

环境净化中的微生物生态学^{*}

张 昱¹ 王振宇² 杨 敏^{1* *}

(1. 中国科学院生态环境研究中心 环境水质学国家重点实验室 北京 100085;

2. 河南师范大学生命科学学院 新乡 453007)

摘 要 以活性污泥法为代表的生物处理技术一直是人类解决废水问题的主要手段,而微生物在环境污染物分解中更是发挥了无法替代的作用。长期以来,阐明环境净化中的微生物生态学过程,探讨污染物降解转化中微生物的作用机制,是环境科学与工程领域关注的热点问题之一。近年来迅速发展起来的分子生物学技术为人们认识人工系统以及自然环境中微生物的群落结构、功能和微生物之间的相互作用,以及构筑更加高效的生物处理系统,强化污染环境的修复能力提供了有力手段。本文在介绍了常用分子生物学方法的基础上,阐述了在废水处理及污染物降解方面微生物生态学的研究进展。

关键词 分子生态学 生物处理 生物降解 生物修复

中图分类号: X172; X703 **文献标识码**: A **文章编号**: 1005-281X(2009)02/3-0566-06

Microbial Ecology in Environmental Purification

Zhang Yu¹ Wang Zhenyu² Yang Min^{1* *}

(1. State key Laboratory of Environmental Aquatic Chemistry, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China;

2. College of Life Sciences, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China)

Abstract Biological treatment technologies, especially activated sludge methods, have long been the main solution for wastewater treatment, and microbes have played a key role in the degradation of environmental pollutants. Elucidating microbial ecological processes and microbial functions during pollutants degradation in both artificial and natural biological systems have been the hot issues in environmental science and engineering field. The fast developing molecular biology techniques provide not only the powerful tools for probing microbial community structures, functions and microbial interactions in different systems, but also scientific bases for constructing efficient biological systems for the removal of environmental pollutants. This review summarizes the most often used molecular methods and the recent research results in environmental microbial ecology studies.

Key words molecular ecology; biotreatment; biodegradation; bioremediation

Contents

- | | |
|---|---|
| 1 Molecular biology techniques in microbial ecology | 1.3 Biochip and metagenome |
| 1.1 In-situ detection techniques based on nucleic acid probes | 2 Microbial ecological analysis in biological treatment systems |
| 1.2 Molecular methods based on PCR techniques | 2.1 Spatial distribution of bacteria in anaerobic granular sludge |
| | 2.2 Microbial ecological analysis of MBR nitrification |

收稿: 2008 年 11 月

*国家自然科学基金项目 (No. 50525824, 50621804) 和国家重点基础研究发展计划 (973) 项目 (No. 2003CB415006) 资助

* *通讯联系人 e-mail: yangmin@cees.ac.cn

system

2.3 Distribution of protozoa in different sewage treatment systems

3 Bioaugmentation systems for pollutant removal

4 Microbial and gene resource exploitation

5 Conclusion

自从 16 世纪末荷兰人詹森发明了显微镜,人们逐渐认识到微生物无处不在,并在环境净化以及物质(碳、氮、硫等)循环中发挥着巨大作用。活性污泥法等废水生物处理技术就是对这种环境自净能力的强化。

活性污泥法由英国的克拉克(Clark)和盖奇(Gage)于 1912 年发明^[1],经过近 100 年的研究与实践,已经成为各类废水处理的首选手段。在常规活性污泥法的基础上,人们又发展出具有生物除磷功能的厌氧-好氧法(AO),具有生物脱氮功能的缺氧-好氧法(AO),以及兼具生物脱氮除磷功能的厌氧-缺氧-好氧法(A₂O)等不同的生物处理工艺。同时,把废水处理的时空序列过程变为时间序列过程的序批式活性法(SBR),把鼓气充氧变为表面机械充氧方式的氧化沟法,利用颗粒污泥对高浓度有机废水进行高效厌氧处理并回收甲烷气体的上流式污泥床(UASB)等的出现,进一步丰富了废水处理工艺^[2]。事实上,这些生物处理系统本身就是一个特殊的微生物生态系统。长期以来,人们尝试了解这种微生物生态系统的结构、功能以及动态过程,然而传统的分离培养方法无法提供完整的微生物群落结构功能及其动态信息,生物处理系统基本上被当作一个黑箱子进行设计和运行。

