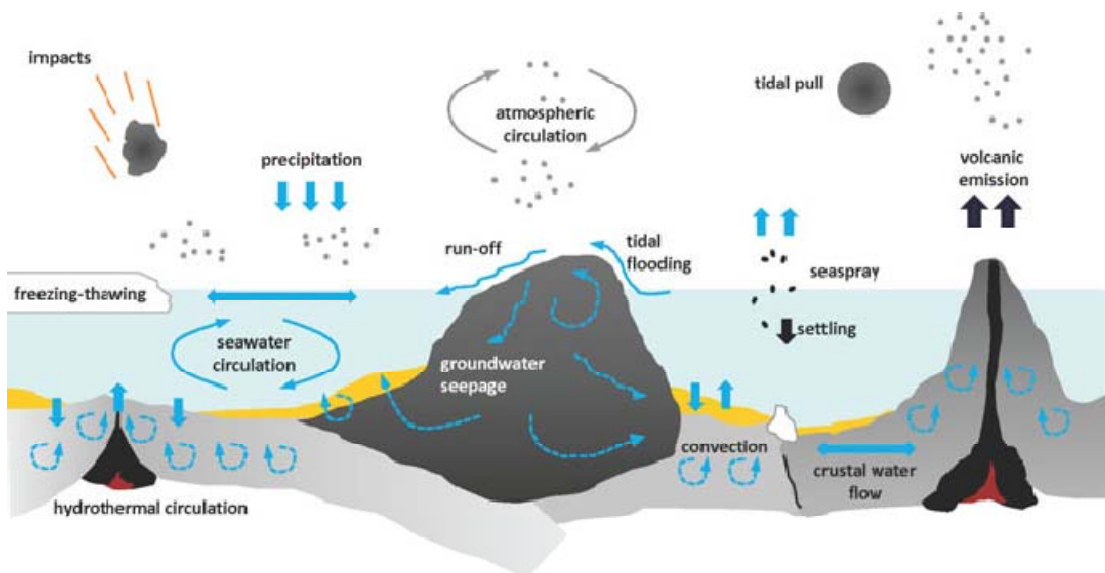


鑫亿泰地质微生物技术（北京）有限公司

# 地质微生物学研究进展

2013年3月1日

第2期（总第6期）



研发部编辑

鑫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

水环境烃污染的生物修复.....	2
口腔生物膜活细胞和死细胞的溴化丙啶法实时定量.....	3
大西洋洋流中微生物的甲醇吸收梯度.....	4
微生物对土壤干湿循环的响应研究 .....	5
随风进行洲际旅行的微生物.....	6
我们脚下的生命-地质微生物研究.....	8
能量极端匮乏下的微生物生命.....	9
生命起源于化学反应器吗? .....	13
泥火山微生物烃降解的局限性.....	17
页岩气渗漏:美国阿巴拉契盆地北部“不灭之火”.....	19
一种新的研究环境微生物多样性的生物标记物.....	20
高空大气层中存在大量微生物.....	21
温带气候条件下土壤生物结皮的有机碳动力学及化学组成.....	22
错误更正.....	23

封面图片: Hadean Earth 时期地球上不同环境发生反应的交换过程

## 专题

## 水环境烃污染的生物修复

科威特大学的研究者们于2012年10月《Environ Sci Pollut Res》上发表了一篇利用人工合成的生物膜对水环境中的烃污染进行生物修复的文章。

在本研究中,研究者们旨在利用多种微生物组合成一个稳定的微生物群落来对水环境中的烃污染进行微生物修复。他们组合了一种由固氮微生物和烃氧化菌组成的光营养人工生物膜。通过7个月的实验,从生物膜上提取DNA,对rRNA片段进行PCR扩增,然后进行DGGE条带分析,最终确定生物膜上的微生物群落组成。生物膜上含有的光营养生物属于 $\alpha$ 变形菌、微小的丝状蓝细菌(产氧光养细菌)、固氮螺旋菌 *Azospirillum*, 此外还包括两种烃氧化菌,  $\gamma$ 变形菌属 *Cycolcasticus* 和 *Oleibacter*。这些生物膜上共生的微生物拥有不同的生理学特征,使得整个微生物群落在营养上能自给自足,并且产生足够的氧气,这为水环境烃污染的生物降解提供了一个非常合适的共生环境。

生物膜放置在被原油污染的海水中,能够进行石油烃污染的修复作用。该生物膜上包括能利用脂肪烃和芳香烃的微生物,以及光合营养微生物和固氮细菌。光合营养细菌不断的提供分子氧给这些利用烃的微生物。分子氧直接参与到微生物破坏烃组成的起始阶段。光合营养菌也能够为烃氧化菌提供维他命和其他生长因子。目前,我们认为这样的生物膜能够在不同的环境下进行烃污染的生物修复作用,但是正如汽车有报废年限一样,这样的生物膜在连续进行多个微生物修复后是否仍然可用仍未确定。

编辑:李雪

资料来源: <http://rd.springer.com/article/10.1007/s11356-012-1251-z>

## 口腔生物膜活细胞和死细胞的溴化丙啶法实时定量

实时定量 PCR (qPCR) 广泛应用于环境和临床微生物样品的检测中, 但这种方法的主要局限是它不能区别活细胞和死细胞。最近, 利用溴化丙啶 (PMA) 和 qPCR 技术结合, 克服了这个难题, 并且对于不同微生物种属的不同类型的样本均取得了较好的结果。

西班牙的科学家们利用该技术来分析口腔生物膜的复合微生物死亡率, 主要成果发表于 2013 年 3 月的《AMB Express》上。本研究的目标包含了以下 5 种口腔微生物的生物膜: *Streptococcus oralis*, *Streptococcus gordonii*, *Veillonella parvula*, *Fusobacterium nucleatum* 和 *Prevotella intermedia*。实验表明, 通过对该生物膜上 5 种口腔微生物进行 qPCR-PMA 检测, 能够有效的对复合种群微生物的活细胞和死细胞进行定量。

溴化丙啶是碘化丙啶 (PI) 的一种衍生物。碘化丙啶通常用于显微技术和流式细胞仪中对死细胞染色, 该物质一旦进入到受损的细胞膜中, 就能与双链 DNA (dsDNA) 结合, 并且如果 dsDNA-PI 在 493nm 进行激发, 就能在 630nm 处发出荧光。PMA 与 PI 具有相同的特性, dsDNA-PI 的复合体就是光敏化的, 用可见光即可, 丙啶类物质转化为高度反应的氮原子很容易与任何烃形成稳定的共价键。这种对 DNA 永久性的改变不利于作为 PCR 的反应模板。这样的结构就如同给 DNA 双链分子上了一副手铐, 使之不能再进行 PCR 反应。因此, 用 PMA 进行预处理过的样本不能对死细胞 DNA 进行扩增反应, 因此就能够通过 qPCR 的方法分别对活细胞和死细胞进行定量。

编辑: 李雪

来源: <http://www.amb-express.com/content/3/1/1>

## 大西洋洋流中微生物的甲醇吸收梯度

一直以来甲醇的地球化学过程以及其在海水碳循环过程中的重要性没有得到很好的研究。直到近期,来自英国普利茅斯海洋实验室和英国东安格利亚大学的科学家们首次研究了大西洋富生产力的沿岸上升流和寡营养的环流中微生物的甲醇吸收梯度,并将研究结果发表在了2013年第7期的《The ISME Journal》杂志上。

