



新千年伊始, 国际环境微生物权威刊物“Environmental Microbiology”即刊出“水晶球”系列文章, 多位环境微生物学领域的领衔学者充满热情与期待地对未来环境微生物学的发展进行展望<sup>[1]</sup>。代表性的声音来自 Mark Planck 海洋微生物研究所的 Rudolf Amann 教授, 他问道, 经过一个世纪的努力, 环境微生物学家知道的东西可以算作“冰山一角”了吗? 他的答案是, 我们依然远不能很好地描述微生物在地球生物化学循环关键部分的催化作用。于是他呼吁跨学科合作, 呼吁“想大事(Let’s think big!)”。MIT 的 Ed DeLong 教授则提出了“微生物系统科学”的概念, 呼吁整合技术手段, 获得对自然生态系统的全面认识。

在 20 世纪的大部分时间里, 微生物学家依靠传统的富集培养和分离鉴定技术, 孜孜不倦地从这颗地球上相对比较容易接触的环境中收集形形色色的微生物。70 年代, 分子生物学的发展及其在微生物生态学中的应用开启了微生物学发展的新纪元。1977 年, Carl Woese 根据核糖体小亚基 RNA 序列分析, 提出了生命的“三域学说”, 发现了被称为“古菌”的第三种生命形式<sup>[2]</sup>。Woese 的这一具有“里程碑”意义的工作不仅提供了系统发育学的概念框架和方法, 还奠定了微生物分子生态学的基础。80 年代, Norman Pace 采用分子生态学手段研究黄石公园热泉微生物, 发现了大量先前未知的细菌和古菌类群, 系统发育树上出现了迅速增加的“没有可培养生物体”的分支<sup>[3]</sup>。在此基础上形成的微生物元(宏)基因组学概念和方法, 使人们可以绕过传统的分离培养环节, 直接面对特定环境中全体微生物、包括未培养微生物的所有基因组序列及其蕴含的信息。20 世纪 90 年代后期, 特别是进入 21 世纪以来, 伴随着 DNA 测序技术、生物信息学的飞速进步、微生物基因组序列的“爆炸性”增加、新的微生物采集和分析技术、新概念微生物培养手段、原位微生物监测和分析方法等不断涌现与完善, 地球上“未看见的多数<sup>[4]</sup>”所展现的巨大物种与代谢多样性让人眼花缭乱。“冰山一角”已经显现, 微生物学家终于可以开始考虑盘点地球上微生物的种类, 进而尝试回答微生物与地球环境相互作用、生命与地球共进化这一终极问题。

我国很早就开展了极端及特殊环境微生物元基因组学研究, 在环境微生物及地微生物学领域长期近距离跟踪国际前沿, 并在近期实现了多方面的创新突破。近年来, 我国科学家在海洋、土壤、湿地、湖泊等环境微生物的研究中取得了一系列具有国际水平的成果。同时, 与国外同行一样, 国内微生物学家也一直在探寻如何通过学科交叉、技术整合, 在大尺度时空范围研究和认识微生物与地球环境的

相互作用。大约 10 年前,中国科学院微生物研究所微生物资源前期开发国家重点实验室就提出开展“典型生境微生物的系统科学研究”;2011 年夏天,国内二十多位微生物学、地球科学、生物信息学等领域的学者齐聚北京,经过研讨,提出了“典型生境重要地球元素循环的微生物驱动机制(简称微生物地球)”的研究设想;当年秋天,在基金委咨询专家会议上,上述想法获得了鼓励和好评;2012 年 8 月,基金委在贵阳举办“双清论坛”,国内外微生物学、地球科学、基因组学、生物信息学等学科的三十多位学者,以典型生境重要地球元素循环的微生物驱动机制为主题进行深入探讨。他们表示,国内全面启动该项研究的时机已基本成熟,并且认为,此类研究代表了微生物学最具前景的热点领域,将为我国微生物学界提升影响力提供难得的机遇。

本期《微生物地球专刊》是参加贵阳会议部分学者应邀撰写的综述文章之集合。从这些文章中,读者可以了解到微生物与地球环境相互作用研究的最新进展和发展态势,同时还能感受到撰稿人对这一激动人心的研究领域的巨大热情和期望。

值此专刊出版之际,我谨向《微生物学通报》主编赫荣乔先生、特邀编辑金城先生表示谢意,感谢他们在本专刊策划、组织和审稿过程中表现出的很高的学术判断力和专业水准;向所有为本专刊提供稿件的同事鞠躬,感谢他们百忙之中拨冗分享他们对所探讨问题的深刻理解。

黄力

2012 年 12 月 31 日·北京

## 参 考 文 献

- [1] Environmental Microbiology. 2002, 4(1): 3-17.
- [2] Woese CR, Fox GE. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1977, 74(11): 5088-5090.
- [3] Lane DJ, Pace B, Olsen GJ, et al. Rapid determination of 16S ribosomal RNA sequences for phylogenetic analyses[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1985, 82(20): 6955-6959.
- [4] Whitman WB, Coleman DC, Wiebe WJ. Prokaryotes: the unseen majority[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1998, 95(12): 6578-6583.