

---

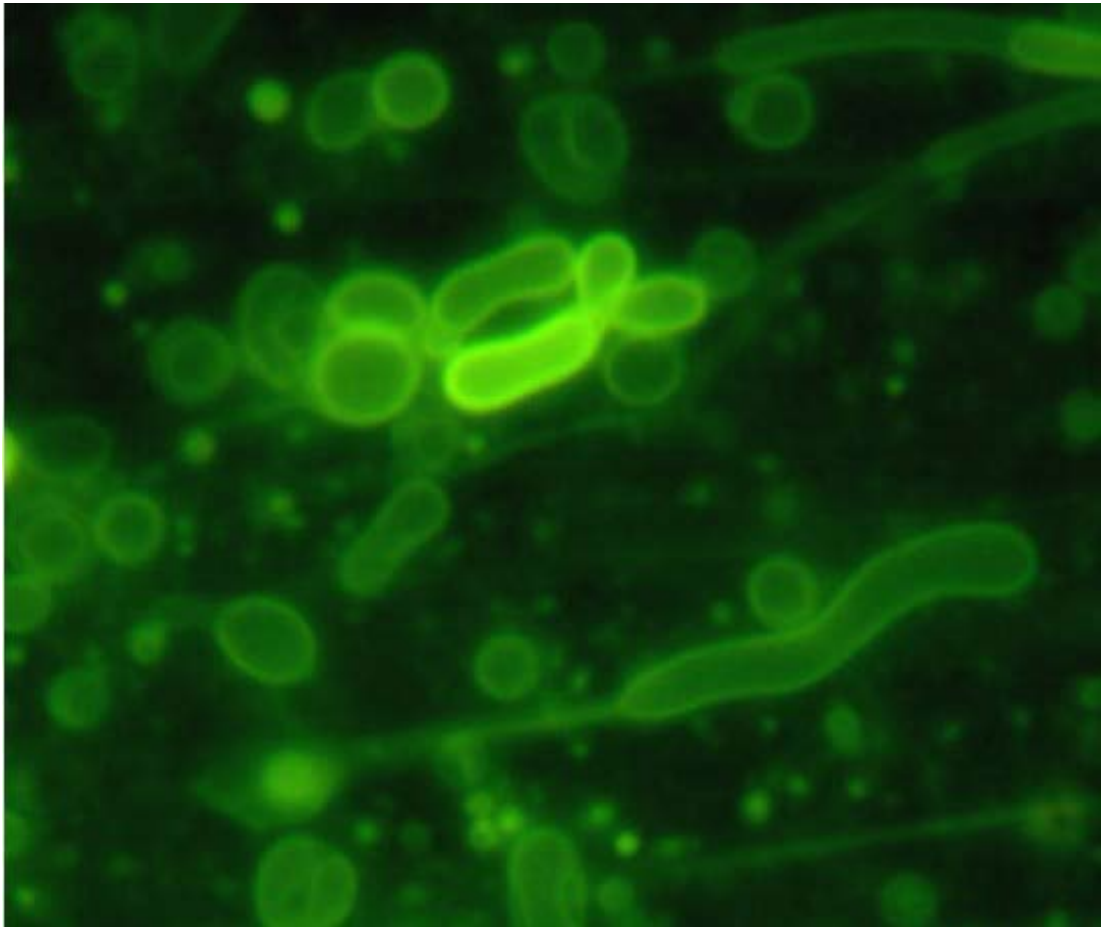
盎亿泰地质微生物技术（北京）有限公司

# 地质微生物学研究进展

---

2012年9月1日

第3期（总第3期）



研发部编辑

---

盎亿泰地质微生物技术（北京）有限公司

北京昌平科技园华通路11号409-411室

电话：010-64411688 传真：010-69728772

## 目 录

## 专 题

暴风雨中的微生物多样性.....	3
海洋泥火山超盐冷泉泄露环境中甲烷的厌氧氧化作用.....	4
通过与铁还原耦合的厌氧氨氧化会造成土壤氮流失.....	5
宏基因组学：通过“有划痕的放大镜”看微生物多样性.....	6
通过 DGGE 和焦磷酸测序揭示红树林沉积物和植物根系中古菌多样性.....	8
对粗甘油具有耐受性的巴氏梭菌的变种生成 1, 3-丙二醇和丁醇.....	9
以分子量评价海洋溶解有机质的形成.....	10
甲烷氧化菌群落结构和功能的季节变化.....	11
高光谱遥感、地球化学和同位素方法检测轻烃微渗漏对地表岩石组分的改变.....	12
氨和醋酸盐对甲烷产生途径和产甲烷菌群落结构的影响.....	13
富营养化的亚速尔群岛湖沉积物中的生物多样性和地球化学分布.....	14
热带和寒带土壤中甲烷的厌氧氧化：陆地甲烷循环的生态学意义.....	15
澳大利亚红树林中关于甲烷氧化菌群落随其土壤盐度变化的分析.....	16
地下极端酸性环境中的地质微生物.....	17

## 短 讯

微生物奥林匹克运动会.....	18
生命起源于淡水环境？.....	20
地球上第一个氧气利用者.....	22

**专 题****暴风雨中的微生物多样性**

暴风雨中是否也有生命的存在? 回答是肯定的, 丹麦奥尔胡斯大学的科学家通过对冰雹样品中的微生物进行研究, 揭示了暴风雨中微生物的多样性, 该研究发表在近期的《FEMS Microbiology Ecology》上。

暴风雨是一种极端环境, 这样的极端环境对于微生物的生存具有很强的选择作用, 只有那些能适应这样环境的、强壮的微生物才能得以生存。在大气中生存的微生物能随着大气的流动而移动并在其他地方沉降, 通过这种途径微生物得以传播。同时由于微生物的新陈代谢作用, 大气的化学组成也会被其改变。

本研究收集了一系列的冰雹样品, 并采用了细胞生物学的培养方法以及分子生物学的非培养方法, 对微生物的种类、各种微生物的丰度及其分布均匀度以及微生物的群落组成进行了研究。分子生物学的研究表明暴风雨中微生物主要来自于四种不同的类群, 分别是厚壁菌门、放线菌门、拟杆菌门和变形菌门。而冰雹中可培养的微生物主要来自五个不同的属, 分别是甲基杆菌属、慢生根瘤菌属、芽孢杆菌属、类芽孢杆菌属和阿菲波菌属。微生物群落研究中代表物种丰度和均一度的多样性指数研究结果表明暴风雨中的微生物功能是十分稳定的, 而这些功能主要是为了抵抗严酷的环境压力。有意思的是, 暴风雨微生物中一些原本附生于植物的物种如甲基杆菌, 都是“机会主义者”, 它们会使用一些投机的生态策略来适应环境, 比如非常高的生长率和很快的生长反应时间。这些微生物可以代谢利用很多种大气中的有机物, 包括各种羧酸。

