

科学研究动态监测快报

2018 年 12 月 31 日 第 12 期（总第 244 期）

生物科技专辑

中国科学院成都文献情报中心

中国科学院成都文献情报中心
邮编：610041

地址：四川省成都市一环路南二段 16 号
网址：<http://www.clas.ac.cn/>

目 录

重点关注

2018 年 iGEM 大赛单项奖获奖项目概述	1
-------------------------------	---

战略·规划

美能源部宣布 36 项早期生物能源研发计划项目	6
美军方开发转基因生物预警可疑潜艇	9

研究·开发

JGI 发布鉴定未培养病毒的指导方针和最佳方案	9
升级版 Drop-seq 扩大单细胞 RNA 检测范围	10
研究者发现 CRISPR-Cas9 编辑无效的机制	11
基因突变可视化新方法	11
计算机辅助设计工具推动合成生物学发展	12
谷歌算法解读酶活性	13
蛛丝蛋白柔韧性细节被解析	14
英国研究者揭秘莫匹罗星生物合成过程	15
研究者利用真菌生产抗真菌蛋白	15
用酵母高效生产零热量甜味剂	16
欧盟项目建成移动式的生物燃料生产装置	17

产业·市场

日本 Euglena 公司建成示范规模的藻类生物精炼设施	18
雀巢投资 14 亿欧元提高新加坡的生物燃料产能	18

2018 年 iGEM 大赛单项奖获奖项目概述

国际基因工程机器大赛（International Genetically Engineered Machine competition, iGEM）是合成生物学领域的国际顶级大学生科技赛事，也是涉及数学、计算机、统计学等领域交叉合作的跨学科竞赛。iGEM 由美国麻省理工学院于 2003 年创办，2005 年发展成为国际赛事，于每年 10 月在麻省理工学院进行最终角逐。iGEM 赛况和研究成果每年都受到《科学》、《自然》、《科学美国人》、《经济学人》等顶级学术杂志、英国广播公司这样的传统媒体的关注并进行专题报道，具有广泛的国际影响力。

2018 年 iGEM 大赛吸引了来自全球 40 余个国家的 343 支队伍参赛，参赛人员超过 5000 人，来自包括哈佛大学、麻省理工学院、斯坦福大学、牛津大学、苏黎世大学、威廉玛丽学院等在内的一批国际顶尖高校。中国地区有清华大学、北京大学、复旦大学、上海交通大学等 103 支代表队参赛。在本次 iGEM 大赛中，共有 114 支参赛队伍获得金奖，68 支参赛队伍获得银奖，107 支参赛队伍获得铜奖。其中中国的团队共斩获了金牌 36 项，银牌 29 项，铜牌 22 项。

为奖励参赛队伍研究创意的潜在应用创新，本次 iGEM 大赛共评选出 9 类单项奖，分别是最佳诊断类、环境类、基础进步类、治疗类、信息处理类、制造类、新应用类、食物与营养类和能源类项目奖，同时还设立了两个特殊单项奖，分别是开放类和软件类项目奖。

（1）最佳诊断类项目奖

挪威奥斯陆大学团队（研究生组）研制了一款方便的白念珠菌检测试剂盒——Canditect。利用葡聚糖酶催化水解真菌细胞壁上的葡聚糖（细菌和人类细胞无此结构，消除假阳性），加上机械力，溶解真菌细胞壁，释放 DNA。研究团队利用死亡的 Cas9 内切酶(dCas9)蛋白检测白念珠菌基因组的特定 DNA 序列。诱导常规 Cas9 的 RuvC 和 HNH 域的点突变，抑制内切酶活性，DNA 链不会断裂。设计与 C.白色念珠菌的特异性 20 个核苷酸互补的引导 RNA，使 dCas9 与 DNA 链结合。水解反应白色念珠菌的 β -lactamase 将产生一个简单的颜色读数，用肉眼在检测工具下可以观察到。（链接：http://2018.igem.org/Team:UiOslo_Norway/Description）

美国加州大学圣地亚哥分校团队（本科生组）开发了一种癌症检测的液体活检方案，比组织病理学评估更有效。为了提高特异性和敏感性同时降低成本，团队建立了一种算法，帮助识别癌症特异性标志物。研究团队将启动子甲基化作为

癌症筛查的关键指标。利用癌症基因组图谱(TCGA)的大量数据集,通过机器学习找到了肝癌的特异性标记物——甲基结合域(MBD)蛋白。结合合成生物学、材料科学和微流体技术,团队设计了一种诊断分析方法,这个被称为 Epinoma 的工作流程包括一个无监督机器学习的生物标志物发现工具,用于检测的工程蛋白,以及患者治疗结束后的数字健康平台。(链接: http://2018.igem.org/Team:UC_San_Diego/Description)

(2) 最佳环境类项目奖

磺胺甲恶唑(SMX)是波罗的海地区最普遍的抗生素之一,已经在废水流、污泥、地下水和地表水中检测到,并已被检测到进入海洋生物体内继而可能进入人类食物链。瑞典斯德哥尔摩大学团队(研究生组)开发了一种能够灭活 SMX 并降低其生态毒性的生物酶 Biotic Blue,基于真菌 *Trametes versicolor* 产生的多铜氧化酶——漆酶,可提供一种低生态毒性的产品的解决方案。该团队在磁珠上固定化酶,创造了一种可重复利用的创新技术,可以作为废水处理过程的一部分。团队还使用分子动力学、QM 和 QM/MM 模拟,详细描述了漆酶的反应机制,发现突变会增加酶对 SMX 的亲合力,加快降解速度。该团队通过合理的酶设计方法,最终创造了一种高效转化 SMX 的超级酶。(链接: http://2018.igem.org/Team:Stockholm/Project_Description)

台湾成功大学团队(本科生组)的参赛项目致力于通过合成生物学方法降低二氧化碳的浓度。他们将来自于蓝藻菌株长链球菌 PCC 7942 和长链球菌 PCC 7002 的三个基因片段 PRK、CA 和 Rubisco 插入大肠杆菌,建立了一种新的利用二氧化碳的代谢途径,颠覆了只有自养生物才能利用二氧化碳的固有认知。大肠杆菌会从培养基中摄取木糖,然后通过其自身的天然代谢途径将其转化成 Ru5P,在 PRK 的催化作用下磷酸化为 RuBP, RuBP 被羧化成两个 3-PGA 分子后再转化为丙酮酸。团队还设计了一个生物反应器装置和实时监测内部情况的 APP。(链接: http://2018.igem.org/Team:NCKU_Tainan/Description#Of_CO2urser)