研究者们发现,沿岸上升流水团中微生物的甲醇同化速率高达  $10\text{nmol l}^{-1}\text{d}^{-1}$ 。从平均值来看,上升流中微生物的甲醇同化速率比大西洋开放的北温带水团中的高11倍,比环流水团中的高8倍,比赤道上升流中的高4倍。这表明在上升流水团中(可达到水下20m)含有一些能够从甲醇中摄取大量碳源( $0.3\text{--}10\text{nmol l}^{-1}\text{d}^{-1}$ )来支撑它们生长的微生物。而在大西洋开放海域中微生物的甲醇吸收量则非常的低,平均为  $0.04\text{--}0.68\text{nmol l}^{-1}\text{d}^{-1}$ 。并且在毛里塔尼亚沿岸上升流中的微生物能够将海水中甲醇总量的57%同化成碳源摄入到细胞中,而在赤道上升流中的微生物只能利用甲醇总量的12%,在开放的北温带海域和寡营养的深海环流水团中的微生物只能利用甲醇总量的1%。

通过PCR扩增微生物甲醇氧化关键酶即甲醇脱氢酶基因(mxaF),研究者们从大西洋公海海域海水中鉴定出了几种甲基营养菌,包括 *Methylophaga* sp., *Burkholderiales* sp., *Methylococcaceae* sp., *Ancylobacter aquaticus*, *Paracoccus denitrificans*, *Methylophilus methylotrophus*, *Methylobacterium oryzae*, *Hyphomicrobium* sp.和 *Methylosulfonomonas methylovora*。

最后研究者们还发现,在上升流中甲醇的吸收率与叶绿素a的含量和甲醇的氧化速率有非常好的相关性。这表明可以通过遥感检测叶绿素a的图像来推测这些区域中甲醇的生物消耗率。这对于大气和海洋气候活性气体建模研究者,以及海气交换研究者们来说是一个非常有用的工具。

编辑: 盖永锋

资料来源:

<http://www.nature.com/ismejjournal/v7/n3/full/ismej2012130a.html>

## 微生物对土壤干湿循环的响应研究

气候变化如极端干旱、降雨以及降雨的强度和模式的变化能够对土壤水分产生极大的影响。气候变化能够引起土壤干湿循环的强度和频率发生急剧的变化,并且气候变化的这种影响在干旱、半干旱和地中海地区尤为常见。土壤干湿循环过程是一种自然现象,当干燥的土壤变湿润时,土壤中微生物的生物量及其活性会在短时期内发生急剧的增加,从而使大量的气态碳和氮从土壤中释放出来,这种现象被成为“Bitch 效应”。土壤干燥再湿润循环过程会对土壤微生物产生直接或者间接的影响,而土壤微生物对土壤干湿循环过程的响应则在陆地生态系统的反馈机制中起到了非常重要的作用。

近期来自中国科学院的学者们从土壤微生物的生物量、生物活性和群落结构三个方面总结了有关土壤微生物对土壤干湿循环过程响应的研究进展,并将研究结果发表在了2013年2月份第1期的《Acta Ecologica Sinica》杂志上。根据文献综述,土壤微生物对土壤干湿循环过程的响应存在五种机制:(1)生物压力机制:当土壤变干燥时,微生物必须快速积累可溶性的溶质如糖类和氨基酸等,这样土壤微生物才能够与外界环境保持渗透压平衡,避免脱水死亡。而当土壤变湿润时,土壤微生物必须快速的将它们转化成二氧化碳、可溶性有机碳和营养物质,以防止过多的水渗透到细胞内。(2)基质供给机制:低的土壤水分会使土壤团块受到物理破坏,从而导致新的土壤表面和原来被保护起来的有机质暴露出来。当土壤再次湿润时,其物理结构会因膨胀而受到进一步的破坏,而新增加的土壤表面和原先被保护起来的有机质会给土壤微生物提供有效的营养物质。(3)土壤疏水性机制:土壤的疏水性会导致土壤水分和营养物质的有效性降低,从而抑制微生物对土壤有机质的降解。因此土壤的疏水性是影响土壤干湿循环过程中微生物活性的一个重要因素。(4)扩散限制机制:土壤微生物的扩散运输仅发生于干燥的土壤中。当土壤水分增加时,土壤微生物的活性随着基质养分的增加而增强。(5)捕食机制:湿润的土壤通常会有利于细菌和真菌种群的增加,而相应的原生生物和线虫类的数量也会增加,从而会导致土壤微生物群落结构发生波动。

编辑: 盖永锋

资料来源: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1872203212000674>

## 随风进行洲际旅行的微生物

现代的工具使人们进行洲际旅程成为可能,其实在现代交通工具发展起来之前,小小的微生物已经可以洲际旅行了,不过它们的交通工具是跨越各个大洲之间的风。近期,美国华盛顿大学的科学家在高空收集了季风中的微生物,并对其进行了分析,揭示微生物是怎样乘风从亚洲旅行到北美洲的,相关结果在线发表于2012年12期的《Applied and Environmental Microbiology》。

单个的微生物细胞在空气中是无法存活的,微生物需要依附于空气中的尘埃、细小的土壤等介质才能存在于空气之中。所以从一些干燥的地区吹来的风总是会带来很多的微生物,这主要是因为这些风会吹起并带来很多的表层土和尘埃。显然,在近地表,风能将尘土夹杂着微生物从一个地方运输到别的地方。但是,能带着微生物进行洲际旅行的风必须是距地面很高的,位于高海拔空间的风。每年春天,风都会将来自遥远亚洲大陆的灰尘、烟及污染物带到北美洲,当然这会花费掉7到10天的漫长时间。据估算,每年从亚洲随风吹到北美洲的尘土足足有64万亿克。

华盛顿大学的科学家于2011年春季,在俄勒冈州的Bachelor山顶天文台(海拔2800米)两次收集了高空空气样品,并对其中的微生物进行了分析研究。第一次从4月22日2点开始持续51个小时,第二次从5月12日开始持续了80小时(图1)。

每次实验,科学家都收集了风来临之前、之中及之后的样品,并使用基因芯片技术对其中的微生物组成进行分析,用定量PCR技术对总的细菌含量进行分析,同时也对一些可培养微生物进行了培养鉴定。研究结果表明,第二次风(5月份)中细菌含量要高于第一次(4月份),大概是其两倍。微生物组成的研究表明,很多微生物(特别是变形菌、放线菌和厚壁菌)存在于风来临之前、之中和之后的样品中;部分细菌和海洋古菌仅存在于风来临之中的样品。