总体来说, 这个研究揭示了在暴风雨这样的极端环境中, 仍然具有多样性十分高的微生物, 而且微生物在这样的环境下仍然具有各种功能而没有休眠。暴风雨中微生物的存在对于细菌的散播分配和大气化学变化都具有极其重要的意义。而暴风雨中原本来自于植物的微生物虽然只占大气微生物的一小部分, 但是其对于大气化学成分的改变具有十分重要的作用。

编辑: 郝纯

资料来源: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22537388>

## 海洋泥火山超盐冷泉泄露环境中甲烷的厌氧氧化作用

超盐环境对于生物进行能量代谢具有很强的约束效益,因而超盐环境中生命是非常有限的。诸如甲烷厌氧氧化及其伴随的硫酸盐还原反应这样的微生物活动在超盐环境中很难高效的进行。近期比利时根特大学的科学家以海洋泥火山的冷泉泄露点为研究对象,对其甲烷厌氧氧化作用和相关的微生物群落进行了研究,其结果在线发表在《*FEMS Microbiology Ecology*》上。

与典型的甲烷泄露沉积物区不同,在超盐环境中,硫酸盐-甲烷转化界面并不清晰,甲烷厌氧氧化和硫酸盐还原作用在很宽泛的深度环境中都有进行。超盐环境对于甲烷厌氧氧化有强烈的抑制作用,其转化水平比正常的环境低几个数量级。在本研究中,甲烷厌氧氧化主要由 ANME-1 菌群来完成,在这样的环境中, ANME-1 菌主要呈链状分布,它们占据了整个微生物菌群的大多数,大约为五分之四。以前的研究也表明 ANME-1 是超盐环境中主要的菌群,这说明 ANME-1 已经进化适应了超盐环境中通过厌氧甲烷氧化来获取能量。

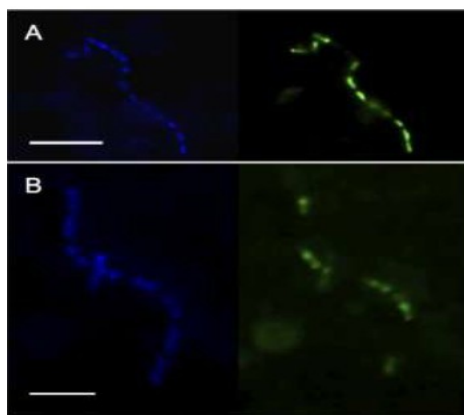


图 1 连珠状的 ANME-1 菌群

该研究还发现甲烷厌氧氧化和硫酸盐还原作用并不是一直都耦合进行的。在很宽泛的深度范围内,甲烷厌氧氧化作用都大大超出了硫酸盐还原作用的水平。这种现象预示着除了硫酸盐,还应该其他的电子受体。由于在研究区内没有检测到硝酸盐的存在,而检测到了大量的三价铁,该研究推测可能的电子受体为三价铁离子。

编辑: 郝纯

资料来源: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22882187>

## 通过与铁还原耦合的厌氧氨氧化会造成土壤氮流失

氨氧化是氮循环过程中的一个关键步骤,调节着生态系统中硝酸盐、一氧化氮和氮气的含量。海洋和淡水生态系统中,厌氧氨氧化与亚硝酸盐还原相耦合被称之为厌氧脱氮(anammox),产生了67%的氮气。陆地生态系统中,通过厌氧氨氧化产生的氮气的量目前还没有可靠数据,但在铁还原环境下的湿地土壤中厌氧氨氧化产生硝酸盐量的数据已经获得。

近期来自美国加州大学和内布拉斯加州林肯大学的科学家们通过向热带山地土壤泥浆里加入同位素标记的氨和三价铁,来评价潜在的与铁还原耦合的厌氧氨氧化过程(称为铁氨氧过程,Feammox)。这一最新成果发表在2012年7月《Nature Geoscience》上。研究结果表明,在热带山地土壤中铁氨氧过程可以产生氮气、亚硝酸和硝酸盐,其中直接产生氮气是铁氨氧过程的主要途径,这个途径缩短了氮循环的过程,生成的氮气散逸到大气中会导致生态系统中氮元素的流失。文章对比了铁氨氧过程与好氧的硝化和反硝化的速率,其中反硝化(由微生物进行的把硝酸盐转化成一氧化氮和氮气的过程)是目前已知的陆地生态系统中唯一产生氮气的过程。作者认为,在那些富含结晶程度低的含铁矿物、并处于低或者不稳定氧化还原条件下的生态系统中,铁氨氧过程能造成氮的流失。

编辑:张勇

资料来源:

<http://www.nature.com/ngeo/journal/v5/n8/pdf/ngeo1530.pdf>

## 宏基因组学：通过“有划痕的放大镜”看微生物多样性

自从核酸首次直接从环境中提取并测序以来,宏基因组学就发展成为一种数据最丰富应用广泛的技术用来深入了解微生物分类学和微生物群落功能多样性。在过去的十年间,更为便宜的测序技术在基因组学中广为普及,测得了数以亿计的基因,揭示出令人震惊的微生物多样性和功能复杂性。但这些便宜的测序方法以牺牲测序片段长度为代价,结果导致不准确的基因注释,过高地估计了细菌的多样性。最新测序技术的发展为整个基因中操纵子及末端的精确注释和组装提供了足够的长度,这将再一次延续之前成功利用宏基因组测序对基因功能检测的研究。来自美国俄勒冈州立大学的 Temperton 和 Giovannoni 博士在 2012 年 7 月刊《Current Opinion in Microbiology》上对宏基因组学的发展做了概述。

早期的宏基因组测序需要把环境 DNA 插入到载体上之后进行 Sanger 测序,通过这一途径获得一个 Mb 数据需要花费 500 美元,限制了大规模的宏基因组工程的发展,很难进行样品重复实验,影响了对生物变异和分类多样性与数据相关性严密的统计分析。随后焦磷酸测序技术与宏基因组学的融合标志着测序技术的重大变革。很快 454 (Roche)、Illumina、SOLiD (基因公司) 和 Pacific Biosciences 的测序技术把获得一个 Mb 数据量的测序费用降到 0.1 美元以下(图 2),伴随这种平民化的价格而来的,是对各种环境下所有生物和功能多样性爆炸性的研究。

