

## 产高温纤维素酶木霉菌株的筛选、 鉴定及酶学性质研究\*

杨捷<sup>1,2</sup> 叶秀云<sup>1,2</sup> 严芬<sup>1</sup> 高珍娜<sup>1</sup> 李仁宽<sup>1,2</sup> 吕文静<sup>1</sup> 林娟<sup>1,2\*\*</sup>

(1 福州大学生物科学与工程学院 福州 350108 2 酶高效表达国家工程实验室 福州 350002)

**摘要** 从稻草堆肥中筛选得到一株产高温纤维素酶的霉菌 M1, 通过形态学观察和分子生物学鉴定, 确定其为木霉属(*Trichoderma*)。在稻草液体发酵培养基中, 木霉 M1 的 CMC 酶(carboxymethyl cellulase, CMCase)合成模式为同步合成型。酶学性质研究表明, 此 CMC 酶的最适反应 pH 为 4.4, 在 pH 4.0~6.0 保温 4h 仍可保持 95% 以上的酶活力; 其最适反应温度为 75℃, 在 50℃ 下保温 4h, 可保持 87% 的酶活力; 60℃ 下保温 4h, 可保持 65% 的酶活力, 具有较好的热稳定性。

**关键词** 木霉 CMC 酶 高温 筛选 鉴定 酶学性质

**中图分类号** Q55

纤维素是地球上最丰富的可再生生物质资源。用化学方法降解天然纤维素不仅条件要求苛刻, 而且容易造成环境污染。如果能有效地利用生物转化技术将纤维素转化为简单的糖类, 再转化成燃料、食物和化学制品等, 不仅可以变废为宝, 而且对缓解全球能源危机、环境污染、食品和饲料资源紧张等都有着重要的意义<sup>[1]</sup>。

近几十年来, 随着纤维素降解生物的不断发现, 纤维素酶在纤维素绿色降解方面的重要性和应用前景也逐渐显现出来。纤维素酶是一种高活性的生物催化剂, 是降解纤维素生成葡萄糖的一组酶的总称, 广泛存在于细菌、真菌、放线菌及昆虫、软体动物、原生动物等生物种群中。纤维素酶复合酶系由三类不同催化反应功能的酶组成: 内切葡聚糖苷酶(endo-1, 4-β-D-glucanase, EC 3.2.1.4)、外切葡聚糖苷酶(exo-1, 4-β-D-glucanase, EC 3.2.1.19)和 β-葡萄糖苷酶(β-1, 4-glucosidase, EC 3.2.1.21)。其中, 内切葡聚糖苷酶因为可水解羧甲基纤维素(carboxymethylcellulose, CMC)又被称为 CMC 酶(carboxymethyl cellulase, CMCase)<sup>[2]</sup>。

目前, 研究得较多的纤维素酶生产微生物有木霉、曲霉和青霉等, 其中木霉来源的纤维素酶的产业化最为广泛。但由于纤维素酶存在的酶活低、成本高等问题, 限制了其应用。另外, 纤维素酶在具体的使用过程中, 需耐受一定的高温条件, 因此产高温纤维素酶菌株的选育就显得尤为重要<sup>[2]</sup>。研究人员已从自然界中筛选得到一些能产生高温纤维素酶的微生物<sup>[3-9]</sup>, 包括细菌、放线菌和真菌。另外, 利用定点突变和定向进化等蛋白质工程技术来获得更高催化活性、更高温度和(或)pH 耐受性的纤维素酶已成为研究热点和趋势<sup>[2,10]</sup>。

本课题从稻草堆肥中筛选获得了一株产高温纤维素酶的木霉野生型菌株 M1, 研究了其纤维素酶的合成模式及其内切葡聚糖酶的酶学性质, 不仅为进一步研究和改造该菌株打下了基础, 并有望为高温纤维素酶的工业化生产及应用提供优良菌株。

### 1 材料与方法

#### 1.1 材料

1.1.1 培养基 纤维素培养基(g/L): (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 2.0, K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 1.0, MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O 0.5, NaCl 1.0, CMC 12.0, pH 6.0, 121℃ 灭菌 20min。固体培养基添加 2% 琼脂。

纤维素刚果红培养基(g/L): K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.5, MgSO<sub>4</sub>

