 U/g, β -糖苷酶 113.5 U/g, 总纤维素酶为 159.1 U/g。由此可见, 总纤维素酶的活性并非其他 3

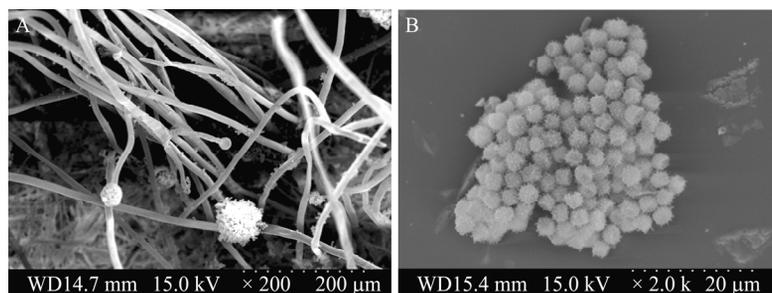


图 1 YN1 菌株的显微形态观察

Fig. 1 The microcosmic modality of YN1

注: A: YN1 在扫描电镜下的微观形态($\times 200$); B: YN1 孢子在扫描电镜下的微观形态($\times 2000$)。

Note: A: The microcosmic modality of YN1 in the scan electron microscope ($\times 200$); B: The microcosmic modality of spore of YN1 in the scan electron microscope ($\times 2000$).

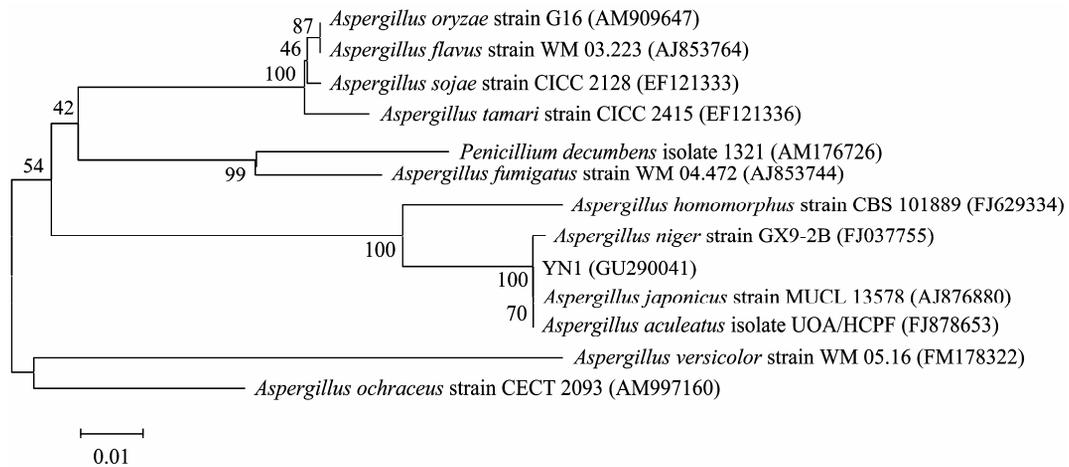


图 2 基于 ITS 序列同源性的纤维素降解菌 YN1 的系统发育树

Fig. 2 The phylogenetic tree based on the ITS sequence of cellulose-decomposing strain YN1