目前每种新的测序技术都会引入它的偏向性,继而出现不标准的数据采集,结果导致新技术所得的测序结果无法和之前的数据进行对比。尽管测序费用在降低,但对样品进行多次重复试验仍很困难。在 16S rRNA 基因多样性研究中,通过焦磷酸测序不能测序列全长,只能依靠短的高变区进行,这些高变区可以是一个,也可以是几个高变区的组合。因此,种群丰度很大程度上会因为引物选择偏向性而受影响,比如用 V6 和 V1+V2 区上的引物会过高估计种群丰度,而用 V3、V7 和 V7+V8 区则会低估。被高估的多样性可以使用工具来修正,样本准备中的偏向性则需要有好的实验设计和对照来控制。

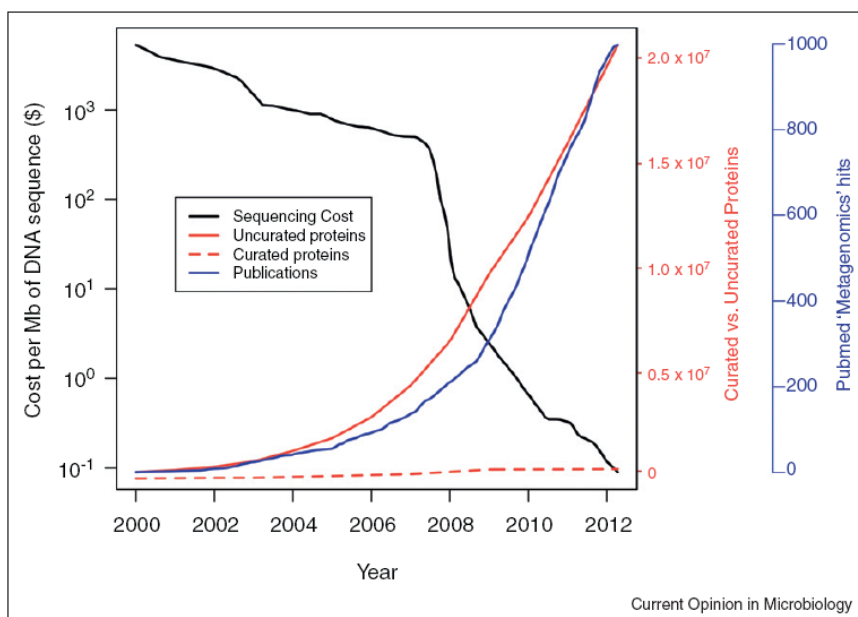


图2 测序费用及对基因组和宏基因组学的影响

为了克服读长太短对准确注释造成的影响,生物学家尝试把片段组装成更长的 **contigs** 来重新捕获丢失的信息。通过组装已经成功的从克隆的微生物中重建了基因组,但从宏基因组数据组装 **contigs** 仍受限,这些问题包括过低的群落覆盖率、自然种群大量的基因组变化以及高风险的怪异序列的产生等。

准确的注释可能提供某种微生物和它们群落潜在的代谢功能,但不先考虑它在新陈代谢中的作用,是很难预测一个被注释的基因在生态学中的重要性的。有些情况下,通过无菌纯培养物实验可以重建和测试预测这些代谢途径,所以进行微生物纯培养工作仍是非常重要的工作,通过培养实验证实 **SAR11** 细菌是一类 **methylovores** 就是一个很好的例子。其他情况下,特别是当某一基因通过一种非标准的途径发挥其功能,而在数据库中又没有代表,那唯一的选择就是用纯培养的细胞进行探索性实验了。

编辑:张勇

资料来源:

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1369527412000860>

## 红树林沉积物和植物根系中古菌多样性

红树林是重要的陆地和海洋交错带,这些树木可以减少海岸带的侵蚀,降低海浪和海啸的破坏,也是一些水生动物的生存场所。红树林区是一个复杂的生态系统,调节着通往海洋的营养物质和沉积物的量。红树林区的微生物对营养物质的循环有重要作用,很多陆地植物的根系对微生物群落会有“根际效应”影响,表现在微生物可以帮助植物生长和有机质产生,同时它们也利用植物根系分泌物作为营养来源。

红树林区的细菌和真菌在调节营养物质循环中的重要性使得对它们的多样性和种群结构的研究很受关注,但很少有研究去评价红树林区的古菌,特别是对红树林植物根系是否影响了古菌的多样性和种群结构的研究更是少之又少。近期来自葡萄牙、德国和巴西的科学家们通过巢式扩增古菌 16S rRNA 基因,利用 DGGE 和焦磷酸测序 (barcoded pyrosequencing) 方法,对巴西里约热内卢亚热带红树林区沉积物和两种红树林树种 *Rhizophora mangle* 和 *Laguncularia racemosa* 根系中古菌的多样性和结构进行了研究。通过 DGGE 结果发现沉积物和植物根系中古菌结构有非常大的差异,表明红树的根系对古菌群落确实有影响。通过焦磷酸测序得到的大多数序列只能划分到门或者以下更低的分类单元,结果显示古菌的多样性在 *L.racemosa* 根系中最高,沉积物次之,在 *R.mangle* 根系中最低。该研究结果发表在 2012 年第 16 期《Applied and Environmental Microbiology》上。

编辑:张勇

资料来源:

<http://aem.asm.org/content/78/16/5520.short>



## 对粗甘油具有耐受性的巴氏梭菌的变种生成 1, 3-丙二醇和丁醇

随着化石能源的逐渐减少和由于使用化石能源而释放出的二氧化碳逐渐增多,可再生的生物产品成为化石能源的替代品。从植物脂类中生产生物柴油被认为是替代从原油中提炼柴油的一种可再生的方式。而在生产生物柴油的过程中,伴随着产生了一些粗甘油(10% w/w)。巴氏梭菌能利用丙三醇作为单一的碳源,并将其转化为 1, 3-丙二醇,乙醇,丁醇和二氧化碳。但从以前的实验结果来看,与工业级甘油相比,在粗甘油中,微生物的生长速率明显较低。