(3) 最佳基础进步类奖

Vibrio natriegens 作为世界上生长最快的细菌,有很大潜力成为下一个普遍适用的底盘生物,挑战大肠杆菌的统治地位。德国马尔堡菲利普大学团队(研究生组)通过为研究群体提供专门针对克隆、蛋白表达和相互作用的开放源代码菌株,他们还进行了微生物基础研究,建立了克隆和分子生物学研究的程序和规程。传统的克隆方法受限于其刚性和从多个片段组装结构所花费的时间。近年来,基于 IIs 型限制性内切酶的克隆方法已经解决了这些问题。与 *V. natriegens* 相结合产生的协同效应将产生世界上最快的克隆平台——马尔堡采集平台(Marburg Collection)。(链接: <http://2018.igem.org/Team:Marburg/Description>)

中国海洋大学团队（本科生组）聚焦于转录后调控过程。借用 CRISPR 家族中的核糖核酸内切酶 Csy4 酶（Cas6f）创造名为 miniToe family 的新型工具包。拥有 miniToe 调控系统的基因回路在正常情况下不会开启基因表达。而加入 Csy4 酶后，下游基因表达将会被开启。该团队通过数学模型，设计了四种 Csy4 酶变体和五种 miniToe 模块变体从而形成不同的组合。通过筛选，最终确定十组不同表达强度的组合。miniToe family 可以应用于真正的分子机理研究中，实现不同表达强度的基因调控水平。（链接：<http://2018.igem.org/Team:OUC-China/Description>）

（4）最佳治疗类项目奖

荷兰莱顿大学团队（研究生组）获奖的研究项目是构建新型抗生素筛选平台。队员们创建了两个版本的细菌压力响应系统。第一个系统利用肉眼可见的色素蛋白标记物来可视化细胞应激情况，该系统可与细菌覆盖层结合使用，细菌覆盖层是一种用于识别抗菌药物的生物技术。传统的覆盖层筛选只能识别对菌落产生致命浓度的抗生素，而该色素蛋白系统能够在更低的浓度下识别潜在抗生素。此外，还提供了候选化合物的作用机理。第二个系统通过荧光标记的细胞系来可视化细胞应激。通过对每个应激激活启动子使用不同的荧光标记，可以在一个测试中筛选出多个不同的细胞应激。（链接：<http://2018.igem.org/Team:Leiden/Description>）

英国牛津大学团队（本科生组）开发了一种益生菌大肠杆菌菌株，可作为一种新型的自我调节剂治疗炎性肠病（IBD）。其核心设计包括无依赖性 IL-10 分泌系统、膜锚定核苷水解酶、核糖开关核酶 sRNA（Riboswitch-ribozyme-sRNA）结构和诱导杀伤开关。由于调节白细胞介素蛋白的大小和对细菌细胞膜的不渗透性，该团队分别使用腺苷和一氧化氮作为 Treg 和 Th-17 功能的代谢标志物。该项目的目标是通过分泌白细胞介素 10 (IL-10)——一种刺激细胞分化为 T-reg 细胞的信号蛋白——使免疫系统回到健康水平。IL-10 的表达受到内源性大肠杆菌 SoxR 转录因子的刺激，被自由基和氧化应激激活，而腺嘌呤抑制 IL-10 表达是因为与 sRNA 合成相关的腺嘌呤转录核糖体开关会选择性抑制 IL-10 mRNA 的翻译。工程菌分泌的 IL-10 的局部作用使该治疗方法最适合于胃肠类自身免疫性疾病（例如 IBD）。单一刺激可能导致假阳性和过度抑制。结合一个负反馈回路信号高 Treg 群体避免了对免疫系统的过度抑制。最终设计的方案整合了两个信号，以提高系统在平衡 Treg 和 Th-17 细胞数量的特异性和准确性。（链接：http://2018.igem.org/Team:Oxford/Our_solution）

（5）最佳信息处理类项目奖

东北林业大学团队设计的“酵母信息安全传输”项目旨在以合成生物学手段确保信息安全。队员们将英文字母与酵母菌的基因序列转换，并设置多层混淆

信息，只有通过正确方式进行生物学解码，才能获得他们处理提前写入的信息——“我们来自中国哈尔滨东北林业大学”。为了保证生物安全性和设置可控的信息有效期，携带信息的酵母菌通过数学建模人为控制凋亡，存活十几个小时至几天的时间，实现“定时销毁”。（链接：http://2018.igem.org/Team:NEFU_China/Description）

（6）最佳制造类项目奖

噬菌体疗法已有 100 年的历史，由于缺乏符合国际质量和安全标准的通用生产程序，其实施使用受到严重阻碍。德国慕尼黑大学团队（研究生组）创建了噬菌体无细胞分子组装线 Phactory，展示了包括 T7、MS2 和 3S 在内的几种噬菌体在临床相关浓度下的表达。Phactory 利用无细胞系统的开放性，使噬菌体与工程蛋白的模块化组合成为可能，同时保持 GMO-free（不含有转基因成分）。该团队开发了一种利用最先进的生物信息学以及净化和封装协议的质量控制结构。为了在降低成本的同时扩大生产品种，该团队对大肠杆菌细胞提取物进行了优化和工程设计。与传统的生产工艺相比，Phactory 产量的 2.5% 的就可以满足正常治疗需求，而且不涉及任何特殊的生物安全法规。（链接：<http://2018.igem.org/Team:Munich/Description>）

深圳大学团队（本科生组）的参赛项目为利用绿僵菌构建新型生物灭蟑系统。绿僵菌（*Metarhizium anisopliae*）一般只在昆虫中引起疾病，但其致死率并不高。该团队构建了一个增强其毒性的系统，在绿僵菌 DNA 中添加了 HsbA、BbChit 和 MCL1 三个基因，在侵染蟑螂过程中依次发挥作用，分别促进粘附、渗透和免疫反应。然后设计了一个叫做 GreenGround 的陷阱盒，将孢子、香蕉粉和油混合在一起，形成乳化粉，置于无纺布上。这个系统还包含一个安全机制，由色氨酸抑制剂和 MazF 毒液蛋白组成。在培养环境和蟑螂环境中，色氨酸抑制剂阻止 MazF 翻译毒液蛋白，真菌才能存活。如果真菌脱离上述环境，色氨酸抑制剂将不起作用，而 MazF 表达毒液蛋白使它们快速死亡。（链接：<http://2018.igem.org/Team:SZU-China>）

（7）最佳新应用类项目奖

荷兰代尔夫特理工大学团队（研究生组）开发了一种基因兴奋剂检测方法：性能增强的高级检测（the Advanced Detection of Performance Enhancement, ADOPE）。ADOPE 基于靶向下一代测序（targeted Next Generation Sequencing, NGS），通过创建用于测序所需的快速文库制备的创新融合蛋白（BBa_K2643000）减少了 NGS 产生的数据量，有效识别基因掺杂 DNA。该融合蛋白由裂解缺陷核酶特异性 dxCas9 和 Tn5 转座酶组成。携带单导 RNA（sgRNA）的 dxCas9 部分通过 sgRNA 与靶 DNA 的互补匹配与特定靶 DNA 序列相互作用。而 Tn5 部分将

