

微生物生态学研究进展

——第十一届国际微生物生态学大会综述

张洪勋, 陈曦

中国科学院研究生院资源与环境学院, 北京 100049

[摘要] 第 11 届国际微生物生态学会于 2006 年 8 月在奥地利维也纳召开。此次会议以“隐藏的力量——行动中的微生物群落”为主题, 特邀了当今世界在微生物生态学领域最为著名的科学家作专题报告, 内容广博, 反映了当今微生物生态学研究的发展动向。本文简要介绍了第十一届国际微生物生态学大会的概况和部分演讲摘要。

[关键词] 第 11 届国际微生物生态学大会; 微生物生态学

[中图分类号] Q 938.1

[文献标识码] A

[文章编号] 1000-7857(2007)08-0074-04

Advances in Microbial Ecology

——Brief Introduction of 11th International Symposium on Microbial Ecology

ZHANG Hongxun, CHEN Xi

College of Resources and Environment, Graduate School, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: A brief introduction of the 11th International Symposium on Microbial Ecology and part of lecture abstracts were reviewed, which reflects advances in modern microbial ecology.

Key Words: 11th International Symposium on Microbial Ecology; microbial ecology

CLC Number: Q 938.1

Document Code: A

Article ID: 1000-7857(2007)08-0074-04

第 11 届国际微生物生态学会于 2006 年 8 月 20-25 日在奥地利维也纳召开。此次会议共有来自 60 多个国家的 1 800 多名代表参加, 提交论文摘要 1 900 多篇。大会以“隐藏的力量——行动中的微生物群落”为主题, 特邀了当今世界在微生物生态学领域最著名的科学家做专题报告, 内容广博, 反映了当今微生物生态学研究的发展动向。本文就本次会议给出的主要信息, 简述如下。

1 当前微生物生态研究的主要方向

此次会议提交的论文, 按研究方向分类如下: ① 水生微生物; ② 微生物与金属的相互作用; ③ 生物信号; ④ 微生物膜和壁; ⑤ 人体微生物生态; ⑥ 细菌与真菌、原生动物的拮抗作用; ⑦ 微生物群落的生态原理; ⑧ 陆地生态系统的微生物多样性和作用; ⑨ 微生物与有机污染物的相互作用; ⑩ 不可培养微生物; ⑪ 原

核生物与植物的相互作用; ⑫ 微生物驱动的生态系统功能; ⑬ 微生物群落对全球变化的影响; ⑭ 极端环境和天体微生物; ⑮ 细菌共生体: 是朋友还是敌人; ⑯ 进化生态学; ⑰ 环境微生物基因组学; ⑱ 病毒对微生物群落分析的影响; ⑲ 微芯片用于微生物群落分析; ⑳ 胁迫(抗逆)反应; ㉑ 环境生物技术; ㉒ 生物地球化学循环: 新生命和新代谢途径; ㉓ 海洋微生物; ㉔ 病原体生态学; ㉕ 新的生物分析和生物信息学方法^[1]。以上分类内容, 基本上反映了当今微生物生态学研究方向的全貌。

2 几个值得注意的研究动向

2.1 不可培养微生物的研究及启示

随着分子生物学技术在微生物生态学研究中的广泛应用, 对存活而不可培养的微生物的研究越来越深入。英国沃里克大学的 J. C. Murrell^[2]在题为“甲烷氧化

收稿日期: 2007-03-15

基金项目: 中国科学院知识创新课题(kzcx2-yw-418-01)

作者简介: 张洪勋, 男, 北京石景山区玉泉路 19 号甲中国科学院研究生院教授, 研究方向为微生物生态学;

E-mail: Hxzhang@rcees.ac.cn

菌的分子生态学”的报告中指出,甲烷氧化菌在自然环境的甲烷循环中发挥着重要的作用,它们在生物催化、生物修复以及其他生物技术方面也都有着广阔的应用前景。他们已经发展了许多不依赖于培养的分子生物学技术来研究甲烷氧化菌,以调查其多样性和在不同环境中的作用,例如淡水、碱湖、海洋和各种土壤。DNA 和 RNA 稳定同位素探针技术已经得到进一步的应用,同时结合克隆文库分析、DGGE、微芯片、16s rRNA、功能基因探针等技术,基于对甲烷单氧化酶基因的研究,从而确定甲烷氧化菌中的功能活性种群。结合稳定同位素探针和基因组分析,已经从活性土壤甲烷氧化菌中确定了一个完整的甲烷单氧化酶操纵子。对不同环境中甲烷单氧化酶基因的表达,以及兼性 *Methylocella silvestris* BL2 甲烷单氧化酶的调控进行了研究,并通过分析不同环境中的实例对这些分子生态学方法的优缺点给出了评价。