丹麦科学家们在乙烷甲基磺酸盐(EMS)中培养出一株巴氏梭菌的突变菌种,该变种能够耐受高浓度的粗甘油。在生长的初始阶段,粗丙三醇的含量为 25g/L,突变菌种产生的细胞干重是野生型菌种的 6 倍。在粗甘油起始浓度为 105g/L 时,也能观察到突变菌种的生长。原地 PH 控制反应器通过气体剥离法去除丁醇,这种气体剥离法有利于提高突变菌种的生产效率。突变菌种比野生型菌种更能有效的利用粗甘油,其生长速率有明显的提高,其中甘油的利用速率是 7.59g/l/h,而丁醇和 1, 3-丙二醇的生产速率分别是 1.80 g/l/h, 1.21 g/l/h。这比先前发表的在工业级甘油上生长的巴氏梭菌的生长速率还要高。此外,其主要产物(丁醇和 1, 3-丙二醇)的产率较高,并且这两种产物很容易通过气体分离法将其分离。上述研究结果发表在 2012 年 8 月 17 日的《AMB Express》上。

编辑: 李雪

资料来源:

<http://www.amb-express.com/content/2/1/44>

## 以分子量评价海洋溶解有机质的形成

海洋中可溶性有机物(DOM)是全球碳循环中一个主要参与者,海洋中的可溶性有机物能达到662Gt,这相当于与大气中的CO<sub>2</sub>的量。近期德国和美国的科学家们沿着东大西洋横切面上,采集了不同气候带不同深度的137个水样,用来研究DOM的形成时间,形成过程及其相关的分子变化。并将相关研究结果发表在2012年第9期的《Biogeosciences》杂志上。

研究者们将电喷雾离子化用傅里叶变换离子回旋共振质谱计(FT-ICR MS)与放射性碳年龄相结合,来分析不同深度不同生物地球化学区域的样品。这样能够提供海洋系统其特有的形成时间的组成和相关的分子标记。为了从生态学和生物地球化学方面进行更深入的探讨,研究者们还第一次将傅里叶变换离子回旋共振质谱(FT-ICR)的数据分别与环境因子,如可溶性有机碳(DOC),氨基糖类,细菌的活性相结合进行讨论。

采集的样品首先用固相抽提法(SPE)提取了可溶性有机质(DOM),然后将这些抽提物通过电喷雾离子化用傅里叶变换离子回旋共振质谱计(FT-ICR MS)进行分析,并将SPE-DOM的副产物进行 $\Delta^{14}\text{C}$ 分析。通过观察发现,43%FT-ICR质量峰的大小与所提取的 $\Delta^{14}\text{C}$ 的值存在线性关系。随着SPE-DOM $\Delta^{14}\text{C}$ 的值降低,可溶性有机质平均分子量升高,并且碳/氢(H/C)较低。这种线性关系可以用来模拟137个样品的SPE-DOM的 $\Delta^{14}\text{C}$ 的分布情况。DOM可以衡量质量峰的异常并判断形成时间,而且可以对近期的SPE-DOM进行分子上的半定量分析。

通过大量的对比实验,研究者发现不同的检测物质有着不同的降解速率。大部分的物质在热盐循环过程中,通过部分降解来达到稳定。在海洋的上层,DOM主要来源于原核生物的产物及其转移和累积,而这种DOM对于海洋总DOM有很重要的贡献,这表明,DOM的产生和降解是一个动力学过程。

编辑:李雪

资料来源:

[www.biogeosciences.net/9/1935/2012/](http://www.biogeosciences.net/9/1935/2012/)

## 甲烷氧化菌群落结构和功能的季节变化

湖滨湿地环境是湖泊环境甲烷释放的主要地带。近期来自东芬兰大学环境科学系的科学家们通过对东芬兰一个湖泊的湖滨湿地的研究发现,季节性的水文条件和温度条件变化会对甲烷氧化菌的种群结构和基因表达产生重要的影响。科学家们采用基因芯片的手段,对颗粒甲烷单加氧酶基因进行了研究,结果显示 I b 型甲烷氧化菌在高水位的时候占主导地位,同时甲烷氧化也和颗粒甲烷单加氧酶的基因转录呈正相关关系。而在相对较干的湿地区,夏季和秋季的水文条件则会造成 II 型甲烷氧化菌占据主导地位的情况,冬季 II 型甲烷氧化菌则会相对减少。

该研究成果对湖滨湿地环境甲烷氧化菌群落的季节变化提供了新的视野,对我们研究不同季节的甲烷氧化菌群里变化有很大的启示。同时不同季节造成的水文条件和温度的变化,也能为我们在解释穿越不同水文条件和温度的长距离测线的甲烷氧化菌群落结构的过程中提供参考。

上述研究结果发表在 2012 年第 3 期第 80 卷的《FEMS Microbiology Ecology》上。

编辑: 邓诗财

资料来源:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1574-6941.2012.01321.x/abstract>

## 高光谱遥感、地球化学和同位素方法检测轻烃微渗漏对地表岩石组分的改变

近期来自美国休斯敦大学的 Ana Petrovic 等科学家研究证明轻烃微渗漏确实能对地表岩石的组分产生影响,并将研究结果发表在 2012 年第 1 期第 35 卷的《*Marine and Petroleum Geology*》上。

该研究小组在尤他州 Lisbon Valley 地区,针对被改变的和未被改变的砂岩露头,利用遥感手段来实现了对地表岩石变化的成图,同时采用了一些地球化学手段来探究了岩石变化的过程。科学家们利用光谱角制图方法对 Hymap 高光谱数据进行处理,用以区分组分被改变了的和组分没被改变的岩石的范围,同时用以确定岩石内部矿物组分的变化。光谱特征拟合方法则被应用来确定区域内的岩性变化。反射光谱、薄片研究、主量元素、微量元素和微量元素分析以及稳定碳、氧同位素研究等都被应用来对相似岩石进行描述,并且与跟下伏油藏相关的烃类微渗漏进行比较研究。未被改变的砂岩表现出了较高的赤铁矿和长石含量,而被改变了的砂岩则以高粘土矿物、方解石和黄铁矿含量为特征。一些被改变了的砂岩内部还表现出了一些与烃类相关的还原环境的元素异常特征(如 U、Mo 异常等),而这些岩石与未被改变的砂岩相比,通常还具有贫重碳 13 同位素的特征。

基于对该地区的研究结果,科学家们提出了一个化学反应模式。烃类形成的还原环境造成了硫酸根向硫化根的转变,这个转变将赤铁矿还原成了黄铁矿。而在这个过程中释放出来的氢则与长石发生反应,形成了高岭石的沉淀,而同时这些条件也有利于碳酸氢根和钙离子的结合,从而在由于赤铁矿的被还原和置换而留下的孔隙中,形成了方解石。

该研究成果表明,一些细微的矿物学和地球化学变化特征可能被用于未来的油气勘探事业中,而一些明显的岩石露头特征则可以帮助我们完成对工作区的初步判断或者提供依据。但遗憾的是该研究并未涉及到微生物在这个过程中作用的研究。