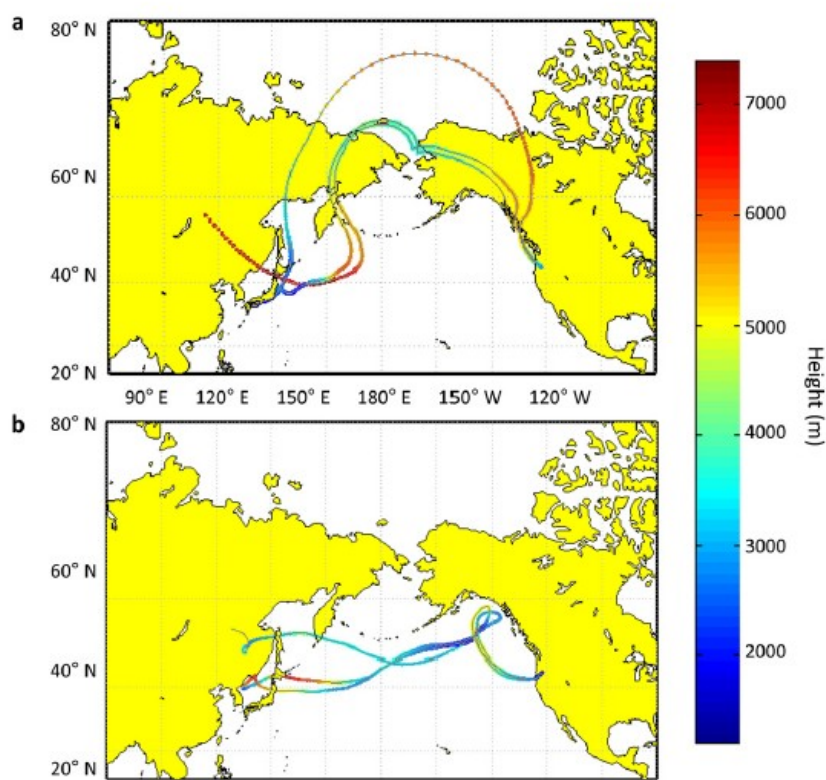


图1 通过综合大气化学, 大气微生物数据后绘制的两次风轨迹。

彩色标尺代表风的海拔高度。

这项研究还表明, 通过综合大气物理、大气化学及微生物地理的研究结果, 科学家完全可以判断出跨越大洲的风的来源。

编辑: 郝纯

资料来源: <http://aem.asm.org/content/79/4/1134>



## 我们脚下的生命-地质微生物研究

我们星球上的土壤及其中的微生物控制了许多重要的自然过程,比如植物的生长或者碳元素的循环。分子生物学分析技术极大推动了微生物群落结构的描述,但是我们怎样才能更多地了解微生物的生态功能呢?2013年2月7日出版的《Nature》杂志论坛专栏刊登了两位科学家就这个话题的讨论文章。

近年来,有关地质微生物的各种“组学”研究越来越热门,基因组、转录组、蛋白质组、代谢组学研究的的数据也越来越多,但是我们应该明白一点:这些各种“组学”研究本身并不是科学研究,它们更像是一种工具,它们与其他传统研究技术方法的差别仅在于它们可以提供海量的数据,这些数据有可能丰富我们的知识。

现在常用的非培养分子生物学研究技术可以获得很多未培养微生物的基因组信息,但这些未培养微生物就像是地球上的“未知星球”一样。从某种角度来说,天文学家和微生态学家十分相似,宇宙中有大约 $10^{24}$ 颗星星,地球上大约有 $10^{30}$ 个微生物,可以说发现一种具有特殊功能的微生物与发现一颗新的星球同样有趣,而这两个领域都需要大量的数据和超级计算机来支持研究。在微生态领域,用于分析这些海量数据的资源和方法已经成为制约学科发展的瓶颈。

虽然现在如同测序这样的高通量微生态研究很多,但是很多研究并没有提升我们对于生态系统及微生物功能的认识。造成这种情况一个可能的原因是现在的研究过多强调了对土壤-微生物生态的描述,而缺少对于其机理验证性的研究。通过描述性的研究得到的假设缺乏价值,这样的研究不会提升我们对自然的了解,除非这些假设被实验所证实。

在微生物地球化学勘查技术体系中,检测样品并获得MV值就如同对于自然中微生态的一种描述性研究。根据这种描述性研究的结果,综合地质学、地球物理学和地球化学的研究结果,对研究对象的含油气性进行科学推断才能达到充分了解自然的目的。

编辑: 郝纯

资料来源:

<http://www.nature.com/nature/journal/v494/n7435/full/494040a.html>

## 能量极端匮乏下的微生物生命

生活在陆地地表以下和洋底深部的微生物占了地球细菌和古菌的很大部分,而这些环境中微生物的能量供给比正常的生物要低数个数量级。最新的统计表明生活在深部生物圈的微生物细胞数达到  $3 \times 10^{29}$ , 这些微生物很难培养, 我们对他们的生理特性知之甚少。这些生活在寡营养稳定环境中的微生物比营养丰富环境中的模式生物, 代谢速率要低 4 到 6 个数量级, 时间尺度上生物量的更新周期需要数个世纪甚至上千年, 而维持生命所需的能量通量则要低上千倍。

来自美国的学者 Hoehler 和 Jørgensen, 对深部生物圈中微生物如何获取能量、如何生存等问题进行了综述, 文章发表在 2013 年 2 月《Nature Reviews Microbiology》上。

我们对微生物生理学的认识, 大都是从分批培养的微生物细胞中获得的, 而地球上生存着的微生物的细胞周期远不止如此(图 2)。

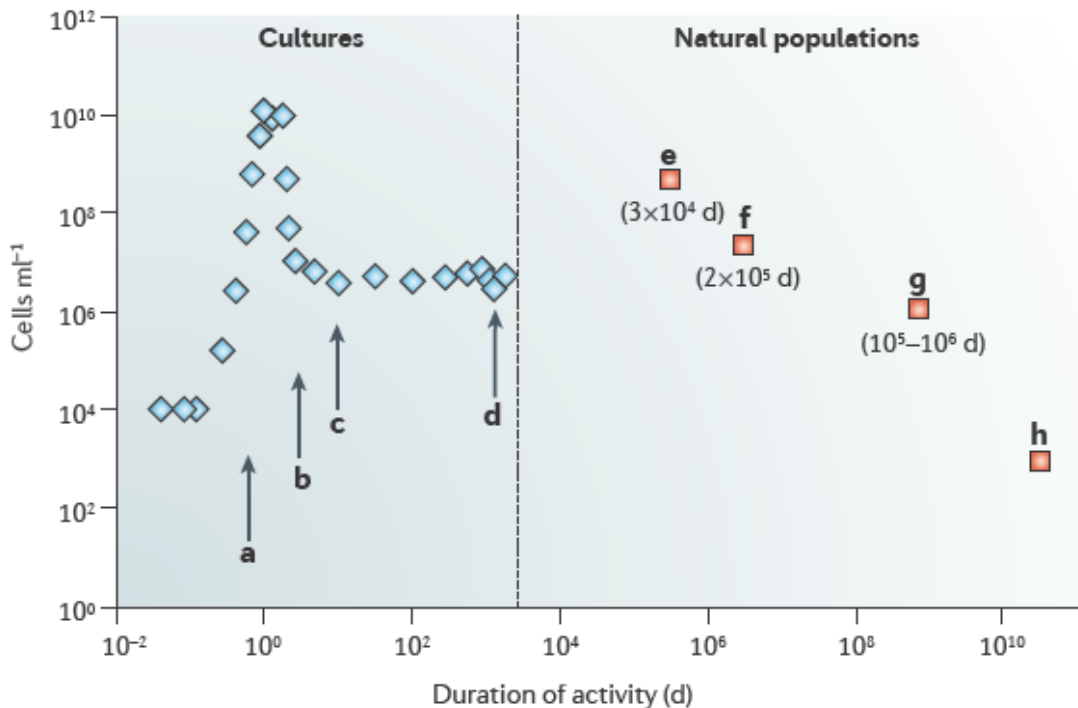


图 2. 培养和自然状态下, 微生物的生长时间、种群大小和生物量更新周期  
图中蓝色点代表的是假定一个 1 小时能繁殖一代的微生物分批培养测量值。红色点反应的是自然状态下的测量值。(a) 1 天: 对数生长期结束; (b) 3 天: 传统的分批培养细胞生活周期结束; (c) 10 天: 稳定期生长优势突变体出现; (d) 5 年: 已研究过的延

伸稳定期的细胞持续活性; (e) 500年: Aarhus湾海底以下20cm沉积物; (f) 5000年: Aarhus湾海底以下3m沉积物; (g) 2百万年: 秘鲁边缘海底以下100m沉积物; (h) 86百万年: 北太平洋环流区海底以下30m沉积物。我们对微生物生理学的认识基本来自于a附近的细胞, 而地球上大部分的细菌和古菌细胞是e-h。