整合纳米孔测序所需的两个小 DNA 分子（适配器）。因此，该融合蛋白能够执行 dxCas9 引导的接头连接，用于靶向测序文库制备，有效识别血液样本中的基因掺杂。（链接：<http://2018.igem.org/Team:TUDeft/Description>）

西班牙瓦伦西亚理工大学团队（本科生组）设计了一个生物工程设备 *Printeria*，它可以改造细菌以获得所需的表型，该设备中包含的整个克隆过程像家庭打印机一样方便。该设备包含了一个直观的软件，帮助我们设计一个新的转录单元和控制装配反应的实验条件。它将向我们展示以前所有的作业和预先设计的配方，如果需要，它还将在使用 python 建模脚本打印之前模拟实验。其他的硬件负责进行组装，分为三个不同的部分：输入区、PCB 区和输出区。生物科研工作者可以利用 *Printeria*，创造自己的基因结构并将其插入细菌中，消除对实验室和专业人员的依赖。另一个应用场景是教育，可以更方便地解释的复杂的理论过程，使这门科学更具吸引力。而 *Printeria* 的自动化潜力将成为合成生物学实验室必不可少的仪器。（链接：http://2018.igem.org/Team:Valencia_UPV/Description）

（8）最佳食物和营养类项目奖

加拿大阿尔伯塔大学团队发现卟啉能够灭活 *N. ceranae* 角藻的孢子，特别是卟啉 PP(Asp)₂——一种由原卟啉 IX(PPIX)合成的含有天冬氨酸部分的衍生物，可以破坏真菌孢子的细胞壁。当蜜蜂的饮食中添加卟啉类物质时，其中肠孢子数量显著减少，对蜜蜂没有不良影响。PPIX 是大肠杆菌内源性血红素生物合成途径中的中间体，研究团队还构建了工程细胞利用血红素生物合成途径过度生产 PPIX。（链接：<http://2018.igem.org/Team:UAlberta/Description>）

（9）最佳开放类项目奖

中国科技大学的参赛团队设计了一个基于大肠杆菌的控制系统，将光和声音作为输入，最终产生颜色和气味作为输出。这个过程主要分为三部分：声到光，光到色，光到味。基于噬菌体 RNAP 系统作为资源分配器的 RGB 系统实现了光到颜色和光到气味的转换。在声到光的转换方面，该团队还开发了一款软件，可以让用户上传自己的音乐，生成自己独特的动态图片，可以用它给自己的玫瑰上色和“赋予灵魂”。（链接：<http://2018.igem.org/Team:UCAS-China/Description>）

（10）最佳软件类项目奖

电子科技大学团队设计了一个生物积木数据库——BioMaster，它是一个基于 iGEM Registry 的集成生物积木数据库，致力于为合成生物学家提供最好的生物积木检索体验。团队整合了 Uniprot、EPD、GO 等 8 个传统生物研究数据库，补充了 iGEM 生物积木的功能、部位、相互作用和参考信息，并将部分信息可视化，节省了合成生物学家检索所需的额外时间。同时，BioMaster 提供了四种更智能的检索方法，帮助合成生物学家更准确地检索生物积木。此外，该团队还提

供了算法预测的生物积木作为参考。（链接：<http://2018.igem.org/Team:UESTC-Software/Description>）

（11）最佳能源类项目奖

电子科技大学的另一个团队致力于用合成生物学的方法生产清洁能源。他们发现“秸秆”是世界上最大的潜在碳储备库，但由于其复杂的结构，目前的处理方式不仅消耗巨大，还易产生污染问题。团队选取 Xyn10D-Fae1A 基因对秸秆实现环保高效的预处理，继而用纤维素酶将纤维素降解成葡萄糖，并利用异源导入的基因和大肠杆菌自身的基因将葡萄糖一步一步转化为人类所需的清洁能源。攻克众多难题后，团队最终获得了能够降解秸秆生成丁醇和氢气的超级大肠杆菌。（链接：<http://2018.igem.org/Team:UESTC-China/Description>）

吴晓燕 编译整理

原文链接：<http://2018.igem.org/Competition/Results>

战略·规划

美能源部宣布 36 项早期生物能源研发计划项目

近日，美国能源部（DOE）正式宣布 2018 年度获得早期生物能源研究与开发计划资助的 36 个项目名单，总金额为 8000 万美元，该计划是能源部在 5 月公布招标信息的。这些项目将致力于研发自非食品生物质和废物原料的具有成本竞争力的混合可再生碳氢燃料等生物基产品。该项目也是 DOE 为达成 2022 年将基于生物质混合燃料成本降低到 3 美元/加仑的目标，为消费者提供负担得起的、可靠的运输能源选择而采取的重要举措。

表 1 2018 年早期生物能源研发计划获资助项目名单

责任机构	项目名称	经费/美元
用于产品制造的生物能源工程		
主题领域 1: ChemCatBio 工业伙伴关系		
南佛罗里达大学	增加沼气转化为高附加值燃料和化学品的能力	1,836,459
主题领域 2: 快速生物制造产业合作伙伴计划		
Lygos 有限公司	通过机器学习和多组学数据集加速工程微生物优化	2,000,000
ZymoChem	用于微生物生产生物聚合物的工业宿主的芽孢杆菌研发	1,321,381
加州大学圣地亚哥分校	利用合成生物学和机器学习将藻类纤维素糖转化为优质聚氨酯泡沫	2,000,000

<u>主题领域 3：性能优异的生物基产品</u>		
爱荷华州立大学	利用生物特许分子鉴定性能优异的生物基化学品	2,500,000
加州大学伯克利分校	设计和开发作为闭环生物制品的新型 vitrimers 塑料	1,997,861
佐治亚理工学院	纤维素-甲壳素复合材料在阻隔包装生物制品中的应用	1,015,501
Arzeda 公司	郁金香内酯 A (MBL) 的发酵生产：可显著改善聚甲基丙烯酸甲酯 (pMMA) 性能的新一代可持续单体	1,997,854
<u>主题领域 4：来自有机湿废物的生物燃料和生物基产品</u>		
Visolis 公司	利用废弃生物质生产化学品和燃料的综合生物炼油厂	1,999,333
Xylome 公司	生物柴油和废渣纤维高附加值产品	1,040,426
北卡州立大学	催化浓缩废物流中碳水化合物制烃	2,475,807
<u>主题领域 5：重新布局碳利用</u>		
蒙大拿州立大学	利用微结构材料将 CO ₂ 转化为甲酸的可扩展的、鲁棒的电催化技术的发展	1,483,983
LanzaTech 公司	电化学生成 C1 中间体生产生物基产品	1,500,000
约翰霍普金斯大学	集成化学催化和生物转化的碳中间体用于从二氧化碳中提取增值产品	951,367
<u>主题领域 6：木质素价值化利用</u>		
克莱姆森大学	木质素分馏和价值化：兼顾价值和质量	1,795,216
Spero Energy 公司	选择性工艺高效脱除木质素及改性	1,613,457
<u>藻类系统中碳的有效利用</u>		
<u>主题领域 1：二氧化碳 (CO₂) 利用改进</u>		
科罗拉多州立大学	利用创新的 CO ₂ 转移膜和改良的菌种技术整合工业资源和商业藻类养殖场	2,145,600
亚利桑那州立大学	多管齐下地改善生物理化系统以提高蓝藻碳利用率	2,500,000
Global Algae Innovations 公司	利用烟道气培养藻类提高 CO ₂ 利用效率	2,500,000
亚利桑那州立大学	膜法碳酸化用于 100% 高效输送工业 CO ₂ 气体	1,992,766
杜克大学	通过损失最小化和碳酸盐化学改性提高海洋藻类生物燃料生产系统的碳利用效率	1,511,515
<u>主题领域 2：直接空气捕集系统</u>		
MicroBio Engineering 公司	用于藻类生产的空气碳-AirCAP	2,260,880