编辑: 邓诗财

资料来源:

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264817212000050>

## 氨和醋酸盐对甲烷产生途径和产甲烷菌群落结构的影响

由醋酸盐生成甲烷是生物气产生过程中的一个最重要的步骤。在这个过程中影响甲烷生成的主要环境因素有挥发性脂肪酸、氨、PH和温度。近日,来自丹麦技术大学和希腊塞萨洛尼基亚里士多德大学的研究者通过两个实验检验了醋酸盐和氨的含量对由醋酸盐生成甲烷途径和产甲烷菌群落结构的影响,并将相关研究结果发表在2012年8月20日的《FEMS Microbiology Ecology》杂志上。

研究者们设计了两个实验:一个是在培养物中逐渐的增加醋酸盐和氨的浓度。另一个是直接培养物暴露于不同浓度的氨中。其中,甲烷产生途径通过检测产生的甲烷和CO<sub>2</sub>上被标记的甲基基团来测定。微生物群落结构则通过荧光原位杂交来测定。研究者的实验结果显示:在高温下,经驯化的适应醋酸盐和氨的培养物改变了它们的醋酸盐生物转化途径,从互养的醋酸盐氧化途径转变成了解乙酸的甲烷生成途径。而在常温下,驯化过程没有使甲烷生成途径发生变化。另外,在高温下当未经驯化的培养物直接暴露于高浓度的氨中时,解乙酸的甲烷八叠球菌就会占优势。

该项研究发现了耐氨产甲烷菌的潜在的应用价值,为其以后作为生物添加物添加到生物反应器中用于高氨氮废物的消化提供了科学依据。

编辑: 盖永锋

资料来源:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1574-6941.2012.01456.x/abstract?deniedAccessCustomisedMessage=&userIsAuthenticated=false>

## 富营养化的亚速尔群岛湖沉积物中的生物多样性和地球化学分布

在亚速尔群岛,为了使湖泊达到良好的生态学标准,需要采取一些先进的认为干预手段。然而,尽管人们已经做了很大的努力去描述水体中浮游植物的生长情况,但是对于有关沉积物中微生物过程的信息却仍然十分匮乏。因此,近期来自葡萄牙、荷兰和德国的研究者们联合开展了一个课题,研究富营养化的亚速尔群岛湖沉积物中的生物多样性和地球化学分布情况,并将相关研究结果发表在了 2012 年第 8 期 29 卷的《*Geomicrobiology Journal*》杂志上。

研究者们对三个湖泊进行了调查研究分别是祖尔湖、弗纳斯湖和佛得角湖。研究发现:在祖尔湖中,所有的地球化学成分参数基本相似;在弗纳斯湖中,总的铁元素的含量在有氧层的下面呈现峰值;而在佛得角湖中,沉积物最上层中的所有成分的含量要比其他湖中的含量高大约 2 倍,并且所有成分的含量随着深度的增加而逐渐降低。佛得角湖中磷和有机质的含量最高,表明磷是导致水体富营养化的主要原因。另外,通过变性梯度凝胶电泳实验发现沉积物中微生物的群落结构主要由变形菌门、拟杆菌门/绿菌门和绿弯菌门构成。蓝细菌门只在弗纳斯湖和佛得角湖的沉积物中发现,这两个湖的湖水和沉积物中都含有高浓度的氮和磷。而其他门类的微生物则在三个湖的沉积物中都有发现。

通过上述研究结果,研究者们得出以下结论:由于不同湖内的营养源的相对大小和沉积物中细菌的多样性不同,直到 2015 年才能通过人工干预手段使三个湖中的良好的生态学标准基本相同。

编辑: 盖永锋

资料来源:

<http://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/01490451.2011.619633>

## 热带和寒带土壤中甲烷的厌氧氧化：陆地甲烷循环的生态学意义

甲烷的厌氧氧化是海洋生态系统中温室气体甲烷的一个主要扩散途径,但是在陆地生态系统中该途径的重要性并不是很清楚。低地的寒带土壤和潮湿的热带土壤是甲烷循环的热点地区,但是在这两种地区的甲烷厌氧氧化并没有得到很好的研究。近期来自美国加州大学的研究者们研究了阿拉斯加和波多黎各两个地区土壤中甲烷的厌氧氧化,并将相关研究结果发表在 2012 年第 117 卷的《JOURNAL OF GEOPHYSICAL RESEARCH》杂志上。

研究者们利用体外同位素示踪技术来同时定量在不使用生物抑制剂情况下甲烷的产生量和消耗量。研究结果显示:寒带泥炭土和热带矿质土壤在缺氧的条件下氧化虽小但有显著量的甲烷生成二氧化碳。寒带土壤的甲烷厌氧氧化速率略低于热带土壤。添加终端电子受体能够抑制两种土壤中甲烷的厌氧氧化和甲烷的生成。在两种土壤中,甲烷的生成和甲烷的厌氧氧化同时发生,并且甲烷的生成速率要比甲烷的厌氧氧化速率高一些。甲烷的生成量和缺氧条件下甲烷的厌氧氧化量之间存在着很强的相关性。研究者们还发现缺氧条件下甲烷的厌氧氧化是由生物途径完成的,并且主要是由产甲烷古菌介导的。

通过上述结果研究者们认为了解陆地生态系统中甲烷的厌氧氧化过程是非常重要的,因为该过程可能在甲烷的循环过程中起到了非常重要的作用。

编辑: 盖永锋

资料来源:

<http://www.agu.org/pubs/crossref/2012/2011JG001864.shtml>

## 澳大利亚红树林中关于甲烷氧化菌群落随其土壤盐度变化的分析

甲烷氧化菌是细菌中能够利用甲烷为其提供碳源和能源的一大分支。在土壤、沉积层、淡水水体、海洋等多种自然环境中以及垃圾填埋物中均发现有甲烷氧化菌的存在。甲烷氧化菌在全球碳循环中起着重要的作用,甲烷氧化菌通过甲烷单加氧酶将甲烷和甲醇氧化。