收稿日期: 2012-02-01 修回日期: 2012-03-15

\* 福建省科技厅项目(2010J05073)、福建省高校创新团队培育计划资助项目

\*\*通讯作者, 电子信箱: ljuan@fzu.edu.cn

0.25,CMC 1.88,刚果红 0.2,明胶 2.0,琼脂 20,pH 6.0。  
PDA 培养基:马铃薯 200g,去皮,切成块煮沸 30min,然后用纱布过滤,加蔗糖 20g,溶化后补水至 1 000ml,自然 pH。固体培养基加入琼脂 20g。

稻草发酵培养基(g/L):稻草(30~120目)40,(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 3.5,蛋白胨 2.0,NaCl 2.0,KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 4.0,MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O 0.5,甘油 2.0,pH 5.5。

1.1.2 试剂 所用药品均为分析纯,分子生物学试剂购自 TaKaRa 公司,引物合成和测序由上海生工生物工程技术服务有限公司进行。

1.2 菌种筛选及鉴定

1.2.1 菌株筛选 菌株来自稻草堆肥,采用纤维素培养基平板,37℃培养 72h 进行初筛,挑选生长旺盛的单菌落进一步分离纯化。将纯化的菌种接种于纤维素刚果红培养基上,37℃培养 72h 后测量透明圈(H)及菌落(C)直径<sup>[11]</sup>。对于放线菌,选择二者比值(HC)大于 3 的菌株接种于液体纤维素培养基中发酵 5d 后测定 CMC 酶活;对霉菌则选择 HC 值大于 1.5 的菌株进行复筛。

1.2.2 形态学观察 将菌株 M1 的孢子悬液点种在 PDA 平板上,同时采用插片法将无菌盖玻片扦插到 PDA 平板中,在 30℃下培养 3d,观察菌落特征。依据《真菌鉴定手册》<sup>[12]</sup>进行初步鉴定。

1.2.3 分子生物学鉴定 采用通用型基因组 DNA 提取试剂盒从菌株 M1 的菌丝体中制备其基因组 DNA。以提取的基因组 DNA 为模板,用引物 18S1(5'-CCAACCTGGTTGATCTGCCAGTA-3')和 18S2(5'-CCTTGTTACGACTTCACCTTCCTCT-3')<sup>[13]</sup>扩增其 18S rDNA 序列。

取 5μl PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后,由上海生工生物工程技术服务有限公司进行测序。将测序所得的序列输入 GenBank 用 Blast 程序进行序列同源性比较分析。从 GenBank 数据库中下载菌株 M1 的相关种属菌株(*Trichoderma*、*Hypocrea*、*Nectria*、*Cordyceps*、*Paecilomyces*、*Hypomyces*、*Penicillium*、*Aspergillus* 和 *Taphrina* 9 个属的部分菌株)的 18S rDNA 序列进行系统发育树的构建,以 *Cycloposthium bipalmatum* 为外类群(表 1)。将序列通过 Clustal X1.8<sup>[14]</sup>进行序列对位排列后,使用 Mega 3.1<sup>[15]</sup>软件以 Neighbor-Joining 计算方式生成系统发育进化树(距离计算采用 Jukes-Cantor 模式),系统树各分支的置信度经重抽样法(Bootstrap)1 000 次重复检测。

表 1 基于 18S rDNA 序列构建菌株 M1 系统发育树的相关菌株及序列登录号

Table 1 Accession numbers of the 18S rDNA sequences used in phylogenetic analysis of strain M1

菌株	登录号
<i>Trichoderma</i> sp. CSN-18	EU678669
<i>Hypocrea pseudokoningii</i> strain SMF2	FJ605099
<i>Trichoderma</i> sp. XST1	FJ026619
<i>Trichoderma pseudokoningii</i> strain S-38	AF548101
<i>Hypocrea jecorina</i> strain RutC-30	AF548103
<i>Hypocrea lutea</i> strain; IFO 9061	D14407
<i>Trichoderma harzianum</i> strain ALI 232	AF548100
<i>Hypocrea koningii</i> strain JH	EU722404
<i>Taphrina deformans</i>	X69852
<i>Trichoderma viride</i>	AF525230
<i>Hypocrea rufa</i>	AJ301991
<i>Hypomyces chrysospermus</i>	M89993
<i>Paecilomyces niphedodes</i> strain CBS 364.76	AY526471
<i>Nectria lugdunensis</i> strain CS-950	AY357278
<i>Cordyceps crassispora</i>	AB067697
<i>Penicillium namyslowskii</i>	D88319
<i>Aspergillus terreus</i> strain W0707	DQ489561
<i>Cycloposthium bipalmatum</i>	AB530165