佐治亚理工学院	直接捕集 CO ₂ 并输送到光生物反应器用于藻类生物燃料生产	1,983,452
先进生物燃料与生物能源工艺开发		
<u>主题领域 1: 添加式可再生航空燃料混合原料</u>		
Technology Holding LLC	生物质转化为可再生航空燃料的新方法	2,500,000
华盛顿州立大学	混合加氢处理酯和脂肪酸-加氢解聚纤维素 (HEFA-HDCJ) 工艺生产航空燃料混合原料	2,762,484
应用研究协会	生物燃料等值转化法从棕色油脂中加入可再生航空燃料	2,360,703
气体技术研究所	利用沼气生产航空燃料	2,986,033
<u>主题领域 2: 嵌入式可再生柴油混合燃料</u>		
三角研究园	生物质原油的生产与可再生柴油的升级	2,553,924
LanzaTech 公司	超低硫低温柴油	2,500,000
West Biofuels Development 公司	农用和木质生物质利用生物油中间体生产柴油	2,200,000
<u>主题领域 3: 生物质、生物固体和城市固体废物转化为能源</u>		
Mosaic Materials	基于 MOF 材料的固体吸附剂用于沼气生产可再生天然气 (RNG) 的高效工艺	1,419,686
伊利诺伊大学香槟分校	湿废物中的生物可再生能源的最大利用	1,585,115
伍斯特理工学院	城市固体废物组分转化成能源的催化过程	1,995,199
可负担和可持续的能源作物		
伊利诺伊大学香槟分校	用于新兴生物经济的下一代原料	5,000,000
德州农工农业生命研究中心	美国东南部的可持续草本能源作物生产	4,999,539
北卡罗来纳州立大学	美国东南部生物燃料和生物产品混合性能评估及增强, 以及可持续饲料生产和供应	4,627,161

郑颖 编译自 <https://www.energy.gov/eere/bioenergy/bioenergy-technologies-office-fiscal-year-2018-funding-opportunity-announcement>
原文标题: bioenergy-technologies-office-fiscal-year-2018-funding-opportunity-announcement.

美军方开发转基因生物预警可疑潜艇

美国军方正在制定一项名为“生物绊网（living tripwires）”的项目，旨在通过培育经过遗传修改的转基因生物来寻找敌人的潜艇，从而向海军指挥官提供早期预警。该项目是美国军方“推进军事环境合成生物学科科技优先事项应用研究计划”中多个项目的其中一个。

海军研究实验室（Naval Research Laboratory, NRL）正在利用微生物舍弃电子的能力来改造微生物以感知从柴油燃料到隐形潜水员的人类 DNA 等在内的多种信号。一旦此类微生物与触发材料接触就会丢失电子，在该地区巡逻的无人机就会检测到这一变化。研究人员表示证实这项技术的可行性大概需要一年的时间，届时他们可以设计出具有不同军事功能的多种工程化的海洋微生物。

丁陈君 编译自 <https://www.dailymail.co.uk/sciencetech/article-6455871/US-Military-reveal-plans-breed-new-GM-life-forms-act-living-tripwires.html>
原文标题：US Military reveals plan to breed 'living tripwire' GM life forms to warn of enemy submarines

研究·开发

JGI 发布鉴定未培养病毒的指导方针和最佳方案

地球上存在着大量的微生物。病毒是每个微生物生态系统的重要组成部分。虽然许多病毒仍然不为人所知，但基因组测序和分析技术的进步已经使研究人员能够从元基因组和元转录组数据集中识别出 75 万多个未培养病毒基因组。美国能源部联合基因组研究所（US Department of Energy's Joint Genome Institute, JGI）的研究人员建立和维护的病毒序列数据库 IMG/VR 中，可用的病毒多样性在一年之内增加了两倍。

随着未培养的病毒的新基因组序列越来越多，JGI 研究人员领导制定了定义病毒数据质量的指导方针和最佳方案，于 2018 年 12 月 17 日发表在《自然-生物技术》上。参与者包括病毒学专家、基因组标准联盟（Genomic Standards Consortium, GSC）的代表、国际病毒分类委员会（International Committee on Taxonomy of Viruses）成员等。

这篇论文不仅提供了病毒基因组标准，还概述了对这些数据可以进行何种类型的分析，以帮助研究人员描述新病毒的特征。培养病毒已经有了自己的数据质量标准，但这些标准不能直接应用于未培养病毒，因为未培养病毒的序列往往是不完整的，一些特性只能通过计算方法间接预测。研究者概述了未培养病毒基因组的最低信息量，包括病毒基因组的来源、鉴定方法和数据质量。JGI 之前已经

开发了用于报告最小元数据的标准，最小元数据包括提交给公共数据库的单个放大基因组 (single amplified genomes, SAGs) 和元基因组组装基因组 (metagenome-assembled genomes, MAGs)。

研究团队提出了三种基因组质量分类。“基因组片段”是由单个或多个片段组成的，预测完整性小于 90%，或者没有估计的基因组大小，并且被最小程度地注释。“高质量的草案基因组”代表 90% 或更多完整的基因组序列被预测。“完成的基因组”包括由没有间隙的单个连续序列组成的完整基因组和广泛的注释。

期刊也开始支持 GSC 的“关于任何未知序列的最低信息量 (Minimum Information about any (X) Sequence, MIxS)”指南的应用，该指南是未培养病毒基因组标准和其他类似团体努力的保护伞。GSC 通过将记录上传到生物样本数据库中，跟踪过去 10 年这些标准的采用情况，这些记录反映了收集、测序和注释的个体样本。目前有近 45 万份生物样本记录参考了 MIxS 指南。

吴晓燕 编译自 <https://phys.org/news/2018-12-international-consortium-guidelines-characterizing-uncultivated.html>
原文链接: <https://www.nature.com/articles/nbt.4306>
原文标题: Minimum Information about an Uncultivated Virus Genome (MIUViG) Nature Biotechnology (2018)