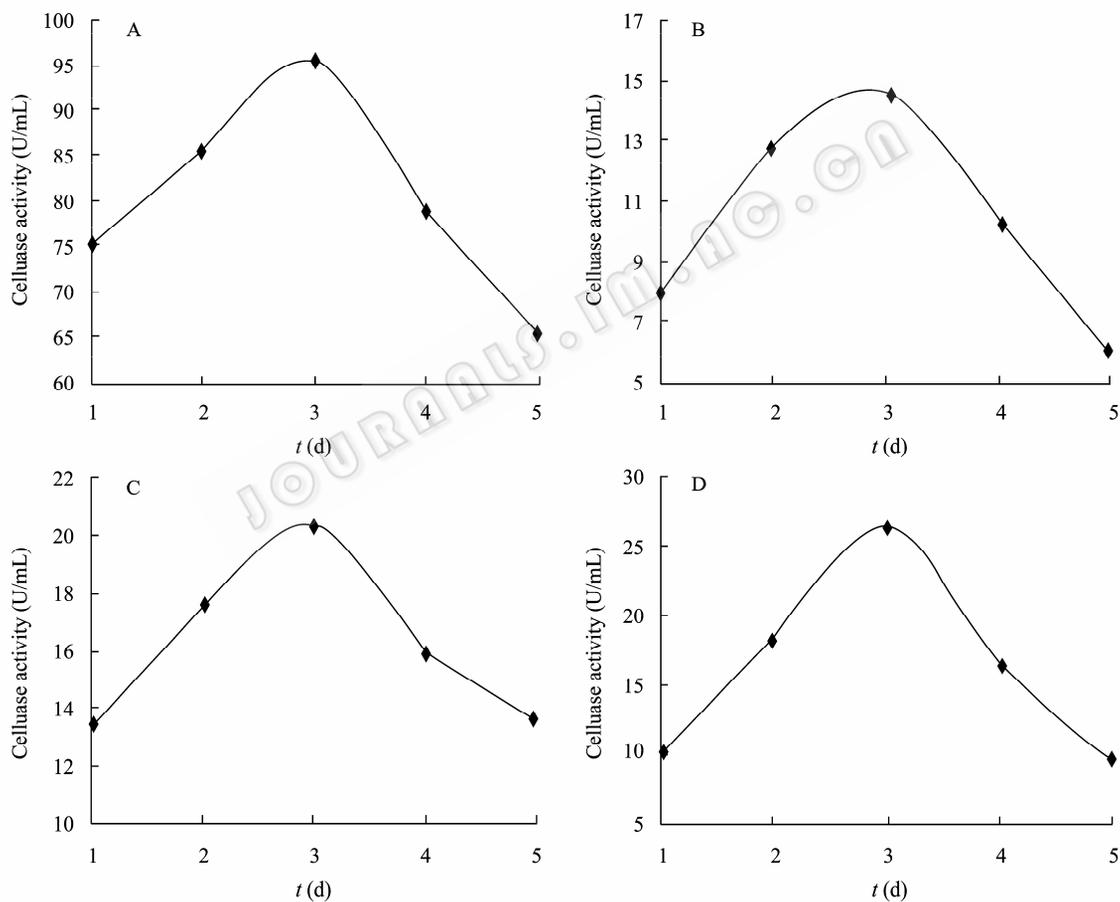


图 3 液体发酵过程中 4 种纤维素酶活性的动态变化过程

Fig. 3 The dynamic progress of 4 kinds of cellulase activities in liquid fermentation

注: A: 内切酶; B: 外切酶; C: β -糖苷酶; D: 总纤维素酶。

Note: A: Endoglucanase; B: Exoglucanase; C: β -glucosidase; D: Total cellulase.

种酶活的简单叠加, 而是内切酶、外切酶和 β -糖苷酶协同降解纤维素的综合体现。

2.4 YN1 对纤维素的失重测定

除了以测定各纤维素酶活为指标, 还要测定

降解菌株对各种天然纤维素如秸秆、稻壳、棉花等的降解失重情况来全面衡量该菌的降解效果和应用前景。通过减重法测得 YN1 对秸秆的降解效果最佳, 7 d 可降解 41.78%, 相同条件下对稻壳的降