德国的 R. Huber 在题为“冷环境中的古菌和细菌”的报告^[2]中指出,他们在德国雷根斯堡附近的硫磺泉里发现了线形和球形的肉眼可见的微生物漂浮在-10℃的硫磺水表面。这些白色球形(0.5~3.0 mm)的细胞彼此相连形成一条“白线”,外层主要是鞭毛细菌(如 *Thiothrix*),内层主要是非甲烷古菌 SM1。迄今为止,SM1 这种古菌还没有实现实验室培养。但是,改进技术——用聚乙烯网袋作为附着材料,可以使这种微生物在自然界中迅速生长。大约一个星期聚乙烯网袋上就将长满了 SM1 古菌,用物理方法就可以将其分离下来。SM1 古菌的亚显微结构分析显示,每一个单细胞大约有 100 根结构复杂的鞭毛覆盖。在未来的环境研究中,计划继续探寻地表以下更深层的 SM1 古菌。因此,在冷的硫磺泉里聚乙烯网袋要放得尽可能深。通过这种方法,就可以探测到由 SM1 古菌生成的单菌种生物膜。

英国纽卡斯尔大学的 I. M. Head^[2]在题为“从微观到宏观:微生物群落和环境过程的关系”的报告中指出,在微生物生态学中,探寻微生物“逃避”人工培养的目的仍然是一个挑战。新技术将微生物与其驱动的环境过程直接联系起来,对不依赖于培养的微生物群落进行分析获得的信息有助于改进富集培养和分离不可培养微生物的策略。对与生物地球化学过程有关的微生物群落生长动力学过程的分析、比较,提供了特定类群的微生物在驱动物质和能量循环时的重要性的定性、定量的信息,并研究了与废水处理系统中氮的去除的稳定性和入海口氮氧化物产生有关的微生物群落的生长动力学过程对氮循环的影响。

比利时根特大学的 W. Verstraete^[2]在题为“微生物资源管理(MRM):环境生物技术发展途径”的报告中指出,微生物学研究的突破使人们必须正视微生物资源,

这些资源包括可培养的微生物和自然生长的微生物资源。目前的挑战是如何管理这些资源,尤其是对于一个开放的系统。因此,要做好微生物资源管理,就要解决微生物在哪里,它们正在做什么,如何调控这些混杂的微生物等。总之,微生物资源管理是环境健康、可再生能源的生产、环境循环和新材料等很多新领域发展的基础。

2.2 微生物与金属的关系

美国加利福尼亚大学的 A. Butler^[2]在题为“海洋微生物铁的获得:新的光活性和两性的铁载体”的报告中指出,与陆地环境相比,表层海水金属组成的变迁差别显著,这一事实为新的金属生物化学的发展提供了研究线索。当钼和钒是海水表面最丰富的变迁离子时,铁的水平低得惊人。低水平的铁将限制海洋微生物的生长。他们已经分离出了海洋微生物产生的铁载体,并对其结构进行了表征。很多铁载体都具有光活性,此特性在海洋铁的生物地球化学的循环过程中具有重要的作用。自组装的两性多肽也构成了一类成长着的铁载体,这个性质很可能在铁的获得过程中也发挥着重要的作用。