早先发表文章测定平均细胞特定代谢速率是通过测量一个群体总代谢过程和细胞总数估算出的平均值, 用这种方法计算出的特别是极端深部地下环境中的微生物代谢速率是很不准确的。早期取样扰动和污染问题很难避免, 虽然现在的钻探和取芯技术解决了这些问题, 但一些传统的挑战如体积的测量和细胞数的定量仍旧难以顺利解决, 所以每一种测量方法都要去平衡这些参数造成的影响。

Whitman (1998) 尝试用细菌和古菌细胞数来推测全球生物量, 同时推测生物量更新的时间, 令人惊奇的发现这些细胞平均的更新周期达到了1000年! Parkes (1990) 用 $^{35}\text{S}$ 标记的硫酸盐进行培养实验来测量ODP秘鲁海岸钻孔岩心中微生物代谢硫酸盐的呼吸速率, 发现在1.5m深处峰值可达到 $0.46\text{nmol SO}_4^{2-}\text{cm}^{-3}\text{d}^{-1}$  ( $\text{SO}_4^{2-}\text{cm}^{-3}\text{d}^{-1}$ 单位以下省略), 同时测量的细胞数为 $1.3\times 10^9$ , 通过假设得出的细胞特定碳代谢速率为 $4\times 10^{-4}\text{fmol}$ , 细胞的更新周期为30年。

自然体系中测量代谢速率可以通过直接测量化学转换或者通过浓度随深度变化与代谢通量来计算, 微生物细胞总数可通过DNA荧光染色来统计。目前为止, 只有很少文献同时定量了海底沉积物环境中细胞呼吸速率和细胞总数。有学者测量了北极、波罗的海和黑海海底硫酸盐还原速率和硫酸盐还原微生物的量(图3), 发现在三个地方表层生物扰动层, 平均细胞特定代谢速率均为 $0.1\text{fmol}$ 。在波罗的海奥尔胡斯湾年龄为5000年, 深度为10-300cm处, 单位沉积物硫酸盐还原速率下降了大约5个数量级, 硫酸盐还原菌的数量却只下降了2个数量级, 平均细胞特定代谢速率下降了3个数量级从 $10^{-1}$ 下降到 $5\times 10^{-4}\text{fmol}$ , 而同时作为对比的使用氢气或醋酸纯培养的硫酸盐还原菌的代谢速率则为 $2-47\text{fmol}$ 。

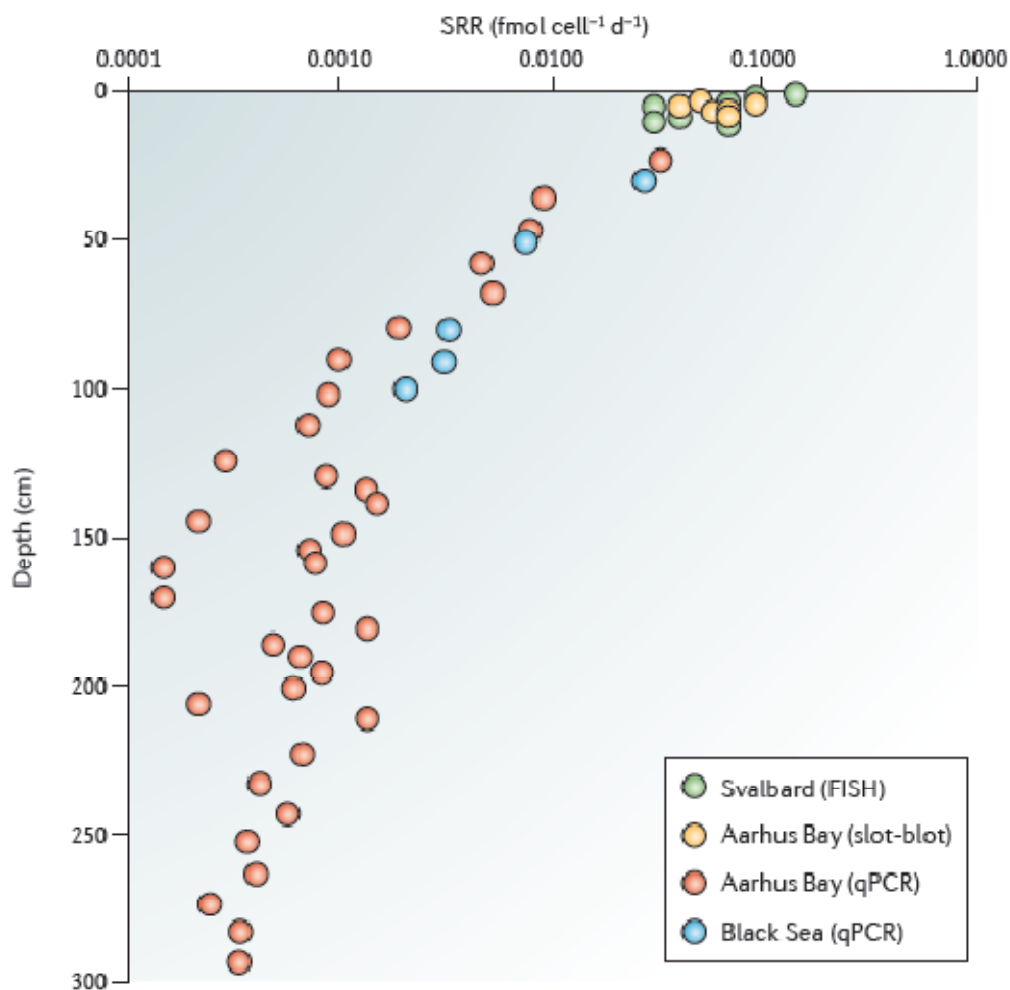


图 3. 三个不同地区海底沉积物中硫酸盐还原菌平均细胞特定代谢速率

所有的样品硫酸盐还原速率均以  $^{35}\text{S}$  作为示踪进行的测量, 细胞数量通过 DNA 或 RNA 定量。绿色点: 200m 水深; 黄色和红色点: 16m 水深; 蓝色点: 1000m 水深。

图 4 展示的是  $-5^{\circ}\text{C}$  到  $20^{\circ}\text{C}$  纯培养的海底表层和深层沉积物中硫酸盐还原微生物细胞碳更新速率。纯培养的硫酸盐还原细菌细胞繁殖一代的时间需要 1 天到数周时间, 而在大多数海底有新的有机物沉淀的沉积物表层, 虽然无脊椎动物的扰动刺激了有活性的微生物生长, 但测得他们的细胞繁殖时间大约为 1 年。这说明即使在具有很强活动性的自然状态中, 微生物群落的生长速率也要比实验环境低 100 倍, 对那些极度营养匮乏的深部生物圈来说, 就可想而知了。