1.3 菌株 M1 发酵产酶特性研究

1.3.1 种子培养及发酵 挑取两环经 PDA 平板活化的木霉 M1,接种于装有 100ml PDA 液体培养基的 250ml 三角瓶中,于 37℃、150r/min 振荡培养 24h,得到种子液。在装有 100ml 稻草发酵培养液的 250ml 三角瓶中接入 5ml 种子液,置于 37℃、120r/min 下培养。

1.3.2 菌株 M1 生长和产酶曲线 在发酵过程中(12d),每隔 24h 取样一次,分别测定发酵液中的菌丝量和 CMC 酶活。

菌丝量的测定:用中速定性滤纸过滤,并用蒸馏水充分洗涤滤出物,收集滤出物(菌丝),置于 75℃干燥箱中烘干至恒重。取 0.25g 干燥后的培养物,适当研磨,提取菌丝中的核酸<sup>[16]</sup>,在 260nm 处测定提取液的 OD 值,对照纯菌体菌丝干重与核酸紫外吸收关系,换算成菌丝量。未经发酵的固态基质采用同样的方法处理作为空白对照。

CMC 酶活的测定:将发酵液 7 000r/min 离心 10min,吸取上清液适当稀释,作为粗酶液备用。吸取 0.5ml 粗酶液稀释液于具塞比色管中,加入 1.5ml 含 1% CMC 的柠檬酸缓冲液(0.1mol/L),于 50℃水浴反应 30min,立即加 4ml DNS 振荡灭活,比色法测定还原糖含量<sup>[17]</sup>。以灭活的酶液作为空白。每毫升酶液每分钟

水解底物生成  $1\mu\text{mol}$  葡萄糖的能力定义为 1 个酶活力单位(IU)。

#### 1.4 菌株 M1 的 CMC 酶学性质研究

1.4.1 pH 对 CMC 酶活力的影响 CMC 酶最适反应 pH 的测定:将粗酶液分别与 pH 3.0、3.4、4.0、4.4、4.8、5.6、6.0、6.5、7.0、7.5、8.0 的 CMC 底物在  $50^\circ\text{C}$  下反应 30min,测定 CMC 酶活力。

CMC 酶的 pH 稳定性试验:以  $0.1\text{mol/L}$  柠檬酸缓冲液或  $0.1\text{mol/L}$   $\text{Na}_2\text{HPO}_4\text{-NaOH}$  缓冲液调节粗酶液的 pH 分别为 3.0、4.0、5.0、6.0、7.0、8.0、9.0、10.0,在  $50^\circ\text{C}$  下保温 4h 后在最适反应 pH 下与底物混合, $50^\circ\text{C}$  反应 30min,测定酶活力,以未处理的粗酶液酶活力为对照,计算各 pH 下 CMC 酶的残余酶活百分比。

1.4.2 温度对 CMC 酶活力的影响 CMC 酶最适反应温度的测定:将粗酶液与底物分别在  $30^\circ\text{C}$ 、 $35^\circ\text{C}$ 、 $40^\circ\text{C}$ 、 $45^\circ\text{C}$ 、 $50^\circ\text{C}$ 、 $55^\circ\text{C}$ 、 $60^\circ\text{C}$ 、 $65^\circ\text{C}$ 、 $70^\circ\text{C}$ 、 $75^\circ\text{C}$ 、 $80^\circ\text{C}$  下反应 30min,测定 CMC 酶活力。

CMC 酶的温度稳定性试验:将粗酶液分别置于  $30^\circ\text{C}$ 、 $40^\circ\text{C}$ 、 $50^\circ\text{C}$ 、 $60^\circ\text{C}$ 、 $70^\circ\text{C}$ 、 $80^\circ\text{C}$  的水浴中保温,每隔 1h 取样一次,酶液取出后立刻用冰水冷却,与 CMC 底物在最适反应温度下反应 30min,测定酶活力,以未处理的粗酶液酶活力为对照,计算各温度下 CMC 酶的残余酶活百分比。