德国的 D. Schuler^[2]在题为“微生物磁铁矿生物矿化:磁趋性细菌磁原体的形成新认识”的报告中指出,磁趋性细菌因其细胞内的特殊结构而能沿着磁场方向运动,磁原体就是纳米晶体磁铁矿(Fe_3O_4)。对于生物控制的矿化过程来说,磁原体的形成是一个有趣的例子。多年以来,人们对其在分子层面上的理解知之甚少。与在无机系统中产生的磁铁矿不同,细菌磁原体微粒显现出各种各样物种所具有的特异形态,并且粒度变化范围窄、结构和磁性特征稳定。结合生态学、生物化学和基因组学方法,对磁原体生物矿化的研究进展得很快。磁原体生物矿化过程中,细胞内铁的积累大于干重的 4%。磁铁沉积发生在由磁原体膜封闭的空间里。对 *Magnetospirillum gryphiswaldense* 磁原体的蛋白质组进行分析,结果发现有 18 个磁原体特异性多肽(MMPs)具有磁铁矿结晶化的作用。对磁原体特异性多肽的分析,显示出它们在生物矿化过程中的重要作用,例如与磁原体直接相关的铁的转化、磁原体聚集和结晶化的调控。磁原体特异性多肽由数个操纵子编码,它们非常不稳定,并且在不同的有磁趋性的细菌之间高度保守。在近期内,将给出用于磁原体生物矿化功能特征,包括各种不同的可培养和不可培养细菌的分析结果。

2.3 生物信号和微生物膜

信号分子的积累使得单细胞能够感知周围细胞的密度,称之为密度感应(QS)。细菌能够相互交流,改变了人们对许多简单生物的理解。这种交流不是使用语言,而是使用释入环境的信号分子。细菌不但能够释放

信号分子,而且能够测量群落中分子的浓度。英国诺丁汉大学的 M. Camara^[2]在题为“生物膜和海藻之间的信号传递”的报告中指出,细菌能够通过密度感应,利用可扩散的化学信号分子在细胞与细胞之间进行交流,这些化学信号分子积累到一定浓度时就能够调控多种基因的表达。密度感应能够调节许多生理过程,例如次生代谢和生物膜的形成等。密度感应系统需要 N-酰基高丝氨酸内脂(AHL)作为信号分子。这项研究的方法包括海藻游动孢子的吸附实验、荧光显微镜技术和 N-酰基高丝氨酸内脂分析技术等。实验的结果表明,绿藻 *Ulva linza* 的游动孢子被优先吸附在生物膜上。对缺乏 N-酰基高丝氨酸内脂的海洋细菌变异菌株和人工合成的 N-酰基高丝氨酸内脂进行研究,发现游动孢子的吸附与 N-酰基高丝氨酸内脂之间有关系,细菌产生的 N-酰基高丝氨酸内脂能够吸引孢子,使其直接吸附在上面。在海水中,来自海洋生物膜的 N-酰基高丝氨酸内脂在高温下半衰期很短,在寒冷的季节则会延长。通过研究海藻 *U. linza* 的游动孢子结合部位的选择进而研究细菌信号系统,这对于研究生态而言是很重要的。

以色列耶路撒冷大学的 Y. Cohen^[2]在题为“海洋生物膜和垫的动力学”的报告中指出,生物膜的生长会给海水反渗透淡化设备带来严重的生物污损。为了评估生物膜生长的动力学过程,他们对多处 25℃ 海水中的微生物群落结构和生物膜生长的动力学进行了监测。16s rRNA 分析显示,刚刚开始附着的生物膜细菌群落结构之间存在着显著差异。从开始附着到形成均匀的 0.2 mm 厚的生物垫,生物膜生长的动力学过程在不同的表面也有很大的差别。在以色列帕尔马奇姆(Palmachim)地区的地中海沿岸,他们对海水反渗透淡化设备反渗透膜上生物膜的生长过程进行了监测。在阿什克伦(Ashkelon)地区的一套刚刚建成的海水淡化设备上也发现了生物污损问题。他们观察了各种抗污损方法对生物膜形成动力学过程的影响。现在,各种抗污损方法的效率正在海水反渗透淡化设备上进行试验。

2.4 基于“基因组学”的微生物生态分析

美国俄克拉荷马州大学的周集中^[2]在题为“发展一体化微芯片基因组技术,用于监测处于刺激中的微生物群落动力学过程”的报告中指出,在环境中应用功能基因芯片(FGAs)最大的问题之一是设计探针以获得与环境序列正确特异的杂交。根据相似性、自由能等,他们已经建立了一套探针设计标准,并且开发、测试了一套新的软件工具(CommOligo)用于设计功能基因芯片,这套软件比以往任何方法都有效得多。利用这套新的程序,他们已经设计了 23 000 多个功能基因芯片,用于研究碳、氮、硫、磷的生物地球化学循环、金属的去