在澳大利亚广袤的红树林里,甲烷氧化菌因其对甲烷的代谢作用在这片生态系统中起着举足轻重的作用。然而,因为人类的介入和对自然界的破坏,已经改变了红树林的生态系统规律,尤其是澳大利亚土壤中的旱地盐度分已经发生了巨大的改变。近日澳大利亚联邦科学与工业研究组织植物工业部(CSIRO)的学者对红树林的甲烷氧化菌群落做了研究,并将结果刊登在2012年8月的《FEMS Microbiology Ecology》杂志上。他们通过基因芯片和土壤理化性质研究揭示了不同含盐率的土壤和其中的甲烷氧化菌的关系。CSIRO的学者主要研究了土壤中的含盐率、含水率、NO<sub>3</sub>-N含量、SO<sub>4</sub>-S含量及Mg含量,并且这些结果都与甲烷氧化菌的分布有一定关系。分析相关数量的甲烷氧化菌分布可以发现,其数量和种类与含盐量有直接关系。II型和Ib型甲烷氧化菌是土壤中的优势菌,并且不同含盐量土壤汇总其分布是不同的。低盐土壤中II型甲烷氧化菌的数量和种类明显降低。

甲烷氧化菌的不同分布显示了其随含不同含盐量的变化规律,并且含盐量同样影响着氨氧化细菌的分布。事实证明,人类的对大自然的介入改变这土壤的性质,使土壤中的甲烷氧化菌群落分布发生了相应的改变,从而影响了甲烷的代谢。

编辑: 武淑娇

资料来源:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22375901>



## 地下极端酸性环境中的地质微生物

极端环境的极端因素选择了微生物的种类,微生物对其生存的极端环境会有什么影响?日前刊登在一篇来自英国威尔士大学的 David Barrie Johnson 和他的研究团队对嗜酸菌做了相关研究,并将研究结果发表在 2012 年 7 月刊的《FEMS Microbiology Letters》杂志上。

嗜酸细菌可以生活在  $\text{PH}<3$  的环境中,它们可以适应并改变地下酸环境,例如在一些金属硫化矿,因嗜酸菌的存在而使得其酸碱幅度变宽或者最后变为统一的酸度,嗜酸菌在环境中可以有很多种电子受体、代谢多种无机物。研究者们对美国的加利福尼亚州和德国哈茨山脉的两个废弃硫化金属矿以及意大利的一个洞穴中的嗜酸菌做了研究和综述,此外,他们还对比北威尔士的两个废弃的硫化金属矿中的地质微生物也做了分析。结果发现同样是两个极端的环境(酸度达到 2,温度介于  $8-9^{\circ}\text{C}$ ),但是 Cae Coch 是一个干燥的矿床,它位于一个远离水源的封闭区域内;而 Mynydd Parys 矿区则包含了很多露天湖泊,并且其中的一些水体在多年之前干涸。这两个地区的微生物群落分布有很大的差异,尤其在古菌和细菌的多样性上表现地尤为突出。长眠于 Mynydd Parys 湖下的木质矿物成为这个水体中的有机碳释放源,不停的为这个环境中缓慢供给着有机碳,从而使这个环境中的异样微生物发育地更为多样性。

编辑:武淑娇

资料来源:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1574-6941.2011.01293.x/abstract;jsessionid=BC6725D9DBE77F627C43E708A5032B96.d02t04?deniedAccessCustomisedMessage=&userIsAuthenticated=false>

## 短讯

## 微生物奥林匹克运动会

四年一届的夏季奥林匹克运动会刚刚在英国伦敦闭幕,运动员们都会通过数年的艰苦训练来使自己在各自的项目上达到最高的水平。同样,在微生物的世界中,每天微生物都会为了生存和繁殖而进行着各种各样的竞争。微生物可以通过进化来适应特殊的生境以及生存形式,当“竞赛规则”改变时,微生物也会改变它们的生活习性来适应改变。在近期的《Nature Reviews Microbiology》上,美英德以及新西兰的科学家设想了一次别开生面的微生物奥林匹克运动会,不同的微生物选手将在短跑(繁殖能力)、拳击、100  $\mu\text{m}$  自由泳、标枪、病原体接力赛跑和跳水等项目上一决高下。

首先是开幕式,奥运圣火是由一种发光弧菌充当。



图3 微生物奥运会奥运圣火及在平板上形成的菌落文字

在所有的微生物奥运会项目中,当属100  $\mu\text{m}$  自由泳最引人注目,而且竞争激烈。参赛的选手有 *E.coli chimaera*, *E.coli*, *V.alginolyticus(puller)*, *V.alginolyticus(pusher)*, *P.aeruginose*, *R.sphaeroides*, *R.rubrum* 和 *Y.enterocolitica*。细菌的运动器官主要是鞭毛或者纤毛,而鞭毛或者纤毛的运动主要通过钠离子泵或者质子泵来完成。通过激烈的竞争, *R.sphaeroides* 最终以2.02秒的成绩险胜 *E.coli chimaera* 的2.08秒获得金牌。

当然, *R.sphaeroides* 并不是自然界中游泳最快的微生物, 比如 *B.bacteriovorus* 能轻松游进 2 秒, 而一种海洋硫细菌 *Thiovulum majus* 能在 0.2 秒以内完成比赛。但是由于这些菌尚未被培养, 且大小不适合 100  $\mu\text{m}$  自由泳的泳道, 故而本届微生物奥运会 100  $\mu\text{m}$  自由泳的金牌获得者还是 *R.sphaeroides*。当然我们期待 2016 年奥运会会有更多优秀的选手参加比赛。比赛视频可以在 <http://www.nature.com/nrmicro/journal/v10/n8/suppinfo/nrmicro2837.html> 下载观看。