微生物生态学是研究微生物在不同介质、不同系统中微生物的构成、行为、活性以及外界条件变化下动态过程的一门学科。作为一门交叉学科,微生物生态学对污染治理、环境净化、公共卫生等起着举足轻重的作用。环境净化中微生物生态学的研究对于改善和优化生物处理系统,提高微生物的污染物去除效率具有重要的意义。但是,长期以来,由于技术手段的限制,人们无论是对人工系统还是自然环境中的微生物生态过程了解得都不多。近年来迅速发展起来的分子生物学手段为人们认识人工系统以及自然环境中微生物的群落结构和功能,及微生物之间的相互作用和关系提供了有力手段,也为构筑更高效的生物处理系统、强化污染环境的修复能力奠定了科学基础。本文在介绍环境微生物生态学中常用分子生物学方法的基础上,阐述了微生物生态

学在环境领域的研究进展,并对今后的发展趋势进行了展望。

1 微生物生态学的研究方法

传统的微生物生态学研究主要依靠的是纯培养方法,但能够被纯培养的微生物在环境中的比例很少(0.1%—10%),而且研究任何一种或几种可以培养的微生物难以提供微生物生态系统的主要特征,这也正是 20 世纪 90 年代前微生物生态学难以取得突破性进展的重要原因。20 世纪 90 年代以后,分子生物学的飞速发展环境微生物研究提供了极大的便利。以核酸技术为主要内容的分子生物学技术的广泛应用,在揭示生物多样性的研究中提供了新的方法,利用非培养的、甚至原位的手段对环境微生物进行研究已经成为一种主要的研究手段^[3](表 1)。在基因水平评价种群多样性以及不同物种间的相互关系,可以更好地揭示生物与环境之间的相互作用机制,为污染环境的生物整治提供理论依据。

1.1 基于核酸探针的原位检测技术

以核酸分子杂交技术为核心,核糖体 RNA 基因为目标分子分析 DNA 序列及种群丰度变化。根据碱基互补配对的原则,被标记的核苷酸探针与目标 RNA 原位杂交,可直接用来探测环境样品中特定微生物的存在及数量。最为常用的方法是原位荧光杂交(FISH)法,可以对系统中一种或多种目标物进行半定量分析,在特定微生物的时空分布研究上可以发挥重要作用。

1.2 基于 PCR 技术的分析方法

PCR(polymerase chain reaction)是一种 DNA 序列的体外酶促合成反应,在体外模拟生物细胞内的 DNA 复制过程。扩增的 DNA 可被用于不同目的的基因分析或操作。直接、快速的 PCR 方法在环境样品的功能基因检出中也发挥着无可替代的作用。由于微生物核糖体 DNA 编码的序列信息具有种属特异性,所以微生物的核糖体 DNA 分子就常被作为微生物多样性研究的目标分子。

与 PCR 联用建立起的分子生物学方法主要有变性/温度梯度凝胶电泳法(D/TGGE)、随机扩增片段多态性(RAPD)、限制性片段长度多态性(RFLP)、单链构象多态性(SSCP)、核糖体 DNA 克隆等^[4],主要用于获知微生物的类群分类信息和多样性信息。其中,对 PCR 扩增产物进行 D/TGGE^[5]分析,可以直接观察样品的生物多样性。利用变性梯度可以对群落微生物的 16S rRNA(细菌)或 18S rRNA、26S rRNA(真菌)