除、有机污染物的降解等。他们采集每毫升仅有 105 个细胞的地表水样品,用这些新技术来评估污染物对微生物群落结构的影响,以及微生物群落对环境条件的适应能力。就像预想的那样,未被污染的样品具有最高的生物多样性,高度污染的样品具有最低的生物多样性。

美国加利福尼亚大学的 P. Wilmes^[2]在题为“环境蛋白质组学——为研究微生物群落功能打开了一扇新的窗户”的报告中指出,微生物是环境地球化学、物质循环和废物降解的主要驱动者。在很大程度上,微生物酶被认为是催化剂。因此,他们着力于研究不同生态系统中的微生物蛋白质。环境蛋白质组学就是要确定微生物群落中蛋白质的数量,目的是为了整合共生生物的各种信息。近来,对不同微生物群落基因组序列的运用和质谱技术的发展使对这个复杂生态系统蛋白质组学的研究成为可能。虽然仅仅开展了少量工作,但是对蛋白质组学的研究已经显示出有限多样性的栖息地生长的微生物功能基因表达的有趣方面。尽管结果显示了研究的潜势,但是在更加复杂的微生物群落中应用仍具有挑战性。随着基因组数据库、蛋白质组学和其他技术的改进,将会使人们对微生物世界和微生物群落结构与功能之间的关系的理解更加深刻。

美国的 M. Keller^[2]在题为“行进中的单细胞微生物学”的报告中指出,基于荧光原位杂交(FISH)和荧光激活细胞技术的分离方法与全基因组放大(MDA)技术相结合,能够获得足量的 DNA 以对不可培养微生物进行全基因组测序。这项技术还可以和基于在微囊体内进行单细胞包装的高通量培养(HTC)技术相结合以获得来源于一个克隆细胞的基因信息。已经证明,不同门的微生物,如嗜酸细菌和 TM7,可以特异性地进行荧光原位杂交,并且可以通过流动细胞计数进行分离。它们的 DNA 可以通过全基因组放大技术进行放大,然后创建文库以进行“鸟枪法”全基因组测序。如果进行高通量培养,细菌能够在微囊体内进行微克隆。单一占位的微囊体能够通过流动细胞计数和荧光原位杂交在玻璃芯片上被分类。对全基因组放大技术进行优化,然后用来放大那些芯片。

美国的 M. F. Polz^[2]在题为“微生物多样性:基因、种群和物种”的报告中指出,海洋微生物多样性比预想的要多得多,现在所面临的挑战是要弄清楚是什么组成了生态意义和进化意义上的种群。SSU rRNA 基因序列是现行的衡量环境微生物多样性的标准,它表明不仅是在全球范围内,而且在各种小生境中都存在微生物多样性。基因组学中有一个机制:即使非常相近的种之间,基因组成也相去甚远,这就促进了生态多样性的发展。近来,他们对海洋微生物多样性进行了考察。在沿

海地区,他们发现了至少 1 600 种不同的 rRNA 序列,它们代表了大约 500 个序列的多样性比对。仔细研究发现这样的一种序列就包含着 1 000 多种基因型。实际上,尽管分离自同一地点,这些序列利用不同碳源的能力仍然具有显著的多样性。

美国 J. C. Venter^[2]研究院的 J. C. Venter 在题为“尤卡坦(Yucatan)海峡的海洋微生物基因组:微生物多样性和氮循环分析”的报告中指出,大多数生物化学循环都是由细菌控制的,日积月累就形成了一个巨大的“黑盒子”。现在,他们用一个直接基因组方法包括基因组“鸟枪”测序、直接 PCR 和克隆以从尤卡坦海峡和马尾藻(Sargasso)海洋微生物基因组数据库的比较中来评估海洋微生物群落氮循环的成分。他们的分析显示系统中氮的减少主要是因为氨,因为在两个较大的过滤器里有固氮蓝细菌存在。J. C. Venter 因独立完成人类基因组测序而闻名于世。他还率领旗下研究人员远涉重洋,取样、绘制海洋生态系统微生物基因组序列图。同时,他还准备研究应用新发现的基因合成新生物,制造出最简单的细菌。这些细菌能够捕获二氧化碳,遏制温室效应,清理核废料,并且产生大量氢气,彻底改变全球能源经济的面貌,缓解人类在环境和能源方面遇到的难题。