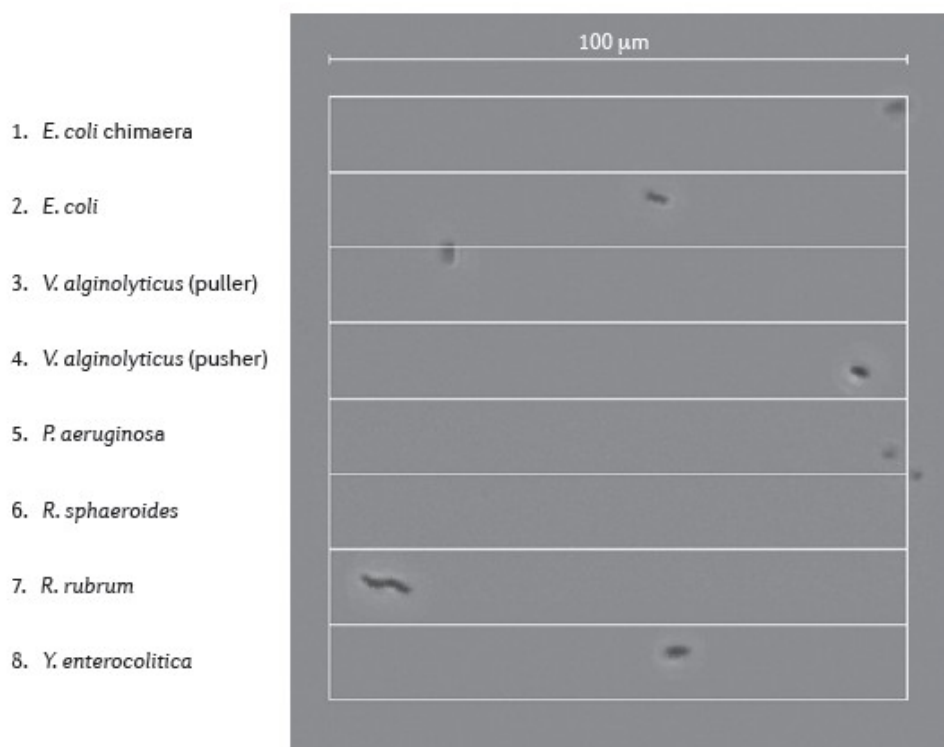


图 4 微生物奥运会 100  $\mu\text{m}$  自由泳决赛赛况

编辑: 郝纯

资料来源:

<http://www.nature.com/nrmicro/journal/v10/n8/pdf/nrmicro2837.pdf>

## 生命起源于淡水环境?

咸水可以给现代海洋生命提供一个舒适的生存环境,但是对于生命出现时的细胞来讲这种环境就比较苛刻了。这是最近在实验室研究中得出的一个令人惊讶的结论。该研究发现:在生命起源时期细胞膜在淡水环境中更容易形成,并认为生命应起源于古大陆内淡水湖泊,而不是深海咸水环境。

大多数情况下,生命的起源需要一个封闭的膜或囊泡来保护第一个化学链能够进行自我复制。最简单的囊泡是由亲水脂分子(双亲物)形成的,这种长链分子一端可以结合水和脂类,而富含碳的另一端具有排斥水的作用。两层双亲物可以结合形成的囊泡的壁,亲水一侧向外,而内层包裹着能够结合水和脂类的一端。囊泡内部的油脂链链接着两个层。这些囊泡能自发与来源于外太空烃类成分(如在地球早期彗星和陨石中包含的脂肪酸等)结合。

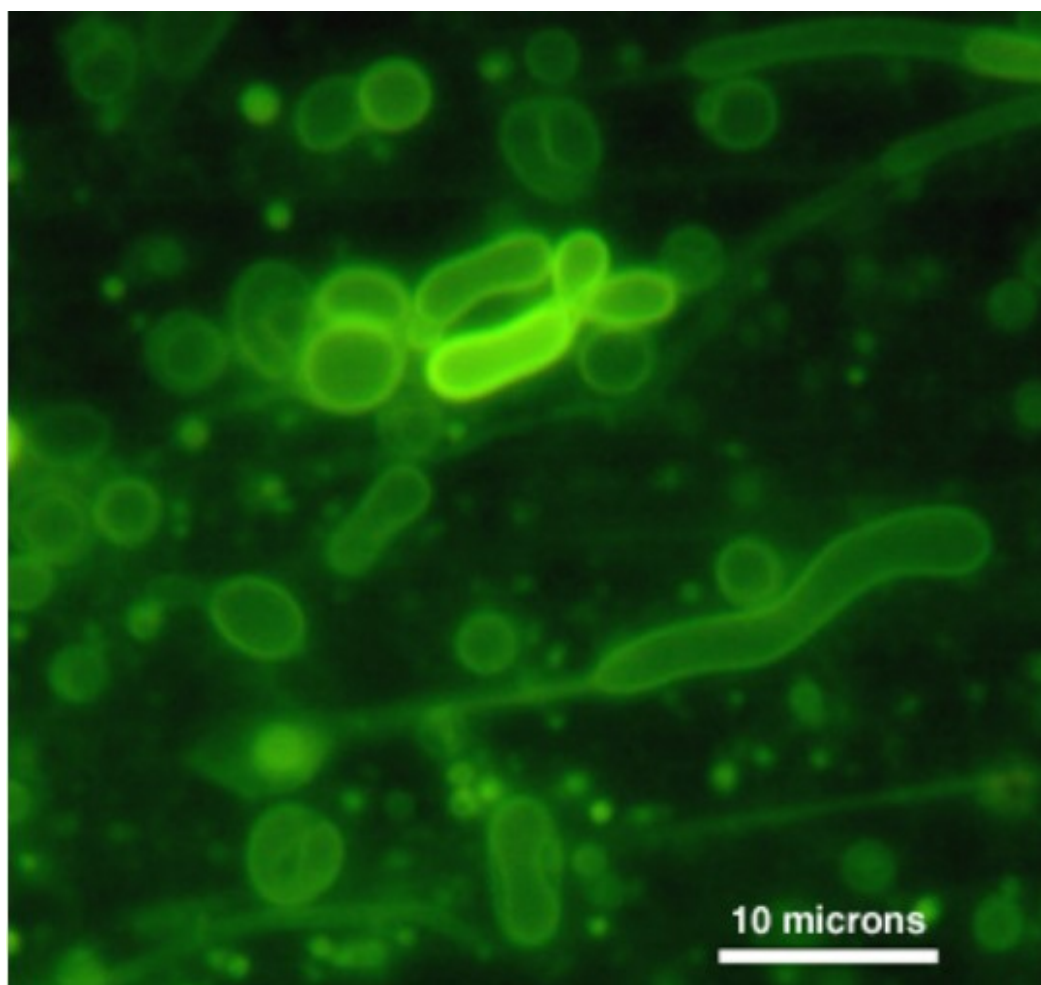


图5 由碳水化合物链形成的囊泡

为了研究这些烃类物质在何种环境中形成最初的细胞，由加州大学圣克鲁斯分校（UCSC）研究生 **Charles Apel** 领导的研究小组将这种囊泡置于不同的溶液中。在浓度较低的乙醇水溶液中可以形成稳定的囊泡。然而当该小组向溶液中加入氯化钠或者镁/钙离子(盐度低于当代海洋)时囊泡土崩瓦解。加州大学圣克鲁兹分校的生化学家 **David Deamer** 在 **Apel** 于 4 月 9 日举行的第二届天体生物学科学大会上发言时，也同意生命不能起源与海洋的说法。同时该小组的研究也将会在《*Astrobiology*》杂志上发表。华盛顿卡内基研究所的矿物学家 **Robert Hazen** 说：“我们通常都假定生命起源于海洋，但内陆淡水中看起来可能性更大”。坦佩亚利桑那州立大学的地质学家 **Paul • Knauth** 认为：地球早期海洋的盐度两倍于现今，更难有活的细胞产生。随着时间的推移，陆地巨型盐矿的形成使得海洋盐度降低。