表 1 在微生物生态研究中主要的分子生态学技术比较

Table 1 Comparison of molecular ecology techniques for microbial ecology research

method	target	purpose	advantage	disadvantage
D/TGGE	ribosomal DNA	comparison of spatial-temporal dynamics of microbial population of a large number of samples	rapid and relatively easy; permit structure information with gene sequencing	less reliably phylogenetic information
FISH	ribosomal DNA, functional gene	quasi-quantitative analysis of population richness	in-situ, fast, direct visualization; viable cell detection and quasi-quantitative	a priori rDNA sequence is necessary; experience required, not always be satisfactory for environmental samples
t-RFLP	ribosomal DNA	rapid molecular pattern of community structure and diversity	simple procedure; detection of dominant species	less confident of phylogenetic analysis
rDNA clone	ribosomal DNA	microbial ecological composition and phylogenetic tree	detection of uncultured strain; high precise taxonomic study and phylogenetic tree	time consuming and laborious, unsuitable for the large samples
gene chip	ribosomal DNA, functional gene	community diversity and catabolic gene expression	high sample throughput; structure and metabolism information	expensive equipment, difficult handling
metagenome	whole genome	metabolic diversity and gene resource of community	volume of information; structural analysis of community	time consuming and dedication; screen scheme is important
RT-PCR etc	ribosomal DNA, functional gene	quantitative detection of target gene	simple and fast, functional analysis of community	metabolic gene sequence is necessary, associate with other technique

的 DNA 片段混合物进行分离,表达样品的生物多样性,同时把代表不同微生物的凝胶条带切割下来,可以通过测序得到一定的遗传信息。该方法简单、快速,应用比较广泛,缺点是条带基因序列一般为 200—250bp,遗传信息不确定性较大。而对扩增产物用限制性内切酶进行切割并电泳,可用以揭示微生物的 RFLP 多样性。如果在引物的 5 端用荧光物质标记,所得到的 PCR 产物一端就带有这种荧光标记,经限制酶消化后进行 DNA 测序,获得特异性的分子图谱可快速评估群落结构^[6]。该方法也应用得比较多。克隆文库方法是将 PCR 扩增的环境微生物样品总 DNA 的 rRNA 片断(或其它标记基因)克隆并插入合适的载体,构建克隆文库以获得样品多样性信息。该方法相对来说获取的群落结构信息更为完整准确。

另一方面,针对目标基因可以进行定量和半定量分析,如实时 PCR (real-time PCR)^[7]、MPN-PCR (most probable number PCR)^[8]、竞争 PCR (competitive PCR)^[9] 等都可以用于比较不同环境中群落特定功能的强弱和动态变化。

需要指出的是上述各种方法各有利弊,在实际研究中常常把几种方法组合起来,从而能快速、有效地从复杂环境样品中监测、分析微生物群落与功能基因的多样性及其动态变化。分子生物学方法的发展和应用极大地丰富了微生物生态学的研究手段,为环境微生物生态学的发展奠定了重要基础。

1.3 生物芯片和宏基因组

近年来,高通量的 DNA 序列筛选推动了生物芯片技术的发展。通过微加工工艺在厘米见方的芯片上集成有成千上万个与生命相关的信息分子,一次可以对被检测对象进行多个指标如群落多样性和功能基因的检测。Zhou 等^[10]设计出生物芯片用于环境物质循环功能基因的研究,为揭示地球生物化学循环过程提供了有力的手段。

宏基因组 (metagenome) 由 Handelsman 等^[11] 1998 年提出,其定义为生境中全部微生物遗传物质的总和,主要指环境样品中的细菌和真菌的基因组总和,也就是把整个微生物群落作为一个生物体,可以对污染环境中微生物系统的多样性、功能和基因资源进行全面研究。例如:抗药基因是目前环境领域的一个研究热点,Riesenfeld 等^[12]的研究表明不可培养土壤细菌存在大量新的抗药基因。