2.5 人体微生物生态

美国斯坦福大学的 D. A. Relman^[2]在题为“人体微生物群落与健康与疾病”的报告中指出,复杂的微生物生态系统占据了人类皮肤和黏膜的表面。最近的研究不但高度重视这些群落的多样性,而且还重视它们在宿主生理过程中的重要性。但是,现在的问题是如何建立和保持人体微生物生态系统。人体微生物生态系统的基本特征还没有研究透彻,包括时间和空间上的多样性等。口腔和内脏微生物的聚集也许只是随机的历史事件和偶然的环境因素产生的。与群落生态学、分子微生物生态学和基因组学相结合,也许人们对健康和疾病的理解就会更加深刻。

2.6 内共生理论

微生物存在于地球要比动植物更为久远,广泛的生存空间也是动植物无法比拟的。因此,微生物作为研究生命起源的材料具有诸多优势。德国杜塞尔多夫大学的 W. Martin^[2]报告了“生命起源和内共生理论”,其主要观点是:猜想生化反应是通过金属硫化物在碱性热液里催化产生的,并接受乙酰-CoA 途径中的产甲基途径(即 Wood-Ljungdahl 途径)在产乙酸、甲烷的微生物是同源的(尽管相关酶序列相似性缺乏)前提下,从比较生物化学的标准观点出发来证明这个猜想,发现它具有合理性。以下化合物很可能参与了早期的生化反应:金属硫化物、羰基硫化物(COS)、羰基磷酸酯、甲

羧基磷酸酯、氨基甲酸酯、氨基甲酰磷酸酯、乙酰硫酯、乙酰磷酸酯、蝶呤和 GTP(三磷酸鸟苷)。提出远古时期 CO₂ 通过和现在 Wood-Ljungdahl 途径极相似的途径使碳进入了代谢过程,而此过程中重要的中间产物是乙酰硫酯(即后来的乙酰-CoA)。和 de Duve 观点一样,他们认为乙酰磷酸盐是远古时期的能量代谢货币,但它始于一个不同的硫脂合成途径。远古的碳固定途径被认为是乙酰-CoA、丙酮酸和不完整的柠檬酸循环的逆过程。氮进入代谢被认为是通过 NH₃,伴随着两条依赖乙酰磷酸酯的途径:一条通往氨基甲酰磷酸酯,另一条通过中间产物羰基磷酸酯最终生成氨基化合物,类似现在的谷氨酸酯合成反应。这条途径的氮同化作用通过 TCA 循环和 Wood-Ljungdahl 途径的甲基合成的中间产物一起,直接提供生物合成嘌呤和嘧啶所有的中间产物。现在的产乙酸菌和产甲烷菌、甲酰蝶呤合成过程需依赖化学渗透的本质提示,微生物通过一个“转子-定子 ATP 酶”(rotor-stator ATPase)在海底热泉口界面获得预先存在的、天然的质子梯度动力的能力,比用一个基因调控的化学反应产生一个质子梯度的能力更为古老。作者还提出底物对 ATP 酶的特异性,标志着 ATP 作为通用能量货币的出现,代替了乙酰磷酸酯,并认为早期的甲羧基合成中对羰基硫化物具有重要作用。

3 结语

近 10 年来,有关微生物生态学研究论文获得了前所未有的增长,这主要归因于分子生物学技术的应用。正是这一技术的应用,微生物基因多样性远大于动植物已得到证明。目前,科学界普遍接受“存活尚不能培养的微生物”占微生物总量的绝大多数这一重要的概念,它将引起人们对未知的微生物世界产生极大兴趣。第十一届国际微生物生态大会信息基本反映了这个学科方向的全貌,而本文只是管窥蠡测。笔者希望通过本文告知那些没有机会参加此次大会的读者,包括非微生物专业的读者能关注微生物生态学科的发展,因为这个学科不仅能为揭示生命起源做出贡献,而且能为解决人类的生态环境危机、能源危机做出不可估量的贡献。

参考文献(References)

- [1] 11th International Symposium on Microbial Ecology final program[C]. Switzerland: KENES International. 2006.
- [2] 11th International Symposium on Microbial Ecology book of abstracts[C]. Switzerland: KENES International. 2006.

(责任编辑 王 芷)