## 2 结果

### 2.1 产纤维素酶菌株的筛选

通过纤维素刚果红平板初筛、液体纤维素培养基复筛,从稻草堆肥中共筛选得到 7 株 CMC 酶活大于  $0.20\text{IU/ml}$  的菌株,其中包括 5 株放线菌和 2 株霉菌(表 2)。将所得 CMC 酶活最高的霉菌 M1 菌株进一步进行鉴定和产酶性质研究。

表 2 纤维素降解菌株的筛选结果

Table 2 Screening results of cellulose-degrading microorganisms

菌株	HC 比值	CMC 酶活 (IU/ml)
F1	4.8	0.25
F4	8.0	0.22
F13	4.8	0.22
F14	3.6	0.21
F17	3.9	0.28
M1	1.7	0.26
M6	8.1	0.23

Note: F indicates actinomycete strains; M indicates fungal strains

### 2.2 菌株 M1 的鉴定

菌株 M1 在 PDA 平板上生长迅速,生长初期生成白色菌丝,菌丝体纤细,有横隔和分枝,在培养基浅层伸展,与培养基结合较牢固; $37^\circ\text{C}$  培养 2d 后,菌丝蔓延整个培养皿,孢子颜色开始由黄绿色转为深绿色;3d 后整个菌落成深绿色毛绒状。在油镜下可以看到,分生孢子梗从菌丝的侧枝上生出,直立,有隔膜,有分枝,小枝顶端长有成团的分生孢子(图 1)。

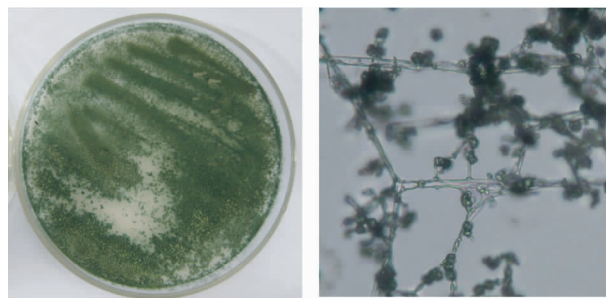


图 1 M1 在 PDA 平板上的菌落形态 (左) 及显微形态 (右)

Fig.1 Morphology of strain M1 on the PDA plate (left) and under the microscope (right,  $\times 1000$ )

采用通用引物对菌株 M1 的 18S rDNA 进行 PCR 扩增,得到 1708bp 的目的片段。利用 NCBI 网站的 Blast 程序进行序列同源性搜索,结果显示菌株 M1 的 18S rDNA 序列与木霉属 (*Trichoderma*) 和肉座属 (*Hypocrea*) 的许多菌株具有高度同源性,与 *Trichoderma* sp. XST1 (登录号 FJ026619.1) 的相似程度最高,相似性为 99%。

系统发育树构建结果如图 2 所示。菌株 M1 和多株木霉属和肉座属的菌株位于同一分支,且菌株 M1 与 *Trichoderma* sp. XST1、*Hypocrea pseudokoningii* strain SMF2、*Trichoderma* sp. CSN-18 和 *Trichoderma pseudokoningii* strain S-38 聚于同一类,亲缘关系最近。综合菌株的菌落形态、菌体形态以及 18S rDNA 系统发育分析,将菌株 M1 鉴定为木霉属的一个种 (*Trichoderma* sp.)。

### 2.3 木霉 M1 纤维素酶的合成模式

以稻草为唯一碳源对菌株 M1 进行液体发酵实验。由图 3 可以看出,发酵过程中,菌株 M1 在第 2 天进入快速生长期,CMC 酶活力也逐渐升高;菌体生长量在第 8 天达到最大值,CMC 酶活力在第 7 天达到最高值,为  $3.908\text{IU/ml}$ ;8 天后菌体生长进入衰亡期,酶活力也逐渐下降。根据菌体生长与产酶的关系,推断 M1 菌株合成纤维素酶的模式属于同步合成型。