需要指出的是,上述分子生物学研究手段的出现虽然极大地提升了微生物生态学的研究水平,但是微生物培养方法仍然是环境微生物生态研究不可或缺的重要手段^[13],其作用不可忽视。

2 生物处理系统的微生物生态解析

针对废水生物处理系统,目前主要从微生物群落结构、功能与工艺条件的相关性、特定功能微生物的空间分布等不同的角度开展研究。

2.1 厌氧颗粒污泥中微生物的空间分布

厌氧颗粒作为一个复杂而完整的微生态系统是厌氧反应器高效稳定运行的基础和关键。其中不同

类型的微生物群落之间形成了共生或互生关系,并根据不同的工艺条件和处理功能形成各种合理的空间分布,以利于细菌生长及不同细菌种群之间基质的传递。借助分子生物学技术对厌氧颗粒污泥中微生物群落结构和原位空间分布的研究,Zumstein 等^[14]发现,在功能稳定的颗粒污泥反应体系中依然有群落结构的变化,不同种属微生物在颗粒污泥功能表达中具有协同作用。Harada 等^[15]采用 FISH 和激光共聚焦显微技术揭示了用于工业废水处理的两种反应器中颗粒污泥微生物的空间组织结构和形态特征及原位的代谢功能,发现颗粒污泥呈现分层结构,外层主要是产酸细菌层,内层主要是产甲烷古细菌。这一结果表明不同的微生物在颗粒污泥中具有协同作用,构成一个完整的生物处理系统。

2.2 MBR 硝化系统微生物生态解析

在生物脱氮过程中,膜生物反应器(MBR)依靠膜的高效固液分离作用,为系统内保持足量硝化细菌提供了有利条件,被认为是解决传统工艺中硝化能力不足的重要手段。Yang 等^[16,17]利用呼吸醌、FISH 及 PCR-DGGE 等对 MBR 生物硝化过程进行了微生物生态解析,发现反应器内生物多样性随着运行时间的延长而增加。尽管反应器只提供了无机营养盐,仍有大量异养菌的存在,估计其生长是以胞外分泌产物和细胞裂解产物为基质。长期运行下 MBR 中异养菌与自养菌相互依存,硝化菌活性与数量出现显著下降,表明高浓度 MLSS 的运行方式并不能保证系统的高硝化活性,揭示了对 MBR 内微生物群落结构及代谢分泌产物进行调控的必要性。该研究表明,微生物生态学研究可以为反应器的优化运行提供有力支持。

2.3 不同处理工艺中原生动物的演替变化

在污水生物处理系统中,原生动物作为顶级生物控制着微生物生态过程,与细菌等其他微生物之间存在相互依存的生态关系,并发挥其独特的功能。Liu 等^[18]对我国北方 5 个污水处理厂 8 个处理系统进行原生动物考察,发现上述几个污水处理厂中原生动物的演替规律受到工艺类型、系统工况和原水成分等因素的显著影响。其中相同工艺类型的处理系统中群落结构相似,A2O 系统中群落结构的相似度明显高于 AO 系统,说明 A2O 工艺拥有更加稳定的生物群落结构。系统运行状况也显著影响原生动物群落结构,当污泥沉降性差时,游泳型及肉食性纤毛虫数量上升;伴随丝状菌的大量增殖,原生动物总量相应减少,其中肉食性纤毛虫呈线性减少,匍匐型

纤毛虫及有壳类肉足虫数量迅速上升,占据明显的优势地位;非丝状菌污泥膨胀则对原生动物总量及群落结构影响较小。这些结果表明认识原生动物的群落特征及其演变规律,掌握原生动物与污水处理系统之间的关联性,对于系统优化和改善运行管理具有重要意义。