编辑：徐荣德

资料来源：

<http://news.sciencemag.org/sciencenow/2002/04/15-03.html?ref=hp>

## 地球上第一个氧气利用者

如果不是数十亿年前一个微小的单细胞有机体开始利用氧气并依赖其生存,那么就不会有现在的人类生活在地球上。研究者还没有完全了解这一切什么时候发生?为什么会发生?但是一个科学家小组针对该问题取得了突破性的进展。他们已经找出已知最早的有氧代谢例证,该过程利用氧气为“燃料”。这一发现可能会给寻找地球上氧气出现的第一个地方提供一些蛛丝马迹。

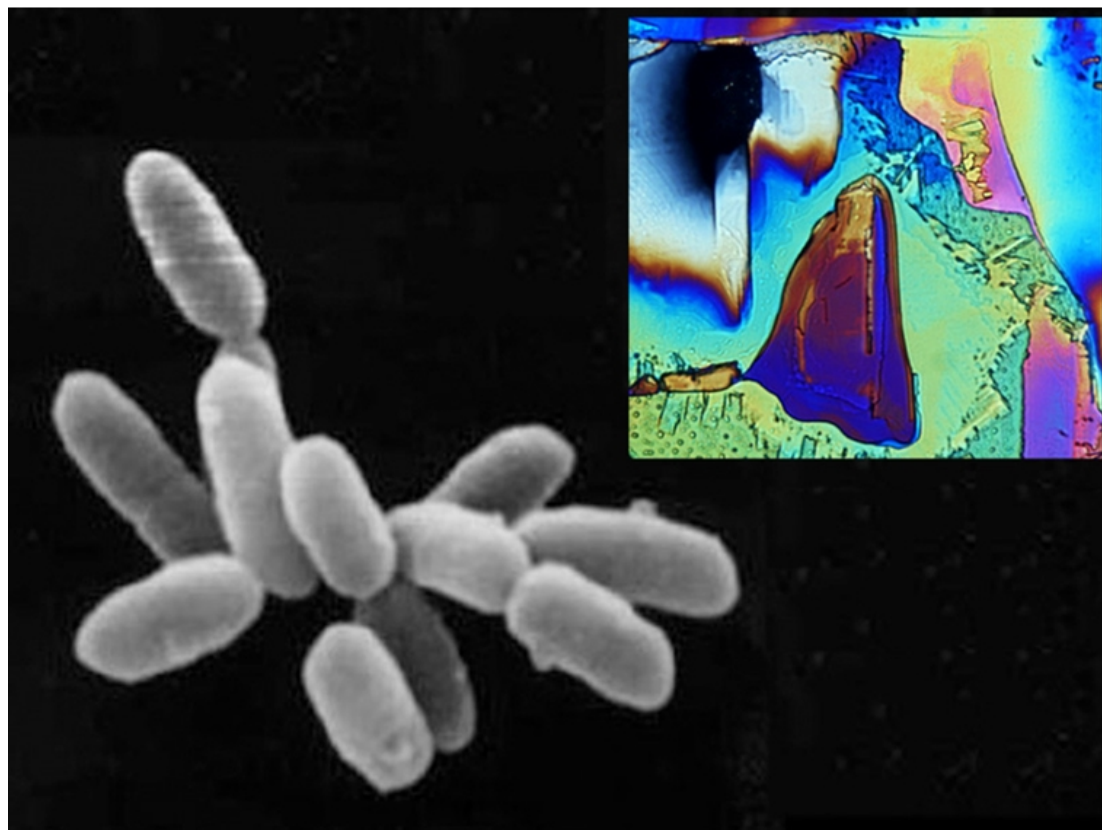
经过如此漫长的时间,伊利诺伊大学 Urbana-Champaign 分校的进化生物信息学家 Gustavo Caetano-Anollé s 和其在中国和韩国的同事做了一些分子侦探。他们搜集了所有的生物群体基因组(不包括病毒在内),重点研究被称为“域”的蛋白质片段。这些碎片有其独特的形状,不仅可以为识别蛋白质功能提供线索,而且可以基于其不同特点进行分类。就如同具有某些特点的维多利亚式房子有别于都铎式豪宅,研究人员可以根据它们的形状来区分不同的域。

Gustavo Caetano-Anollé s 认为:随着时间的推移,拥有多重域的蛋白质可以如同乐高积木般随意切换。但问题是这种混编能够掩盖某种域的进化起源。因此,他的研究小组只分析编码一个功能的单域蛋白质。研究人员希望只研究包含有氧代谢的域,这可以使他们能追踪这种过程的历史。

该研究小组通过建立单一蛋白质域进化顺序来研制一种分子时钟。Caetano-Anollé s 和他的同事们将这种顺序与地质时间联系起来。通过将完整蛋白质域外观与历史事件(如真核生物以及具有膜包裹的微孔结构生物体的大量出现)相结合,就能确定某个特定蛋白质域起源的大概时间。Caetano-Anollé s 承认分子时钟还不完美,甚至有时会出现严重错误。但是作为研究对象的“域”与特点地质事件之间具有很高的吻合度。

研究人员发现,最原始的有氧过程是一个生成吡哆醛或者维生素 B6 的活跃过程。该反应大约在 29 亿年前就发生了,并伴随产生一种被称为锰过氧化氢酶的物质来催化氧气的生成。这种酶可将过氧化氢分解成水和氧气。Caetano-Anollé s 推测这些早期生物体通过分解过氧化氢来获得氧气,同时生成维生素 B6。作者提出由于紫外线照射、冰川撞击等可以给原始的有机体提供一个充满大量过氧化氢的环境,这可以使其反应并生成化合物。

没有参与该研究的新泽西州罗格斯大学的生物地球化学家 Paul Falkowski 说：“就蛋白质域方面来讲，这是一篇非常好的论文”。但河滨加州大学的生物地球化学家 Timothy Lyons 对冰川产生高浓度过氧化氢的假设持怀疑态度。他认为：很少有直接证据表明在当时存在过氧化氢高峰期，但该研究在需氧代谢进化起源方面做出引人注目的努力。



研究人员认为这种在外形上与嗜盐菌相似的古生菌在 29 亿年前就可通过有氧呼吸作用产生活性维生素 B6（一种晶体结构，图 6）

编辑：徐荣德

资料来源：

<http://news.sciencemag.org/sciencenow/2012/01/the-first-oxygen-users.html?ref=hp>