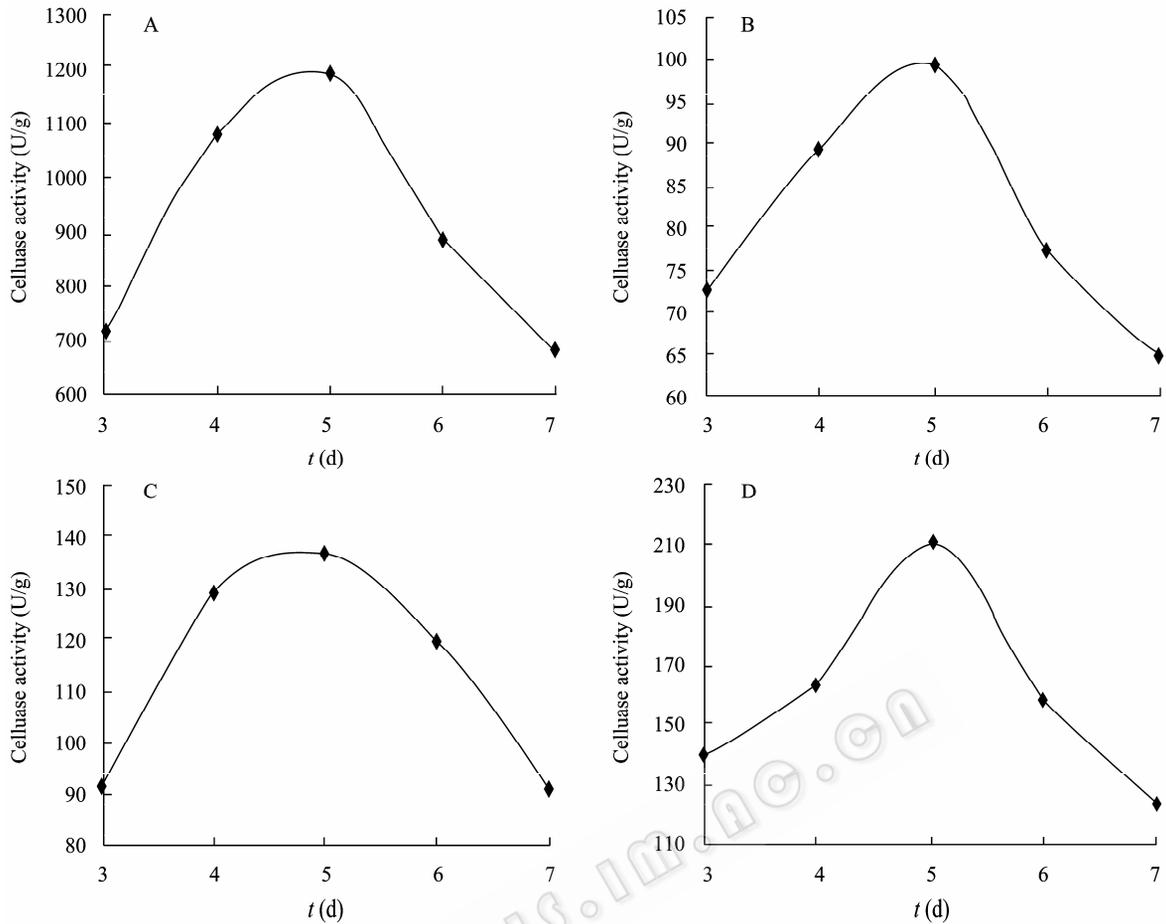


图 4 固体发酵过程中 4 种纤维素酶活性的动态变化过程

Fig. 4 The dynamic progress of 4 kinds of cellulase activities in solid fermentation

注: A: 内切酶; B: 外切酶; C: β-糖苷酶; D: 总纤维素酶。

Note: A: Endoglucanase; B: Exoglucanase; C: β-glucosidase; D: Total cellulase.

解率为 31.59%，对滤纸的降解率为 10.40%，对脱脂棉则几乎不降解。该试验结果表明 YN1 对秸秆和稻壳具有较强的分解能力，具有较好的田间应用前景。

2.5 YN1 在滤纸、秸秆和稻壳表面定殖及降解纤维素的电镜观察

本实验利用电镜观察 YN1 对滤纸、秸秆及稻壳的降解所带来的微观形态上的改变。对照图 5A-1 为天然滤纸纤维素的电镜照片，图片显示滤纸纤维素由多层结构完整的不规则排列的条状纤维构成，纤维排列松散且表面的结构完整^[16]。图 5A-2 为以纤维素滤纸为唯一碳源，接种 YN1 培养 7 d 后的扫描电镜照片，从图中可以看出滤纸纤维素被分解的现象明显，滤纸纤维已开始崩解，且有菌体嵌入滤纸纤维素中并将滤纸纤维素分解成细丝状。图 5B-2 中清晰可见 YN1 的菌丝定殖于秸秆纤维表面，破坏了