3 用于特定污染物去除的生物强化系统

随着大量化学物质的制造和使用,化学物质对生态环境的危害引起了越来越多的关注。鉴于微生物的强大进化能力,长期以来,人们都在探索利用高效降解菌构筑生物强化系统来处理含特定污染物的废水。目前已经从环境中筛选得到了大量的高效降解微生物,许多污染物甚至包括多氯联苯(PCB)、二噁英(dioxin)等具有高度稳定性的有机污染物都能被一些微生物降解。有关生物强化技术的研究目前有大量的报道。例如,Lendvay 等^[19]通过在水体中加入含有 dehalococcoides 的接种物,使污染水体迅速建立起对 PCE 的完全脱氯能力。Silva 等^[20]在土壤中加入具有阿特拉津降解能力的 *pseudomonas* sp. strain ADP,配合适当的营养物,使污染土壤的阿特拉津降解潜力显著提高。但是至今为止,成功利用高效菌进行废水处理的工程案例还很少。其中,高效降解菌在废水处理系统长期运行中的稳定性是生物强化系统构建的关键和难点之一。另外,难降解化学物质结构复杂,其完全降解往往需要多个步骤的反应,单一菌往往只能完成降解的第一步或者前几步,而且效率较低。

采油废水是典型的行业污水,含有大量的烷烃和芳香烃类物质。常规的生物处理技术可以从采油废水中去除低分子量的烷烃和多环芳烃(PAHs),但对于高分子量 PAHs 无效^[21]。人们针对石油类污染物进行了大量的菌种筛选,目前已报道能够降解石油类物质的微生物多达 200 种。Pan 等^[22]发现异常毕赤酵母(*Pichia anomala*)可以对萘、菲、屈等 4 环以下 PAHs 进行直接降解,而对 5 环 PAH 苯并芘可以通过共代谢方式进行降解。Hesham 等^[23]从油田原油污染的土壤中分离得到了 5 株能对高分子量 PAHs 进行降解的酵母菌。

Wang 等利用 DGGE、FISH 和核糖体 DNA 克隆等方法对采油废水处理的生物富集体系进行考察表明,系统中多种同一污染物的降解菌共存,功能基因的研究表明具有不同降解途径的微生物间存在协同和增效作用,共同促进污染物的去除^[24]。同时,烃

类污染的环境中存在较高的酵母菌多样性,多种酵母菌的共同作用表现了较高的 PAHs 去除能力^[25]。而采油废水处理系统中还发现存在多样性很高的古细菌,例如较高比例的能够利用多种底物的产甲烷古菌和许多与数据库中的未培养古菌相似性程度低的古菌类群。细菌、真菌和古菌等多种微生物类群的共存表明污染环境中微生物群落结构十分复杂,提示在污染控制时应充分考虑不同微生物在污染物转化上形成的群落多样性和功能发挥的协同作用。因此,构筑一个复杂的生物体系,使不同微生物之间互相协作是建立有效生物强化体系的关键。

为了考察不同的生物处理系统对废水中高环 PAHs 的去除,文献[25]构建了 3 个反序批式生物反应器(SBR)用以处理添加了屈和苯并芘的含油废水生物处理水,3 个反应器分别接种不同的微生物:5 株高环 PAHs 降解酵母菌组成的菌群(Y 系统),活性污泥接种物(S 系统)以及 5 株高环 PAHs 降解酵母菌群和活性污泥的掺混体系(YS 系统)。结果表明,Y 系统和 YS 系统对屈和苯并芘的去除率高达 80%—98%,而 S 系统对这两种物质基本不起作用,说明高效酵母菌群在分子量 PAHs 的降解方面发挥了关键作用。扫描电镜分析、DGGE、FISH 的测定结果表明 Y 和 YS 系统中添加的 5 株酵母菌在运行过程中一直作为优势种存在。S 系统中有少量酵母,但它们不同于另外两系统中接种的 5 株菌。上述结果证明,投加复合酵母菌群对于去除废水中存在的高分子量 PAHs 非常有效,生物强化处理技术有望在难降解有机物的去除方面发挥作用。但是,在构建稳定高效的生物强化体系方面仍然存在很多科学问题需要回答。