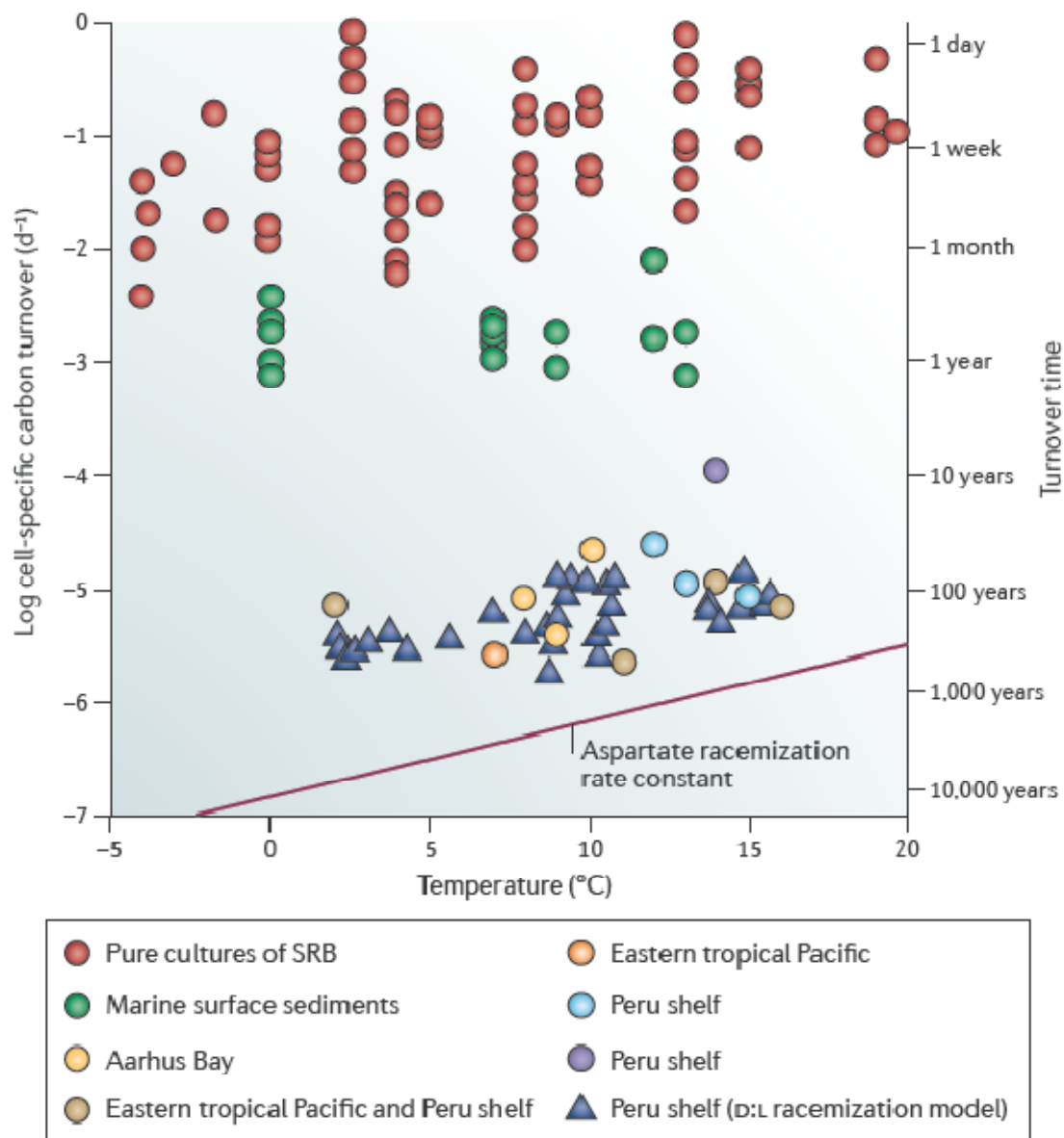


图 4. 海底硫酸盐还原微生物平均细胞特定碳更新

左侧坐标的速率：摩尔消耗碳/(摩尔细胞·天)。右侧坐标是根据每天细胞碳更新的数据计算出的相应的更新时间，对纯培养物来说这个更新时间与实际的世代时间是一致的。

编辑：张勇

资料来源：

<http://www.nature.com/nrmicro/journal/v11/n2/abs/nrmicro2939.html>

## 生命起源于化学反应器吗?

关于生命起源的问题经过几十年试验和理论研究,证实了有机质在适当的化学和物理条件下可以被合成并聚合,但是这些条件经常是相互排斥的,它们很少在一个单独环境中同时存在。目前为止还没有令人信服的模型来解释非生命的成分是怎么形成细胞的。来自华盛顿大学的学者们提出了一个生命如何从 Hadean Earth 起源的假说,这一成果发表在 2013 年第 2 期《Geobiology》上。

Stüeken 等综合了之前的研究并把它们总结为 4 点:(i) 有助于生命起源的各种环境条件,不需要在时间或者空间上支持最早的微生物群落生存;(ii) 生命出现之前的反应体系中矿物催化是促成现代新陈代谢的关键,它们为合成大分子和高能量物质提供了高浓度的有机成分;(iii) 复杂的当地和全球运输过程是连接这些不同地点发生的反应所必须的。地表和地下循环体系转运各种在特定条件下合成的有机质到其他环境并发生进一步的反应;(iv) 全球多样性和当地反应物和产物的缺乏是前生命化学的关键,地球初期独特的环境或许适合将一些重要的物质产物混合使得它们相互作用。

他们得出的结论是:任何单独的环境都无法为生命起源提供足够的化学和物理条件多样性,所有可能解释生命起源的模型都必须认可地质的复杂性和多样性。

催化剂能通过降低化学反应的活化能增加反应速率。现代生物化学过程中蛋白质常作为最初的催化剂,而在无生物催化剂的地球初期,矿物扮演了这个角色。当时大量的特殊矿物受地质和氧化还原过程所控制,具有不同物理化学性质的微环境和矿物集合体大大增加了初始反应的催化(图 5)。

几乎可以肯定在地球早期海洋形成后很快就会出现大量相互联系的微环境。海洋的年龄和范围是未知的,但通过锆石证实的地球表面的液态水的年龄是 44 亿年,地质学的证据证实的生命年龄可以推回到 35 亿或者 38 亿年,因此可以推断生命的起源很可能发生在太古代(35-38 亿年)或者 Hadean eon(38-45 亿年)。虽然没有直接证据对微环境的存在得出更详细的结论,但通过推断和模型可以识别出 8 类生命起源初期的微环境(图 6)。