秸秆原有的光滑表面(图 5B-1)，暴露出秸秆内部长条状细胞。图 5C-1 为完整的稻壳细胞表面电镜照片，作为对照的稻壳表面光滑并有排列整齐的突起。而从图 5C-2 中可观测到接种 YN1 后的稻壳，YN1 的菌丝已破坏了稻壳细胞表面并侵入到细胞内部，稻壳表面瓦解溃烂。

3 讨论

本实验从牛羊粪堆肥中筛选出的纤维素降解菌 YN1，经形态及系统发育分析鉴定为曲霉 (*Aspergillus* sp.)。该菌在液体发酵培养第 3 天，内切酶、外切酶、β-糖苷酶和总纤维素酶活性都达到最大值，分别为 95.7、14.6、20.5 和 26.6 U/mL；在固体发酵培养第 5 天各酶活均达到峰值，依次为 1192.2、100.6、136.9 和 210.7 U/g。在固体发酵条件下，由于培养基具有一定的蓬松度有利于氧气穿

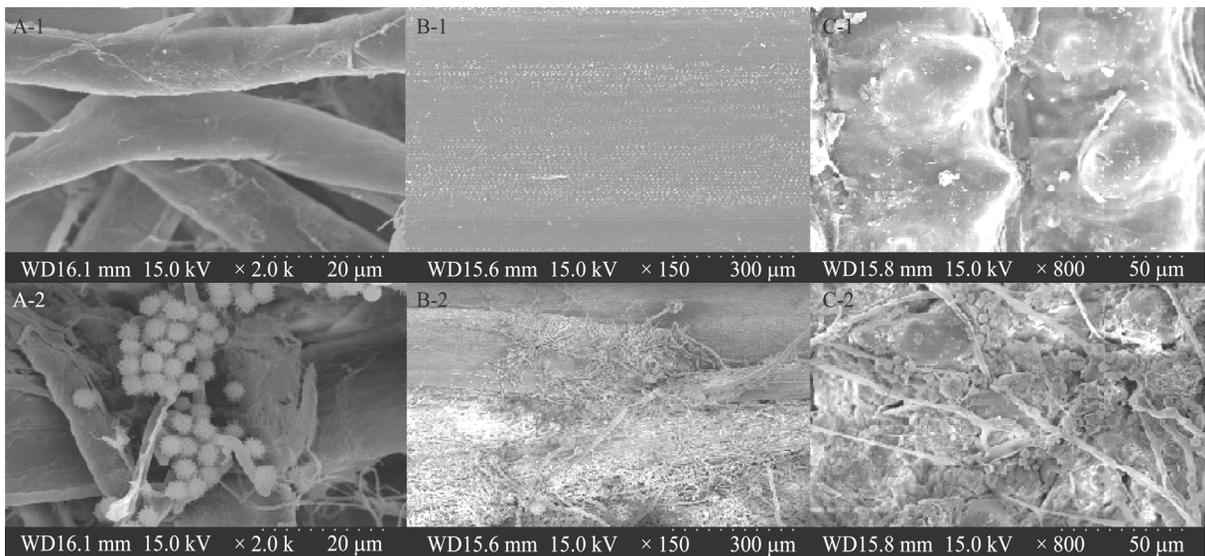


图 5 YN1 降解滤纸, 秸秆及稻壳的扫描电镜照片

Fig. 5 Scan electron micrographs of filter paper, rice straw and rice hull degraded by YN1

注: A: 滤纸($\times 2000$); B: 秸秆($\times 150$); C: 稻壳($\times 800$).

Note: A: Filter paper ($\times 2000$); B: Rice straw ($\times 150$); C: Rice hull ($\times 800$).