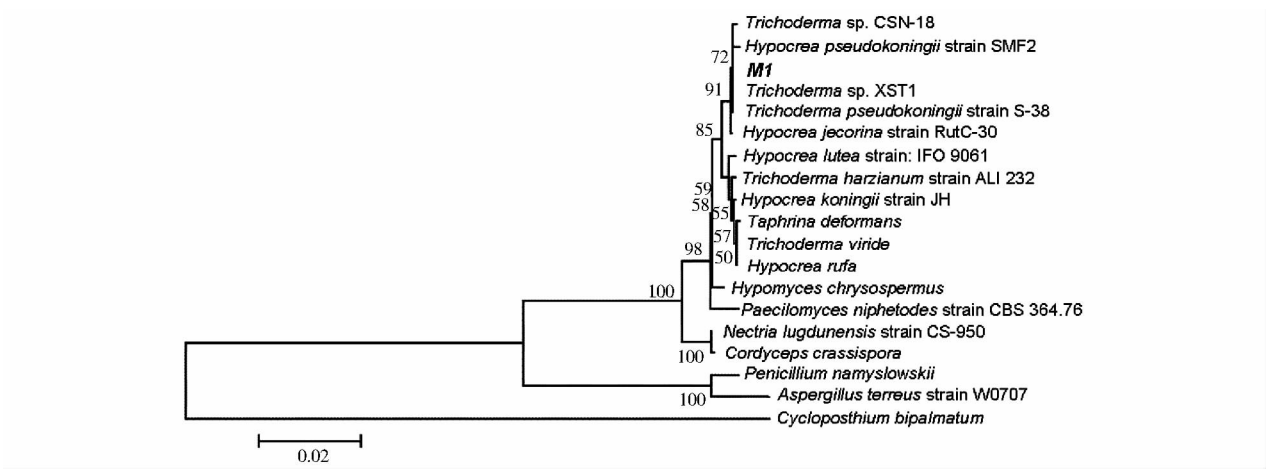


图 2 基于 18S rDNA 构建的 M1 菌株的系统发育树

Fig.2 Phylogenetic tree based on the 18S rDNA sequences of M1 and related strains

Accession numbers of the sequences used are summarized in Table 1.

Numbers at nodes indicate the bootstrap values ( % ) of 1 000 resampled data sets

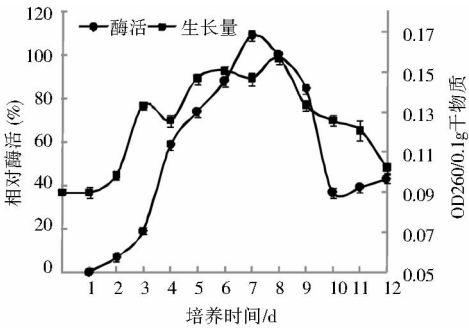


图 3 菌株 M1 发酵过程中的菌丝生长和产酶曲线

Fig 3 Correlation between M1 biomass and cellulase production

2.4 木霉 M1 的 CMC 酶学性质研究

2.4.1 pH 对 CMC 酶活力的影响 由图 4 可知,木霉 M1 的 CMC 酶的最适反应 pH 为 4.4,且在 pH 4.4 ~ 5.6CMC 酶活力基本保持稳定,为酸性纤维素酶。另外,CMC 酶在 pH 4.0 ~ 6.0 很稳定,保温 4h 后仍可以保持 95% 以上的酶活力(图 5)。

2.4.2 温度对 CMC 酶活力的影响 当温度低于 75℃ 时,随着反应温度的升高,CMC 酶活力逐渐升高,并在 75℃ 时达到最大值;超过 75℃,CMC 酶活力急剧下降(图 6)。而且该 CMC 酶具有较好的热稳定性:酶液在 50℃ 下保温 4h,可以保持 87% 的 CMC 酶活力;在 60℃ 下保温 4h,可保持 65% 的 CMC 酶活力;在 70℃ 下保温 4h,仍可保持 45% 的酶活力(图 7)。

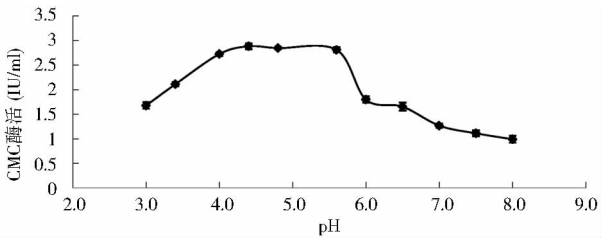


图 4 pH 对 CMC 酶活力的影响

Fig.4 The effect of pH on CMCase activity

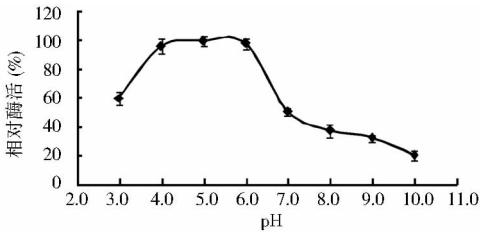


图 5 CMC 酶的 pH 稳定性试验

Fig.5 The effect of pH on CMCase stability

3 讨 论

目前,大多数商业化的纤维素酶是中温真菌(如 *Trichoderma reesei* 和 *Aspergillus niger*) 的胞外酶。这些酶虽然水解活力高,但在应用方面的一个主要缺陷是在高温环境下易失活。由于大多数工业过程都在高温下(> 60℃)进行,因此对嗜热/耐热纤维素酶的需求就越来越迫切。近年来,在研究耐热纤维素酶的过程