4 微生物资源和基因资源的开发

许多污染物对于微生物来说都是一种胁迫因子,能够生存的微生物都是经长期的突变积累筛选出的具有特殊功能的类群,存在大量可挖掘和利用的具有抗逆性、高降解能力等优异基因的微生物资源,宏基因组是目前获得大量微生物和基因资源的有效手段。目前,很多氯代有机物、多氯联苯、萘、菲、蒽、芘、菊酯类等污染物的部分降解基因以及抗生素的抗药基因已被克隆,其序列结构和功能也已明确^[26,27]。这不仅可以用于掌握自然种群对环境的调整与适应的遗传信息,还可以从功能上阐明生物适应及生态学过程的分子机理。利用越来越强大的高通量分子生态学手段,在大尺度上获得物质转化

相关的微生物多样性和功能信息,对于微生物生态学的发展以及环境污染控制都有重要意义。

5 结束语

具有不同用途的各种分子生物学技术的迅速发展,为深入认识环境净化中微生物的作用和微生物生态过程提供了有力手段。阐明不同生物处理工艺中各种微生物(包括原生动物)群落间的协同作用和相互影响,将为生物处理工艺以及操作运行方式的选择、运行参数的优化提供科学依据。针对化学物质等污染物的去除,构筑包含高效菌群的复杂生物体系,使不同微生物之间互相协作是建立有效生物强化的关键。可以预见,环境微生物生态学研究在不远的将来会取得一系列突破性进展,并为污染控制提供重要的科学支持。

参 考 文 献

- [1] Cheremisinoff N P. *Biotechnology for Waste and Wastewater Treatment*. Westwood, NJ, USA: Noyes Publications, 1996. 18—25
- [2] 高廷耀(Gao T Y), 顾国维(Gu G W), 周 琪(Zhou Q). *水污染控制工程(Water Contamination Control Engineering)*. 北京: 高等教育出版社(Beijing: High Education Press), 2007. 121—147
- [3] Sanz J L, Köchling T. *Proc. Biochem.*, 2007, 42: 119—133
- [4] Dahlöf I. *Curr. Opin. Biotechnol.*, 2002, 13(3): 213—217
- [5] Muyzer G, Waal E C, Uitterlinden A G. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1993, 59(3): 695—700
- [6] Buckley D H, Schmidt T M. *Microbial. Ecol.*, 2001, 42: 11—21
- [7] Baldwin B R, Nakatsu C H, Nies L. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2003, 69: 3350—3358
- [8] Picard C, Ponsonnet C, Paget E, et al. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1992, 58(9): 2717—2722
- [9] Diviacco S, Norio P, Zentilin L, et al. *Gene*, 1992, 122: 313—320
- [10] He Z L, Gentry T J, Zou J Z, et al. *The ISME Journal*, 2007, 1: 67—77
- [11] Handelsman J M R, Rondon P R, August A D, et al. *Chem. Biol.*, 1999, 5: 245—249
- [12] Riesenfeld C S, Goodman R M, Handelsman J. *Environ. Microbiol.*, 2004, 6: 981—989
- [13] Gu X, Zhang Y, Zhang J, et al. *J. Environ. Sci.*, 2008: 1025—1027
- [14] Zumstein E, Moletta R, Godon J J. *Environ. Microbiol.*, 2000, 2: 69—78
- [15] Sekiguchi Y, Kamagata Y, Harada H, et al. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1999, 65(3): 1280—1288
- [16] Gao M C, Yang M, Li H Y, et al. *J. Biotechnol.*, 2004, 108: 265—269
- [17] Li H Y, Yang M, Zhang Y, et al. *J. Biotechnol.*, 2006, 123(1):