透,从而使固体发酵的溶氧水平要优于液体发酵,因此更有利于真菌的生长,且固体培养基的纤维素物质含量明显高于液体培养基,也更有利于诱导纤维素酶的产生。

纤维素的生物降解过程涉及到一组复合的纤维素酶,一般认为它包括 3 种,分别为:内切 β -1,4 葡萄糖苷酶,简称内切酶;外切 β -1,4 葡萄糖苷酶,简称外切酶; β -糖苷酶,也称纤维二糖酶。纤维素的降解,必须依靠 3 种组分的协同作用才能完成^[17]。本实验结果表明,YN1 内切酶的活性较高,外切酶、 β -糖苷酶活性较低。研究表明,内切酶对聚合度高的长链纤维素水解能力强,而 β -糖苷酶对短链纤维素类物质如纤维二糖具有很强的水解能力^[18-19], β -糖苷酶酶活过低会导致中间产物纤维二糖积累从而阻碍或抑制整个纤维素降解过程^[20-21]。因此今后的工作中,可筛选 β -糖苷酶活性较高的菌株与 YN1 混合发酵,进一步提高 YN1 降解纤维素的效率。

纤维素降解菌降解纤维素的能力不能简单通过酶活加以反映,而是需要结合对秸秆、稻壳等天然纤维素的实际降解效果来综合评定。如刘长莉^[22]等报导的纤维素分解菌复合系 NSC-7,其内切酶及总纤维素酶活仅有 4.48 U/mL 和 7.51 U/mL,但却能够在 5 d 内分解 55.2%天然稻秆。而刘搢滔等^[23]分离的纤维素分解菌的内切酶活性及总纤维素酶活极高,达到 18064 U/mL 和 4035 U/mL,但其对天然纤

维素的降解还未见报道。目前已报道了一些秸秆降解菌,如王伟东^[9]等筛选的 MC1 在 9 d 内能够分解稻草重量的 81%,但对于稻壳的高效降解菌的报道较少。而本实验筛选的纤维素降解菌 YN1 在 7 d 内不仅能够分解 41.87%的稻草,而且可以分解 31.59%的稻壳,具有更广阔的田间应用价值。在本实验的基础上,进一步利用 YN1 进行混菌实验,生产更高效的纤维素降解菌制剂,对农田秸秆腐熟及竹林地稻壳促腐具有显著的意义。

参 考 文 献

- [1] 高祥照, 马文奇, 马常宝. 中国作物秸秆资源利用现状分析. 华中农业大学学报, 2002, 21(3): 242-247.
- [2] 董林根, 姜小娟, 方茂盛, 等. 雷竹覆盖栽培林地土壤微生物的初步研究. 浙江林学院学报, 1998, 15(3): 236-239.
- [3] Gamal RF. Effect of substrate pretreatment on microbial protein production. *Egypt J Microbiol*, 1985 (Spec. Issue): 81-89.
- [4] Chahal DS. Solid-state fermentation with *Trichoderma reesei* for cellulose production. *Appl Environ Microbiol*, 1985, 49(1): 205-210.
- [5] Beltrame PL, Carniti P, Visciglio A, et al. Fractionation and bioconversion of steam-exploded wheat straw. *Bioresour Technol*, 1992(39): 165-171.
- [6] Lynd LR, Paul JW, Vanzyl WH, et al. Microbial cellulose utilization: Fundamentals and biotechnology. *Microbiol-*