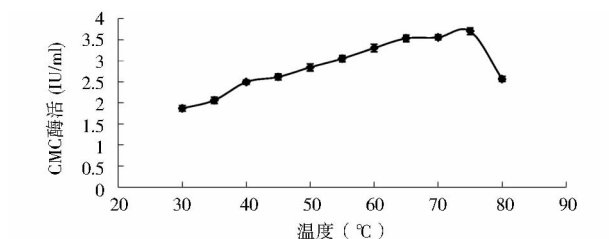


图6 温度对CMC酶活力的影响

Fig. 6 The effect of temperature on CMCase activity

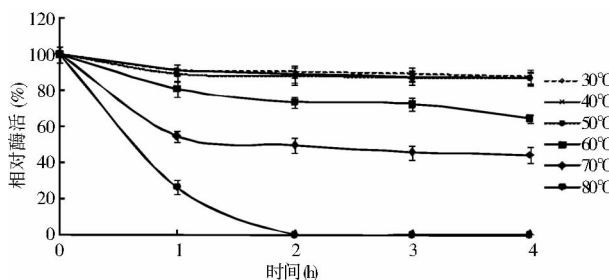


图7 CMC酶的温度稳定性试验

Fig. 7 The effect of temperature on CMCase stability

中,嗜热真菌(最适生长温度在50℃及以上的真菌被称为嗜热真菌)引起了广大学者的关注。嗜热真菌所产的纤维素酶通常在pH 4.0~7.0有活性,最适作用温度大多在60~75℃,且在长时间的保温过程中具有较好的热稳定性<sup>[7,9]</sup>。实际上,除了嗜热真菌,中温真菌也可产生嗜热纤维素酶。在丝状真菌*Fusarium oxysporum*中发现了新型的嗜热内切葡聚糖酶,其最适作用温度为75℃,但在70℃下的酶活半衰期仅为15min<sup>[8]</sup>。本研究筛选得到一株产高温纤维素酶的木霉菌株M1,其CMC酶为酸性纤维素酶,最适反应温度为75℃,并且具有很好的热稳定性。粗酶液在50℃、60℃、70℃下保温4h,可分别保持87%、65%和45%的CMC酶活力。因此在后续的工作中,将在代谢调控、生产工艺优化、应用等方面对木霉M1展开深入的研究。

### 参考文献

[1] Kubicek C P, Messner R, Gruber F, et al. The *Trichoderma* cellulase regulatory puzzle: From the interior life of a secretory fungus. *Enzyme Microb Technol*, 1993, 15 (2): 90-99.

[2] Zhang Y H P, Himmel M E, Mielenz J R. Outlook for cellulase improvement: screening and selection strategies. *Biotechnol Adv*, 2006, 24 (5): 452-481.

[3] Freier D, Mothershed C P, Wiegel J. Characterization of *Clostridium thermocellum* JW20. *Appl Environ Microbiol*, 1988,

54 (1): 204-211.

[4] Bronnenmeier K, Kern A, Liebl W, et al. Purification of *Thermotoga maritima* enzymes for the degradation of cellulose materials. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61 (4): 1399-1407.

[5] Yang S J, Kataeva I, Hamilton-Brehm S D, et al. Efficient degradation of lignocellulosic plant biomass without pretreatment by the thermophilic anaerobe, *Anaerococcus thermophilus* DSM 6725. *Appl Environ Microbiol*, 2009, 75 (14): 4762-4769.

[6] Alani F, Anderson W A, Moo-Young M. New isolate of *Streptomyces* sp. with novel thermoalkalotolerant cellulases. *Biotechnol Lett*, 2008, 30 (1): 123-126.

[7] Wojtezak G, Breuil C, Yamada J, et al. A comparison of the thermostability of cellulases from various thermophilic fungi. *Appl Environ Microbiol*, 1987, 27 (1): 82-87.