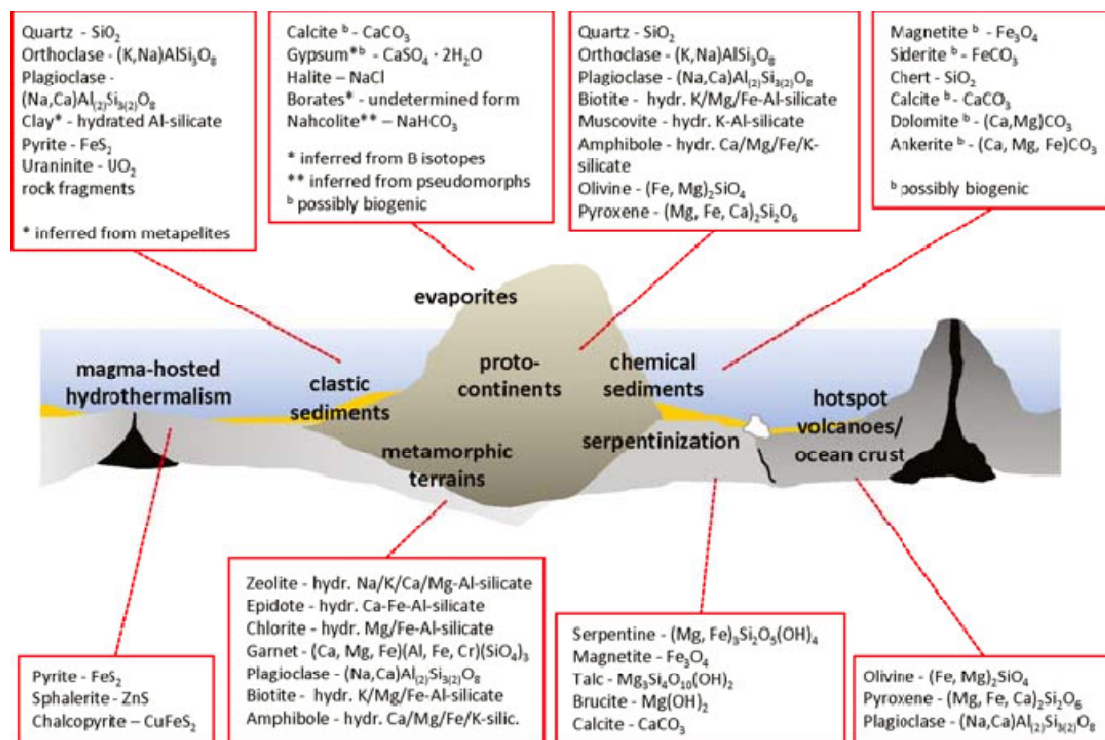


图 5. 通过地质记录推测的地球初期一些主要和重要的矿物

Stüeken 等人划分出的 8 类微环境分别是：

- 1) 大气 (图 6A)。
- 2) 陆地水体 (图 6B)
- 3) 滨海 (图 6C)
- 4) 海冰 (图 6D)
- 5) 海洋表面微表层 (图 6E)：指的是海洋表面和大气相互交接的 1000μm 的空间。
- 6) 海底沉积物 (图 6F)
- 7) 热液系统 (图 6G)
- 8) 洋壳 (图 6H)

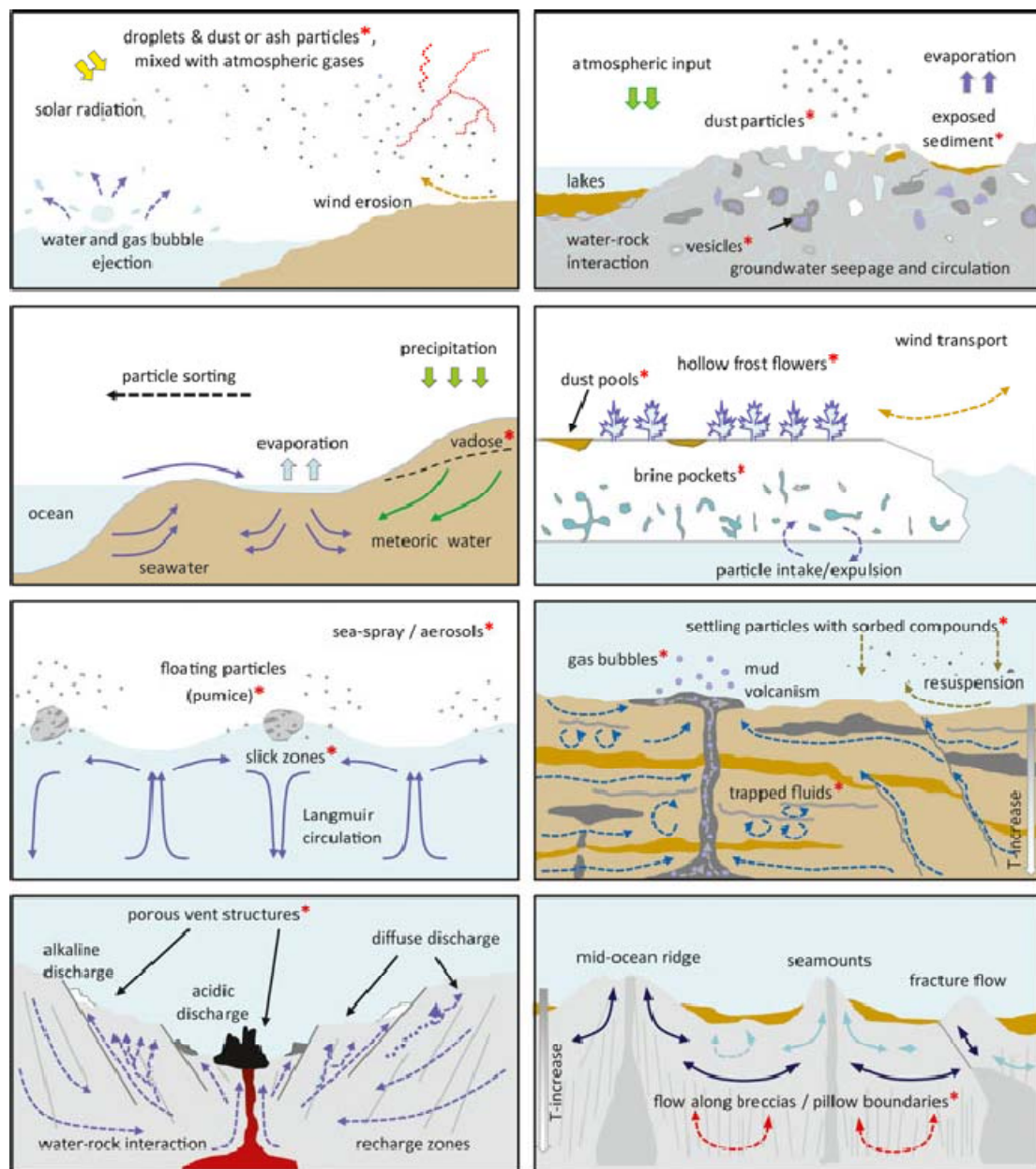


图 6. 生命形成初期与生命起源相关的微环境和它们的物理化学性质

(红色星号标出的是可能浓缩反应物的微小空间)

如果生命起源是全球性的复杂环境现象，那么生命出现前运输过程对反应物和产物的交换来说就显得尤为重要。作者提出了一套 Hadean Earth 时期可能支持联系洋壳、沉积体、海洋、陆地和大气非生命反应的机制（图 7）。这些交换过程涵盖了局部和全球性的过程，主要分为大气运输、海洋循环、河川径流、空气和水团对流、灾变性事件等。



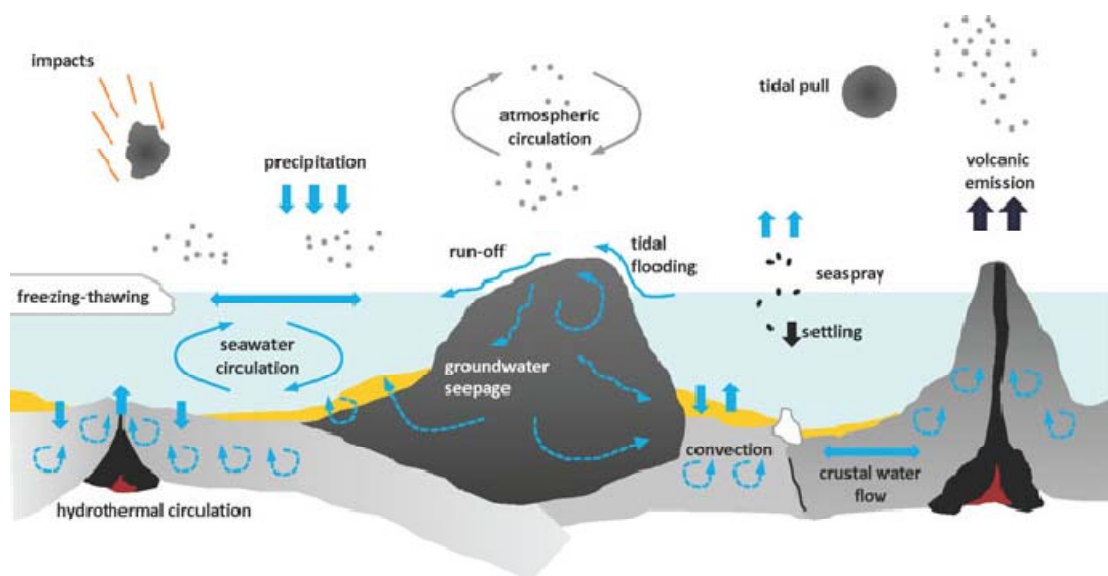


图 7. Hadean Earth 时期地球上不同环境发生反应的交换过程

实验室人为地重塑更多生命出现之前的过程,是以后对生命起源研究很迫切的需求。如果生命起源是一件全球性或者至少是区域性的现象,那么在真实的实验环境中进行模拟研究就会更富有挑战性。同时,对全球化学反应器假设所发生的过程,也可以通过更深入的对地球化学梯度和更严格的对不同环境中矿物催化剂的限制来进行证实。