- ogy and Biology Reviews, 2002, **66**(3): 506–577.
- [7] Shiratori H, Ikeno H, Ayame S, *et al.* Isolation and characterization of a new *Clostridium* sp. that performs effective cellulosic waste digestion in a thermophilic methanogenic bioreactor. *Appl Environ Microbiol*, 2006, **72**(25): 3702–3709.
- [8] 陈洪章, 邱卫华. 秸秆发酵燃料乙醇关键问题及其进展. *化学进展*, 2007, **19**(7/8): 1116–1121.
- [9] 王伟东, 崔宗均, 王小芬, 等. 快速纤维素分解菌复合系 MC1 对秸秆的分解能力及稳定性. *环境科学*, 2005, **26**(5): 156–160.
- [10] 宋安东, 王磊, 王凤芹, 等. 微生物处理对秸秆结构的影响. *生物加工过程*, 2009, **7**(4): 72–76.
- [11] Hendrick CW, Doyle JD, Hugley B. A new solid medium for enumerating cellulose-utilizing bacteria in solid. *Appl Environ Microbiol*, 1995, **61**(5): 2016–2019.
- [12] 陈展. 秸秆堆肥中纤维素降解菌的筛选及组合. 中国农业大学硕士学位论文, 2005.
- [13] 曾呈奎, 齐祖同. 曲霉属及其相关有性型//中国真菌志. 第五卷. 北京: 科学出版社, 1997: 98–100.
- [14] Parenicova L, Skouboe P, Frisvad J, *et al.* Combined molecular and biochemical approach identifies *Aspergillus japonicus* and *Aspergillus aculeatus* as two species. *Appl Environ Microbiol*, 2001, **67**(2): 521–527.
- [15] Ghose TK. Measurement of cellulase activities. *Pure Appl Chem*, 1987, **59**(2): 257–268.
- [16] 刘东波, 张影, 陈珊, 等. 生孢噬纤维细菌的滤纸纤维素的降解过程研究. *微生物学报*, 2003, **43**(6): 776–780.
- [17] Kansoh AL, Essam SA, Zeinat AN. Biodegradation and utilization of bagasse with *Trichoderma reesei*. *Polymer Degradation and Stability*, 1999, **62**(2): 273–278.
- [18] Zhang YHP, Lynd LR. Toward an aggregated understanding of enzymatic hydrolysis of cellulose: noncomplexed cellulase systems. *Biotechnol Bioeng*, 2004, **88**(7): 797–824.
- [19] Zhang YHP, Lynd LR. Determination of the number-average degree of polymerization of cellodextrins and cellulose with application to enzymatic hydrolysis. *Bio-macromolecules*, 2005, **6**(3): 1510–1515.
- [20] Atif HA, Yasmeen MI. Induction, production, repression, and de-repression of exoglucanase synthesis in *Aspergillus niger*. *Bioresource Technology*, 2004, **94**(3): 311–319.
- [21] McCarthy JK, Uzelac A, Davis DF, *et al.* Improved catalytic efficiency and active site modification of 1, 4-beta-d-glucan glucohydrolase A from *Thermotoga neapolitana* by directed evolution. *J Biol Chem*, 2004, **279**(12): 11495–11502.
- [22] 刘长莉, 王小芬, 牛俊玲, 等. 一组纤维素分解菌复合系 NSC-7 的酶活表达特性. *微生物学通报*, 2008, **35**(5): 720–724.
- [23] 刘温滔, 淑霞龙, 传南, 等. 纤维素降解菌 L-06 的筛选、鉴定及其产酶条件的分析. *生物工程学报*, 2008, **24**(6): 1112–1116.

稿件书写规范

论文中计量单位的表示方法

为执行国务院发布的《关于在我国统一实行法定计量单位的命令》的规定, 计量单位和单位符号按国家技术监督局发布的《量和单位》GB3100-3102-93 执行。单位符号均用英文小写(正体), 不允许随便对单位符号进行修饰。现将本刊常用计量单位和符号介绍如下, 希望作者参照执行。

时间: 日用 d; 小时用 h; 分钟用 min; 秒用 s 等表示。

溶液浓度: 用 mol/L, 不用 M(克分子浓度)和 N(当量浓度)等非许用单位表示。

旋转速度: 用 r/min, 不用 rpm。

蒸汽压力: 用 Pa 或 kPa、MPa 表示。

光密度: 用 OD (斜体)表示。

生物大分子的分子量: 蛋白质用 D 或 kD, 核酸用 bp 或 kb 表示。

图表中数值的物理量和单位: 物理量符号采用斜体, 单位用正体并用括号括起, 例如: t (h) (表示时间, 单位是小时)。带数值的计量单位: 计量单位不能省略, 跟数字之间加一空格(°C 和%除外), 例如: 20 cm × 0.3 cm, 不能写成 20 × 0.3 cm; 3°C–5°C 不可写成 3–5°C; 3%–6%不可写成 3–6%等。