[8] Liu S, Duan X, Lu X, et al. A novel thermophilic endoglucanase from a mesophilic fungus *Fusarium oxysporum*. *Chin Sci Bull*, 2006, 51 (2): 191-197.

[9] Li D C, Li A N, Papageorgiou A C. Cellulases from thermophilic fungi: recent insights and biotechnological potential. *Enzyme Res*, 2011, 2011: 308730.

[10] Heinzelman P, Snow C D, Wu I, et al. A family of thermostable fungal cellulases created by structure-guided recombination. *PNAS*, 2009, 106 (14): 5610-5615.

[11] Hendricks C W, Doyle J D, Hugley B. A new solid medium for enumerating cellulose-utilizing bacteria in soil. *Appl Environ Microbiol*, 1995, 61 (5): 2016-2019.

[12] 魏景超. 真菌鉴定手册. 上海: 上海科学技术出版社, 1979: 487-494.

Wei J C. Manual of Fungal Characterization. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers. 1979: 487-494.

[13] 杨民和, 徐焰平, 苏经迁. 茶树内生球座菌的鉴定及遗传多样性分析. *江西农业大学学报*, 2010, 32 (5): 946-955.

Yang M H, Xu Y P, Su J Q. Characterization and genetic diversity analysis of endophytic *Guignardia* isolated from *Camellia sinensis*. *Acta Agric Univ Jiangxiensis*, 2010, 32 (5): 946-955.

[14] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The Clustal\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tool. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25 (24): 4876-4882.

[15] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Brief Bioinform*, 2004, 5 (2): 150-163.

[16] Liu G, Xu Z, Cen P. A morphologically structured model for mycelial growth and secondary metabolite formation. *Chin J Chem Eng*, 2000, 8 (1): 46-51.

[17] Mandels M, Andreotti R, Roche C. Measurement of saccharifying cellulase. *Biotechnol Bioeng Symp*, 1976, 6: 21-33.

## Screening and Classification of a Thermophilic Cellulase-producing *Trichoderma* sp. Strain and the Study of the Enzyme Properties

YANG Jie<sup>1,2</sup> YE Xiu-yun<sup>1,2</sup> YAN Fen<sup>1</sup> GAO Zhen-na<sup>1</sup> LI Ren-kuan<sup>1,2</sup> LV Wen-jing<sup>1</sup> LIN Juan<sup>1,2</sup>

(1 College of Biological Sciences and Technology, Fuzhou University, Fuzhou 350108, China)

(2 National Engineering Laboratory for Enzyme Expression, Fuzhou 350002, China)

**Abstract** A fungal strain, designated as M1, producing thermo-tolerant cellulase was isolated from straw compost and classified as *Trichoderma* sp. via morphological analysis and its 18S rDNA sequence. The pattern of cellulase synthesis by the strain in submerged fermentation with rice straw as the sole carbon source was investigated as well as the enzyme properties of the carboxymethyl cellulase (CMCase). The maximum CMCase activity was observed at pH 4.4 and the CMCase retained more than 95% activity in the pH range of 4.0 ~ 6.0 after incubation at 50°C for 4h. The optimum temperature for the CMCase activity was 75°C; this CMCase maintained 87% and 65% of the initial activity after incubation for 4h at 50°C and 60°C, respectively, indicating that the enzyme had good thermostability.

**Key words** *Trichoderma* sp. CMCase Thermophilic Screening Classification Enzyme properties

## 梅特勒-托利多获 2012 食品饮料工业荣格技术创新奖

来自梅特勒-托利多的 SevenCompactTM 系列仪表近日荣获 2012 食品饮料工业荣格技术创新奖。SevenCompactTM 系列产品是精确的电化学测量技术与灵活的功能、创新的设计和便捷的操作的完美结合,秉承 Seven 系列台式仪表的优良品质,引入创新的 ISM(智能电极管理)技术,为实验室 pH、电导率、离子测量建立新标准,将为制药、生物、食品饮料、化工石化、教育科研等各个领域的用户带来前所未有的测量体验。新一代 SevenCompactTM 系列产品包含 pH/离子计和电导率仪:SevenCompactTM pH/离子计(S220)可测量 pH、氧化还原电位和各种单位的离子浓度;SevenCompactTM 电导率仪(S230)可测量电导率、盐度、TDS、电阻率、电导灰分。