编辑: 张勇

资料来源: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/gbi.12025/abstrac>

## 泥火山微生物烃降解的局限性

以尼罗河深海扇海底泥火山为例, Felden 等人对微生物烃降解进行了研究, 研究成果发表在 2013 年第 10 期《Biogeosciences Discussions》上。

尼罗河深海扇是全球最大的深海扇, 面积达 9 万 km<sup>2</sup>, 是巨大的海底油气储集库。亚蒙神(Amon)泥火山位于水深 1120m 的海底, 直径约 2km, 火山最高处高出周围海底约 90m, 是一座海底活火山, 持续不断向水体中排出甲烷和非甲烷烃类流体。

早先对此地的研究基本上是对火山进行测量和观察, 或者是对选定的生物生存环境进行微生物群落组成的调查。通过海底观察和微测深发现亚蒙神泥火山区可以分出四种生境: (I) 丘顶中央; (II) 菌席; (III) 生物丘; (IV) 火山底部侧面被称为“硫磺带”的泥流(图 8)。

之前的研究显示在泥火山中心排出的含硫酸盐和含烃的流体中, 厌氧的烃降解微生物群落的降解效率是很低的。通过对比三年在时间和空间上对原位的地球化学通量、温度梯度、孔隙水组成和微生物活性的调查结果, 作者分析了在如此高能量输出的环境中, 为何厌氧微生物的烃降解活性会那么低。

研究表明, 在泥火山顶中央和基底侧面的泥浆流, 新暴露出来的热泥浆中, 缺少具有活性的降解微生物。在这些高度扰动的区域, 甲烷被厌氧消耗的量不及所释放出甲烷总量的 2%, 而高的氧气消耗速率和低的硫化物产量则表明, 在这些扰动区耗氧的烃降解速率更快一些。与之相比, 在中央周围稳定的泥浆和流体管道中则寄宿着更多的厌氧烃降解微生物。

作者通过三年的研究发现, 在渗漏点的细胞数和烃降解的活性均有所增加。得出的结论是: 亚蒙神泥火山烃降解微生物的活性在烃渗漏区被热和泥浆的排出所限制, 在周围区域则被烃的运移所限制。

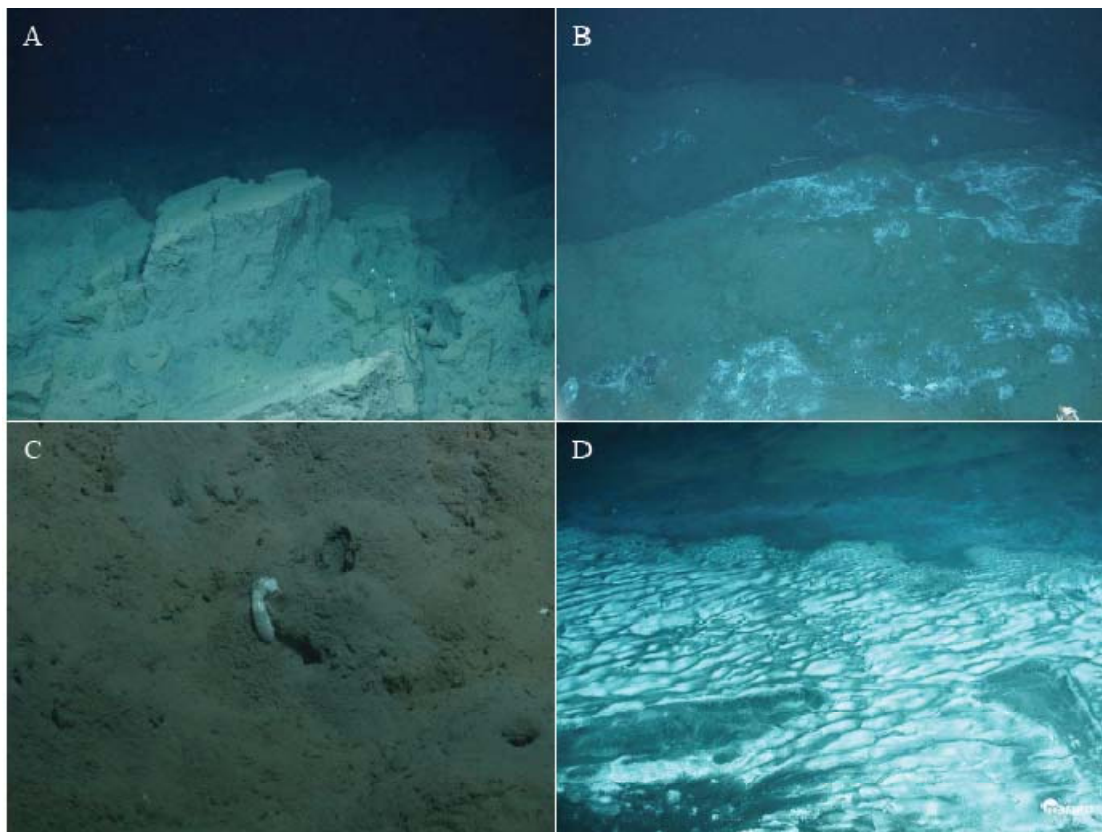


图 8. 亚蒙神泥火山不同的冷泉环境

(A) 2006 年气体逸出使得火山丘顶部(中心带)测量的高度出现了几米的异常;(B) 丘顶中央周围海底变得平整,有菌席覆盖泥丘;(C) 由小虾组成的高达半米的生物丘是泥火山区最大的生境;(D) 亚蒙神泥火山一个特有的地方就是在泥火山外缘有硫化物泥流(sulfur band)。

编辑: 张勇

资料来源:

<http://www.biogeosciences-discuss.net/10/335/2013/bgd-10-335-2013.html>

## 页岩气渗漏：美国阿巴拉契盆地北部“不灭之火”

油气系统渗漏的一个地表表现方式就是地表的烃类气体渗漏，在该过程中，烃类气体沿着断层从压力储层上升到地表。但是对于页岩气，是否存在同样的渗漏情况呢？

在纽约州西部有着奇特的“不灭之火”现象，这种现象的火焰据记录已燃烧了数百年甚至千年。而这也就是由深层热成因的页岩烃源岩的宏渗漏造成的，但是这和常规油气系统中油气渗漏系统很不一样。

来自罗马尼亚 Cluj-Napoca 大学 Giuseppe Etiope 教授和印第安纳大学 Agnieszka Drobnik 教授通过对阿巴拉契盆地地区储层气体地球化学资料和下伏页岩的地层学资料的综合研究表明，该地区的渗漏气体是由泥盆系页岩热成因形成的，没有其他的常规油气系统干扰。该地区渗漏的主要火焰区每天大概渗漏 1Kg 左右的甲烷，同时据已有报道证实天然气渗漏最高的乙烷和丙烷，高达 30% 体积浓度。相同成分的气体也从附近以不可见的方式渗漏到地表。这一研究发现发表在 2013 年 2 月的《Marine and Petroleum Geology》上。