- 60—70
- [18] Liu J, Yang M, Qi R, et al. Wat. Res., 2008, 42(8/9): 1907—1918
- [19] Lendvay J M, Löffler F E, Dollhopf M, et al. Environ. Sci. Technol., 2003, 37: 1422—1431
- [20] Silva E, Fialho A M, Sá-Correia I, et al. Environ. Sci. Technol., 2004, 38: 632—637
- [21] Wang Z Y, Li J, Yang M, et al. Sci. Total Environ., 2007, 33: 356—362
- [22] Pan F, Yang Q X, Yang M, et al. Biotechnol. Lett., 2004, 26: 803—806
- [23] Hesham A L, Wang Z Y, Yang M, et al. Annals of Microbiol., 2006, 56(2): 109—112
- [24] Wang Z Y, Zhang J, Yang M, et al. Biotechnol. Lett., 2006(28): 617—621
- [25] Hesham A L, Khan S, Yang M, et al. Yeast, 2006, 23: 879—887
- [26] Sandra P. Story A, Kline A C, et al. Gene, 2000, 260(1/2): 155—169
- [27] West S E H, Romero M J M, Regassa L B, et al. Gene, 1995, 160(1): 81—86

《化学进展》近期目次预告

山高流水继世长——怀念侯祥麟院士(汪燮卿)

碳氢化合物的活化及氧化理论研究(胡兴邦 李浩然)

金属卟啉类超分子催化剂(杨再文 杨进 黄晓卷 唐宁 吴彪)

氨基酸分子构象稳定性与光电离解离动力学的氢键效应(田善喜)

超临界流体沉积技术在纳米复合材料制备中的应用(银建中 张宪阵 徐琴琴 张传杰 王爱琴)

Janus 粒子制备研究(陈云华 王朝阳 李煜 童真)

贵金属助剂对费-托合成用钴基催化剂的促进作用(张辉 储伟)

锂离子电池安全性添加剂(陈仕玉 王兆翔 赵海雷 陈立泉)

螺旋状碳纳米管(黄佳琦 张强 魏飞)

三价金配合物抗肿瘤活性研究(施鹏飞 姜琴)

多功能光致变色化合物的最新研究进展(李陵岚 刘辉 杨泽慧 何应 叶楚平)

催化氧化合成己二酸的清洁方法(任水英 解正峰 谢晓鹏 秦高飞 王吉德)

聚合物互通多孔材料的乳液模板法制备及其功能化研究(刘华蓉 胡欣 杨松 苗伟峰 李梓超 张伟)

单茂金属烯烃聚合催化剂(王伟 郑刚)

微流控芯片上的免疫分析(冷川 张晓清 鞠熷先)

液相微萃取研究与应用进展(王炎 张永梅)

大豆蛋白的中红外和近红外光谱研究(江艳 武培怡)

镁离子荧光探针(张灯青)

基于核酸适体的电化学生物传感器(雷丽红 傅迎春 徐霞红 谢青季 姚守拙)

核酸适体生物传感器(郑静 何品刚 方禹之)

荧光共轭聚合物在生物大分子检测中的应用(支俊格 徐秀玲 申进波 赵玮 佟斌 董宇平)

糖芯片合成中的固定化策略(甘甜甜 黄河 贾红英 侯信)

一维金属/半导体异质结纳米材料的制备及性能研究(冯秀梅 胡建强 谢静思 刘玉英 马玉洁)

介孔材料离子导电性的研究进展(李丽坤 魏小兰 章浩)

金属卟啉配合物与气体小分子(O_2 , CO_x , NO_x , H_2S)的仿生作用(张建斌 张鹏燕 陈国华 韩芳 魏雄辉)

壁虎的动态吸附与壁虎纳米材料仿生学(杨文伍 何天贤 邓文礼)

非均相催化烯烃交叉复分解反应(徐泽辉 顾超然 王佩琳)

土壤有机氯脱氯转化的界面交互反应(陶亮 周顺桂 李芳柏)