升级版 Drop-seq 扩大单细胞 RNA 检测范围

液滴微流体技术革新了单细胞 RNA 测序。2015 年，哈佛大学和麻省理工学院的研究人员推出了 Drop-seq，为单细胞基因组学提供了一种低成本、高通量的方法。该方法使用纳米级的液滴，在每个细胞的 RNA 上附加一个唯一的标识符，因此能够同时有效识别数千个细胞。然而，该技术只能识别特定类型的信使 RNA (mRNA) 分子，限制了潜在的分析范围。2018 年 12 月 17 日《自然-方法》报道，美国科内尔大学的研究人员改进了现有的 Drop-seq，并命名为“DART-seq (droplet-assisted RNA targeting by single-cell sequencing)”，进一步推动了单细胞基因组学的发展，也为研究感染和免疫生物学提供了新的途径。

Drop-seq 依赖于单个细胞与条形码引物珠的共包封，这些引物珠可以捕获细胞 mRNA 启动的逆转录。引物珠里包含常规 PCR 序列、特异性细胞条码、唯一分子标识符和一个用于 mRNA 逆转录启动的 poly(dT) 序列。为了能够同时检测 DART-seq 中的转录组和多路复用 RNA 扩增子，研究者设计了一种方案，通过酶将自定义引物连接到引物珠上的 poly(dTs) 子集中，因此各种不同序列的自定义引物可以连接到相同的珠子上，这使得回收和分析的 mRNA 分子种类比 Drop-seq 测序要多得多。

该技术还可以用于识别病毒感染细胞，量化病毒和宿主基因的表达，从而在

单细胞水平上检测宿主对感染的反应。DART-seq 也将有助于研究开发癌症治疗的新方法。

吴晓燕 编译自 <https://phys.org/news/2018-12-elegantsingle-cell-rna-sequencing.html>

原文链接: <https://www.nature.com/articles/s41592-018-0259-9>

原文标题: Simultaneous multiplexed amplicon sequencing and transcriptome profiling in single cells

研究者发现 CRISPR-Cas9 编辑无效的机制

CRISPR-Cas9 的发现使基因编辑变得非常容易,然而这个分子工具并不如预想的那么精确,它还可能导致细胞 DNA 发生不必要的突变。荷兰代尔夫特理工大学的研究人员发现了在 CRISPR-Cas9 使用不当时导致此类突变的机制,根据他们的发现创建了一份清单,使用这份清单将防止有害机制被激活,使 CRISPR-Cas9 进行基因编辑更安全。该研究发表在 2018 年 12 月 5 日的 *Nucleic Acids Research* 上。

与许多生物体一样,人类细胞含有每个染色体的两个拷贝(父本母本各一个),两者几乎相同,但在一些基因中存在细微差异。当 CRISPR-Cas9 用于靶向人类等杂合生物中的单个染色体时,自然修复机制就会被激活,这种机制就是使用染色体的另一个拷贝作为修复其 DNA 的模板。

通常,使用 CRISPR-Cas9 的基因编辑专家可以通过引入新的 DNA 序列来改变细胞的部分基因组。Cas 蛋白在一个目标位点切开 DNA,之后细胞有望使用新的遗传物质修复其 DNA,因此引入新基因。然而,当修复机制使用另一条拷贝作为模板而不是新引入的 DNA 串时,编辑将不会成功。由于使用另一条拷贝的修复效率更高,因此较少使用预期的 DNA 片段进行修复。更糟糕的是,可能会发生杂合性的丧失,这会导致严重的健康后果。休眠的疾病基因可能会表达,例如可能致癌的基因。

这种机制是研究者在探索酿酒酵母的驯化过程时偶然发现的。研究者试图针对酵母中的一条染色体去除某种基因以确定其功能。研究者无法证实成功移除了该基因,而且发现这些细胞表现不正常。进一步的实验证明酵母细胞使用目标染色体的另一个拷贝作为模板来修复他试图去除的 DNA。

吴晓燕 编译自: <https://phys.org/news/2018-12-mechanism-disrupting-crispr-cas9-gene.html>

原文链接: <https://academic.oup.com/nar/advance-article/doi/10.1093/nar/gky1216/5230954>

原文标题: Allele-specific genome editing using CRISPR-Cas9 is associated with loss of heterozygosity in diploid yeast

基因突变可视化新方法

美国纽约大学和斯坦福大学的研究者开发了一种方法,首次显示了单个细胞

的基因扩增和基因缺失。该研究发表在 2018 年 12 月的 *PLoS Biology* 上。该研究方法在这些罕见突发事件发生后立即检测到它们，并且跟踪它们的发展轨迹。这一突破性进展，使人们能够及早地发现罕见的遗传事件，对进化的速度进行高效分析。该研究为观察病原体和人类癌症的突变提供一种新的方法。

拷贝数变异（Copy number variants, CNVs）是遗传变异和适应性进化的普遍来源。然而，CNV 在进化种群中的动态和多样性还不清楚。进化和疾病都与 DNA 突变有关，而现在的技术很难识别细胞群中的突变事件。

纽约大学的研究者在实验室进行了进化实验，将细胞置于压力环境中，研究 CNV 形成的分子过程以及产生、选择和维持 CNV 的动力学因素。该研究利用酿酒酵母和荧光基因来监测单个细胞中的基因扩增和基因缺失。研究者发现，在不同的选择条件下，进化的种群中存在着数千种新的 CNVs。绝大多数突变在人群中并不常见，但少数突变最终幸运地存活下来。

这项研究表明，CNVs 是微生物种群适应性进化的主要驱动力。而 CNVs 又是病原体耐药和癌症肿瘤形成的基础，这一进展为引起疾病的进化过程研究提供了新的途径。

吴晓燕 编译自 <https://phys.org/news/2018-12-scientists-method-visualize-genetic-mutt.html>

原文标题：Scientists develop method to visualize a genetic mutation

计算机辅助设计工具推动合成生物学发展

人类以电子电路为模型设计的由遗传组分组合而成的遗传电路，通过其相互作用产生一种或多种蛋白质或 RNA 分子。这些电路可以对细胞进行编程，尤其是细菌和酵母，以执行特定的操作，例如激活某个酶或对毒素等给定的刺激有所响应。合成生物学家以这种方式使用单细胞生物来生产药物，包括细胞或抗体的生物传感器，工业酶等等。《自然》发文描述了目前合成生物学的计算机辅助设计工具的发展概况。

电子工程师使用自动的计算机辅助设计（CAD）工具设计电路。相比之下，基因工程师只有依靠人工设计生物电路，这是一个费力的、迭代的和容易出错的过程。借助计算机的遗传设计工具正在改变这种状况，这些工具使得研究人员设计复杂遗传电路的过程自动化。