而该研究团队通过对宾夕法尼亚州另外一个“不灭之火”的分析结果显示，该地区的气体是从一个常规砂岩油藏渗漏形成的，同时该渗漏可能不是自然的，而是从附近没有记录的或者废弃的油井或者气井来的。

纽约州的大量气体渗漏现象暗示着该地区地下存在压力气藏，构造运动改造过的页岩系统看起来具有自然裂隙发育的特点，这为烃类勘探提供了目标。同时，这种经过构造改造的系统中的气体开采过程也不需要大范围的人工压裂来实现。本文对我们在非常规油气勘探方面提供了一些基础的研究资料，但是同时也证明了，在页岩气区，烃类的渗漏是同样存在的。另外，本文的研究结果也给了我们一些新的启示，在页岩气的勘探方面，宏渗漏的识别也是一个有效的方法。编辑：邓诗财

资料来源：

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264817213000378>

## 一种新的研究环境微生物多样性的生物标记物

*rpoB* 基因(编码 RNA 聚合酶  $\beta$  亚基的基因)是一个潜在的替代 16S *rRNA* 基因的生物标志物,由于缺乏有效的引物,在很长一段时间被限制,不能用来做环境微生物调查。

来自厦门大学的学者基于 *rpoB* 基因设计了新的引物,采用传统的基因建库方法,在三个不同环境的水样中进行了测试。成果发表在 2013 年第 2 期《*Geomicrobiology Journal*》上。

研究表明,利用 *rpoB* 基因检测环境微生物,在不同的环境中区分出了不同的生物多样性组成。相比以前 *rpoB* 基因的报道,他们使用该引物鉴定出了包括  $\alpha$ ,  $\delta$ -变形杆菌、浮霉菌、微疣菌、绿弯菌、硬壁菌门和放线菌在内的多种微生物,大大扩展了 *rpoB* 基因在环境微生物调查中的应用范围。

最重要的是,使用新设计的 *rpoB* 基因引物进行克隆建库的方法,是对传统的 16S *rRNA* 基因上通用引物 27F 和 1492R 进行微生物多样性调查的有力补充,该基因和相应的引物,在微生物门、纲、目、科和属水平上都能成功鉴定。这说明 *rpoB* 基因和引物为下一代测序技术和环境微生物调查,提供了有力的补充,是一类可供选择的生物标记物。

编辑:郭特

资料来源:

<http://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/01490451.2011.653090>

## 高空大气层中存在大量微生物

每一年都会有亿万吨的灰尘、水以及人为污染物以各自不同的途径进入大气中,并通过空气急流在大陆上空迁移。最近研究证实,一些微生物也混迹于大气中并随之“旅行”,在此过程中数以亿计的细菌和其他生物体“播种”在大气层中,这可能会对气候造成一定的影响。更重要的是,一些高空飞行的生物体实际上可以从云彩中获得养分并形成比陆地表面微生物更加活跃的生态系统。

该发现是一个来自于美国乔治亚州亚特兰大理工学院以 **Natasha DeLeon-Rodriguez** 为首的科研小组在美国国家航空和宇宙航行局对飓风 9 次研究时借助其航班而开展的,他们的研究报告在线发表于近期的美国《国家科学院院刊》上。之前在位于山顶上的相关研究表明研究人员可能在高海拔地区发现了微生物,但是目前还没人尝试分类记录漂浮于海洋表面的微生物,更不用说在热带风暴中做相关研究了。毕竟,在飞机穿越飓风的时候采集空气样品是非常不易的一件事情。

尽管存在技术挑战,但研究人员还是设法收集了加勒比海、美国大陆以及加利福尼亚海岸上空 10km 高空对流层中漂浮有微生物的空气样品。然后返回地表研究微生物基因,科学家们计算出每立方米空气中平均含有 5100 个细菌。虽然研究者也获得各种类型的真菌细胞,但在采集的样品中细菌数量比真菌多两个数量级。并且所收集的微生物中有超过 60% 的依然存活。

研究者们还根据样本编录了 314 种不同种类的细菌,由于他们使用的基因分析法无法确定具体的物种,所以无法得知所发现的细菌中哪些是致病菌。尽管如此,科学家们依然可以确定与人类和动物排泄物有关的细菌仅出现在卡尔和俄尔飓风过后的空气样本中。事实上,这些飓风似乎把各种微生物都卷走了,尤其是污染严重的地区,但是并没有将细菌带出对流层。

编辑:徐荣德

资料来源:

<http://www.pnas.org/content/110/7/2575>

<http://news.sciencemag.org/sciencenow/2013/01/microbes-survive-and-may-be-thriv.html?ref=hp>

## 温带气候条件下土壤生物结皮的有机碳动力学及化学组成

生物土壤结皮(BSCs)是由隐花植物如蓝藻、荒漠藻、地衣、苔藓类和土壤中微生物,以及相关的其他生物体通过菌丝体、假根和分泌物等与土壤表层颗粒胶结形成的十分复杂的复合体,是干旱半干旱荒漠地表景观的重要组成部分之一。对于生物土壤结皮的生物多样性、群落结构及其在生态系统中的重要功能已有大量研究,但有关对自然条件下生物土壤结皮输入到土壤中的有机碳数量及化学成分的研究还很少。

德国慕尼黑科技大学生态与生态系统管理系的 A. Dümig 等在 2013 年 1 月 16 日发表于《Biogeosciences》的文章中,研究了德国东北部地区处于不同发展阶段,以藻类和苔藓为主的生物土壤结皮。确定在 BSCs 层转化成的有机碳积累并进入下层基底中的物质厚度小于 63  $\mu\text{m}$ 。通过应用固体  $^{13}\text{C}$  核磁共振光谱学以及碳水化合物中  $^{14}\text{C}$  含量分析得出有机碳化学组成特征,并用之来评价 BSCs 及下层基底中有机碳源和动态变化。

研究结果表明,在温带气候条件下,以藻类为主的 BSCs 只需短短 4 年时间即可快速转变为以苔藓为主的 BSCs。根据其位于斜坡的位置可知,BSCs 种类分布可能受控于土壤表层的稳定性。没有证据表明在两个沙丘之间土壤性质影响 BSCs 的分布。 $^{14}\text{C}$  含量清晰的指出在 BSCs 及其下层基质中存在两个有机碳源:BSC 转化成的“较新”有机碳及褐煤转化的“较老”有机碳。而 BSC 所转化的“较新”有机碳的输入大大减小了总有机碳的平均滞留时间。仅在以苔藓为主的 BSCs 中发现了有机碳向下层基底中迁移,这可能会加速该点土壤形成。

由 BSCs 转化成的有机碳主要包括含氧烷基碳(如碳水化合物)及存在于不同化合物中少量烷基碳和含氮烷基碳。我们仅在实验室条件下发现了烷基碳的积累,可能因为在与自然条件下沙丘的 BSCs 相比实验室条件下 BSCs 在转化过程中微生物细胞外聚合物的水溶性较低的缘故,这表明 BSCs 对土壤在水文学上的影响主要取决于微生物细胞外聚合物的化学组成。

编辑:徐荣德

资料来源:

<http://www.biogeosciences-discuss.net/10/851/2013/bgd-10-851-2013.html>

## 错误更正

本刊 2013 年第 1 期 (总第 5 期) 中,《海底淤泥中发现古真菌》第 4 页第一段 3 行及第 5 页第三段 1 行中“100 亿年”应为“1 亿年”。出此疏漏我们深感歉意,也欢迎您继续踊跃指出本刊的错误与不足。