据波士顿大学设计自动化研究实验室跨学科整合负责人 Douglas Densmore 称，这些工具推动了遗传电路设计的根本转变。他解释说，此前的遗传电路设计主要是一个定制的过程。因此，设计很难分享、改进和扩大规模。目前，合成生物学软件的开发不太稳定，一些软件可能会突然停止使用。在单细胞生物领域的研究人员可使用一些开源或免费提供的工具，包括 Cello、j5 和另一种名为

iBioSim 的工具。研究人员可以使用这些工具将电路编织成全基因组或设计数千种突变体来检测基因、酶或蛋白质结构域的不同组合。

Cello 由上文中提到的 Densmore 和麻省理工学院的合成生物学家 Christopher Voigt 两个实验室联合开发。研究人员可以指导 Cello 软件设计符合特定规格的遗传电路，而无需告诉软件如何实际构建遗传电路。用户使用一种与描述硅电路相同的计算机语言 Verilog 给予软件指令。例如用户可以要求 Cello 设计一种在感知到两种特定抗体的存在时产生蛋白的遗传电路。然后，软件将确定必须将哪些组件放在一起以实现这一点，并输出物理构建它所需的核酸序列。Cello 还能预测其设计的电路性能如何。

Cello 开发的最初版本仅限于大肠杆菌，目前研究人员正在扩展该工具以使其适用于酵母。研究人员也在使用 Cello 开发具有记忆功能的电路，根据其感知目标的顺序从而以不同的方式发挥作用。

与 Cello 不同，包括 iBioSim、j5 和 GenoCAD 在内的其他自动化工具都无法对遗传电路的性能或其是否正确进行预测，都需要用户知道并输入有关电路结构的信息。

商业化的 GenoCAD 具有开源版本，提供了定义 DNA 序列中哪些功能部分可以组合在一起的规则。DNA 序列与编程语言具有相同的语言复杂性，将序列视为编程代码，可以将该软件作为更广泛的遗传设计工具和服务的基础。从这些规则中，软件可以将电路设计转化为 DNA 的物理序列，并由此构建电路。

j5 由美国能源部的联合生物能源研究所（Joint BioEnergy Institute, JBEI）创建，并已授权位于美国旧金山的 TeselaGen 生物技术公司。j5 允许用户通过将遗传控制元素拖放到画布上来设计遗传回路。用户可以选择他们可能想要在特定位置测试的多个组件，例如，确定哪个组合产生最强大的输出。也可以输入一些特定的规则，例如不要把 A 部分和 B 部分放在一起，但 C 部分必须在 D 部分之后等，随后 j5 会列举所有不同的组合。非营利性大学和研究所的研究人员可以通过免费的 TeselaGen 账户使用该软件。

虽然合成生物学家使用遗传电路设计工具的人数正在慢慢增多，但目前学术界对于支付软件费用仍有疑虑，因为还没有人进行过成本效益分析来确定花费数万美元购买软件或是让研究生花费大量时间创建电路哪个方式更具优势。

丁陈君 编译自 <https://www.nature.com/articles/d41586-018-07662-w>
原文标题：The automatic-design tools that are changing synthetic biology

谷歌算法解读酶活性

2018 年 12 月 10 日《美国科学院院刊》报道，耶鲁大学研究者采用了一种

新的方法来解开酶的复杂结构和调控机制——谷歌搜索。研究者利用谷歌算法 PageRank 识别了调节大多数微生物必需的细菌酶的关键氨基酸。

酶可以加速生命必需的化学反应，这些化学反应通常发生在酶的活性位点，但反应的加速必须由酶的不同部分协同调节，其中底物结合位置称为变构位点。几十年的研究仍未弄清楚底物是如何从变构位点转移到活性位点的，主要困难在于涉及的原子数量多且酶结构的灵活性大。

研究者发现计算机科学领域类似问题早在几年前就已解决。谷歌研究人员研究互联网的信息流，使用 PageRank 来表示每个网页在链接到其他网站的数量和质量方面的重要性。酶的问题也类似于遥远地点之间的信息交换，通过发现每个原子的信息如何随着变构激活剂变化而与酶结合，就有可能找到被激活的信息通道。研究人员在大多数微生物的细菌酶——咪唑甘油磷酸酯合酶（imidazole glycerol phosphate synthase, IGPS）中发现了重要的氨基酸。这项研究为与 IGPS 活性相关的其他实验铺平了道路，有助于开发新的抗生素、杀虫剂和除草剂。

这项研究令人兴奋的是，数据科学方法开始渗透到理论化学领域，与最先进的分子动力学模拟和核磁共振方法相结合，为理解催化分子系统提供了新的工具。

吴晓燕编译自 <https://www.sciencedaily.com/releases/2018/12/181211113008.htm>

原文链接: <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1810452115>

原文标题: Eigenvector centrality for characterization of protein allosteric pathways.

蛛丝蛋白柔韧性细节被解析

蜘蛛丝作为一种优质的生物材料，质量轻盈、细小却强韧、同时又是生物降解材料，在航空、纺织和医药行业都有很好的应用前景。材料科学家长期以来一直试图在实验室中制造这种纤维。如今，制造具有与原型相似性能的人造蛛丝已经成为可能，但是负责材料性能的分子结构细节还未公开。2018 年 11 月 14 日《自然-通讯》报道，德国维尔茨堡大学的研究者关于蜘蛛丝韧性分子机制的新研究，有助于推动人造蜘蛛丝的发展。

蛛丝纤维由自组装蛋白质构建模块（即 spidroins）在纺丝腺内组装而成。spidroin 两端由 N 端和 C 端终止。C 端结构域高度保守，通过类似分子钳的相互缠绕的结构连接两条螺旋体多肽链。该研究关注育儿网蛛 *Euprosthenops australis* 的蛋白质构建块。他们利用基因工程来替换构建块的每个部分，并用荧光染料对蛋白质进行化学修饰。最后，光与可溶性蛋白质的相互作用揭示了该结构域的组装分为两个独立的步骤。第一步包括两条肽链末端的结合，第二步涉及结构域周边那些不稳定螺旋的折叠。这种自组装过程以前是未知的，可能有助于蜘蛛丝的可扩展性。众所周知，蛛丝的拉伸与螺旋的展开有关。然而，先前的工作将可扩展性归功于 spidroins 中央段螺旋的展开。此次研究证明 C 端域也有助于扩展性。

该研究对在分子水平上理解蜘蛛丝的结构、装配和机械性能做出贡献，有助于材料科学家在实验室里复制天然蜘蛛丝。目前，改性和合成的 spidroins 正被用于人造蛛丝的研究，材料科学家可以通过 C 端结构域来调节纤维的力学性能。

吴晓燕编译自 <https://www.sciencedaily.com/releases/2018/12/181207112741.htm>

原文链接: <https://www.nature.com/articles/s41467-018-07227-5>

原文标题: Two-step self-assembly of a spider silk molecular clamp.

英国研究者揭秘莫匹罗星生物合成过程

2018 年 11 月 26 日《自然-催化》报道，英国布里斯托尔大学研究者揭示了一种全球使用的抗生素（莫匹罗星）的生物合成中关键环形成的秘密。该研究有望促进抗生素的生产，改善其性能，开发新的生物催化剂。

莫匹罗星是一种抗生素，广泛用于皮肤细菌性感染（如脓疱病）的局部治疗。目前该产品必须依赖于荧光假单胞菌（*Pseudomonas fluorescens*）进行生物合成，该微生物发展出复杂的化学方法无法模拟的生物合成过程，生产组装抗生素活性必需的四取代六元环分子。如今，布里斯托尔大学的研究者首次揭示了一种酶促级联反应，可以从复杂的线性起始材料中选择性地生产这种 6 元环。MupW 酶负责进行具有化学挑战性的转化，生成一种没有抗生素活性的 5 元环（中间体），然后第二种酶 MupZ 将其转化为 6 元环。

这项工作是核磁共振（NMR）光谱学在化学和生物化学研究中的重要例子。通过使用由 BrisSynBio 资助的 700 MHz 核磁共振波谱仪，能够识别通路中的关键中间体，并为合成生物学提供了新的机遇，而这在没有尖端仪器灵敏度的情况下是无法实现的。

使用现有的合成方法难以实现这种反应级联（可以说是不可能），该团队正在研究利用这些生物催化剂，制备更稳定的莫匹罗星类似物。

吴晓燕 编译自 <https://phys.org/news/2018-11-natural-antibiotic-synthesis.html>

原文链接: <https://www.nature.com/articles/s41929-018-0183-5>

原文标题: A Rieske oxygenase/epoxide hydrolase-catalysed reaction cascade creates oxygen heterocycles in mupirocin biosynthesis

研究者利用真菌生产抗真菌蛋白

西班牙研究理事会（Spanish Research Council，CSIC）、农业基因组学研究中心（Centre for Research in Agricultural Genomics，CRAG）和植物分子和细胞生物研究所（the Institute for Plant Molecular and Cellular Biology，IBMCP）等研究机构的研究人员合作，开发了一种生物技术工具，能以非常有效的方式在植物中生产抗真菌蛋白质，广泛适用于农业食品和制药行业。该研究于 2018 年 12 月

发表在 *Plant Biotechnology Journal*。

感染动植物和人类的致病性真菌对人类和动物健康、食品安全和生态系统恢复力构成严重威胁。每年死于真菌感染的人比死于疟疾的人还多，真菌对粮食安全也构成重大挑战。目前可用的抗真菌药物只有少数几种，而且还面临着耐药性、宿主毒性和不良副作用等问题。因此，迫切需要开发新型抗真菌药物，改进其性质和作用机制。

此次，研究者旨在开发优质的抗真菌蛋白，通过基因工程对烟草花叶病毒进行修饰，使其产生的不是自身的致病蛋白，而是其他所需的蛋白。研究小组利用这个工具在烟草的叶片中生产抗真菌蛋白，结果产生了大量抗真菌蛋白，从叶片中提取出来的提取物对病原真菌仍然具有活性，能够保护番茄植株免受真菌灰霉病的感染。这种植物可以作为抗真菌蛋白质的细胞工厂用于抗真菌蛋白的商业化生产。

吴晓燕 编译自 <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13038>

原文标题: Efficient production of antifungal proteins in plants using a new transient expression vector derived from tobacco mosaic virus

用酵母高效生产零热量甜味剂

低热量或无热量的甜味剂一直被视为爱吃甜食又想保持身材的吃货们的救星。甜菊糖苷(*Stevia*)就是这样一种零卡路里的甜味剂，它是从植物甜叶菊(*Stevia Rebaudia*)的叶子中提取出来的一种糖苷。甜叶菊原产于巴拉圭和巴西，现在中国、新加坡、马来西亚等国家也有种植。2018年11月26日的《ACS-合成生物学》描述了一种利用酵母制备大量甜菊糖苷的方法，这种方法可以去除植物中间物，从而获得更好的口感。

甜叶菊通过一系列酶将葡萄糖转化为葡萄糖苷分子，这种分子不含卡路里，但甜度为蔗糖的250~450倍。这种植物能产生多种葡萄糖苷(甜菊苷及甜菊A苷、B苷、C苷、D苷和E苷)，甜菊A苷带有明显的苦味及一定程度的涩味和薄荷醇味，是最接近砂糖的天然甜味剂，但浓度高时会有异味感。为了制造出性能更优的甜味剂，并实现大量生产，加拿大康考迪亚大学的研究者将糖苷制造的工作从植物中转移到了酵母中，这样他们可以更容易地调整酶的配方，优化甜菊糖的生产。研究人员创建了一个平台，测试各种酶的组合，以期在酵母中产生产量最高的甜菊糖分子。他们首先从甜叶菊植物中提取酶，也使用了芥菜科植物中一些相关酶，最终提高了产量。研究者表示，该研究结果预示着新一代无热量甜味剂商业化生产的第一步。

吴晓燕 编译自 <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acssynbio.8b00470>

原文标题: A Combinatorial Approach To Study Cytochrome P450 Enzymes for De Novo Production of Steviol Glucosides in Baker's Yeast

欧盟项目建成移动式生物燃料生产装置

德国弗劳恩霍夫协会的微电子电路和系统技术研究所（Institute for Microengineering and Microsystems, IMM）的研究者与来自欧盟 BIOGO 项目七个国家的 12 个研究小组合作，开发出了一种生产生态友好型生物燃料的技术。这种新型燃料的原料是森林木材废料和树皮，因此不会引起粮食安全问题。使用木材废料是气候中性的，将其转化为燃料燃烧只会释放出树木生长过程中从大气中提取的二氧化碳，没有产生额外的温室气体。而且，燃料可以从任何地方的木材废料中产生，不需要像原油那样先从源头运到炼油厂再运到加油站。BIOGO 概念的一个重要组成部分是分散生产，研究者开发了移动生产单元放在容器中，并方便地安装在需要的地方。研究者介绍其开发的工厂可以放进 40 英尺标准集装箱（12 x 3 x 3 米），可以容纳所有的程序和处理步骤。

意大利 Spike Renewables 公司开发了第一个阶段加工过程，木材废料被加热，形成一种深色、粘性的热解油。为了在移动式工厂中进一步加工，弗劳恩霍夫研究所（Fraunhofer Institute）的研究人员开发了一种称为微反应器的反应室。第一个反应器通过加热、空气和蒸汽将热解油转化为合成气，第二步生产甲醇，再提取氧气，得到合成汽油。研究面临的主要挑战是优化过程，使最终得到的燃料在化学成分上与标准汽油基本相同。到目前为止，生产加速该化学反应的催化剂需要大量的贵金属和稀土元素。Teer Coatings 公司的研究者开发了一种方法，将微小的催化活性物质团形成高性能纳米催化剂，以节约资源。最后一步是将整个技术集成到一个能够满足所有安全和防火要求的容器中。弗劳恩霍夫研究所的研究者与奥地利合作伙伴 Microinnova 提供了工程技术。EcoTrainer@ container 技术由德国赢创公司开发。原型机被设计用来容纳更大的反应堆。

在未来几年，BIOGO 团队计划进一步优化该工厂，目标是每天生产多达 1000 升的生态燃料。该燃料是否能够完全取代汽油还得看政治环境。只要石油价格保持在目前的水平，新技术就无法与之竞争。关键问题是，欧洲人是否真的想放弃化石原料，是否准备免除生态燃料的税收或补贴它们的生产。研究团队也希望将分散和灵活的容器用于其他应用，例如化工和石化行业对小型工厂的概念表现出了极大的兴趣。化学公司可以利用容器使他们的工艺更加灵活，更快地对客户的需求作出反应。

吴晓燕 编译自 <https://phys.org/news/2018-11-crude-oil-alternative-fuels-biofuel.html>
原文标题：Replacing crude oil with alternative fuels: Biofuel from a container

日本 Euglena 公司建成示范规模的藻类生物精炼设施

总部位于日本的生物技术公司 Euglena 在横滨完成了其示范规模的生物精炼厂的建设，该工厂用于从藻类和废油中生产可再生喷气燃料和生物柴油。

该工厂将使用由 Chevron Lummus Global / ARA 公司许可的生物燃料标准转化工艺（Biofuels ISOCONVERSION process），其产能可达每天 5 桶，计划初始产量为每年 125 千升（786 桶）。Euglena 在航空方面与 ANA 合作，预计其可再生航空燃料将在明年春天前获得 ASTM 认证。Euglena 还与五十铃汽车（Isuzu Motors）公司合作，测试其可再生柴油在公路上的使用情况。

Euglena 投资了 60 亿日元（约 5300 万美元）用于开发这个横滨示范炼油厂，计划建造商业规模的炼油厂，到 2030 年共计生产 100 万公升的生物燃料。

吴晓燕 编译自 <https://www.greencarcongress.com/2018/11/20181102-euglena.html>
原文标题：Euglena completes demo-scale algae biorefinery for renewable jet and diesel

雀巢投资 14 亿欧元提高新加坡的生物燃料产能

芬兰生物燃料生产商和炼油商雀巢公司日前表示，将投资 14 亿欧元（约 16 亿美元）在新加坡建厂，提高其生物燃料生产能力。此次投资将把雀巢公司的可再生能源生产能力从目前的 270 万吨提高到 2022 年的 450 万吨。该公司的目标是在 2022 年上半年启动新的全球一流的生产线，这一决定是基于全球市场对运输和城市、航空、聚合物和化学领域对低碳解决方案的不断增长的需求。雀巢公司目前主要在新加坡和鹿特丹生产生物燃料，在芬兰也有两个传统的炼油厂。

投资后，雀巢整个生产系统可以有更多的选择，除了生产可再生柴油，也可以生产可再生航空燃料以及各种聚合物和化学品原材料。这笔投资还将用于增加后勤能力和加强原料预处理，即使使用质量较差的废料和残渣原料，利用其独有的 NEXBTL 技术，也可以生产高质量终端产品。在新加坡的新生产线投产之前，雀巢将继续努力解决现有生产中的瓶颈，希望到 2020 年将现有产能提高到 300 万吨。

吴晓燕 编译自 https://www.greencarcongress.com/2018/12/20181213-neste.html?utm_source=feedburner&utm_medium=feed&utm_campaign=Feed%3A+greencarcongress%2FTrBK+%28Green+Car+Congress%29

原文标题：Neste investing €1.4B to boost capacity for renewable drop-in fuels and products production in Singapore

《科学研究动态监测快报》

《科学研究动态监测快报》（以下简称《监测快报》）是由中国科学院文献情报中心、中国科学院成都文献情报中心、中国科学院武汉文献情报中心以及中国科学院兰州文献情报中心和中国科学院上海生命科学信息中心分别编辑的主要科学创新研究领域的科学前沿研究进展动态监测报道类信息快报。按照“统筹规划、系统布局、分工负责、整体集成、长期积累、深度分析、协同服务、支撑决策”的发展思路，《监测快报》的不同专门学科领域专辑，分别聚焦特定的专门科学创新研究领域，介绍特定专门科学创新研究领域的前沿研究进展动态。《监测快报》的内容主要聚焦于报道各相应专门科学研究领域的科学前沿研究进展、科学研究热点方向、科学研究重大发现与突破等，以及相应专门科学领域的国际科技战略与规划、科技计划与预算、重大研发布局、重要科技政策与管理等方面的最新进展与发展动态。《监测快报》的重点服务对象，一是相应专门科学创新研究领域的科学家；二是相应专门科学创新研究领域的主要学科战略研究专家；三是关注相关科学创新研究领域前沿进展动态的科研管理与决策者。

《监测快报》主要有以下专门性科学领域专辑，分别为由中国科学院成都文献情报中心编辑的《信息科技专辑》、《生物科技专辑》；由中科院武汉文献情报中心编辑的《先进能源科技专辑》、《先进制造与新材料科技专辑》、《生物安全专辑》；由中国科学院兰州文献情报中心编辑的《资源环境科学专辑》、《地球科学专辑》、《气候变化科学专辑》等。

《监测快报》是内部资料，不公开出版发行；除了其所报道的专题分析报告代表相应署名作者的观点外，其所刊载报道的中文翻译信息并不代表译者及其所在单位的观点。

版权及合理使用声明

《科学研究动态监测快报》(以下简称《监测快报》)是由中国科学院文献情报中心、中国科学院成都文献情报中心、中国科学院武汉文献情报中心以及中国科学院兰州文献情报中心和中国科学院上海生命科学信息中心按照主要科学研究领域分工编辑的科学研究进展动态监测报道类信息快报。

《监测快报》遵守国家知识产权法的规定,保护知识产权,保障著作权人的合法权益,并要求参阅人员及研究人员遵守中国版权法的有关规定,严禁将《监测快报》用于任何商业或其他营利性用途。读者在个人学习、研究目的中使用信息报道稿件,应注明版权信息和信息来源。未经编辑单位允许,有关单位和用户不能以任何方式全辑转载、链接或发布相关科学领域专辑《监测快报》内容。有关用户单位要链接、整期发布或转载相关学科领域专辑《监测快报》内容,应向具体编辑单位发送正式的需求函,说明其用途,征得同意,并与具体编辑单位签订服务协议。

欢迎对《科学研究动态监测快报》提出意见与建议。

生物科技专辑:

编辑出版:中国科学院成都文献情报中心

联系地址:四川省成都市一环路南二段 16 号(610041)

联系人:陈 方 丁陈君 郑颖 吴晓燕

电 话:(028) 85235075

电子邮件:chenf@clas.ac.cn; dingcj@clas.ac.cn; zhengy@clas.ac.cn; wuxy@clas.ac.cn;