

异化 Fe (Ⅲ) 还原及其在污染治理中的作用*

许玫英^{1,2} 郭俊^{1,2} 岑英华^{1,2} 孙国萍^{1,2**}

(广东省微生物研究所 广州 510070)¹ (广东省菌种保藏与应用重点实验室 广州 510070)²

摘要: 细菌的异化 Fe (Ⅲ) 还原指以 Fe (Ⅲ) 为末端电子受体在无氧条件下氧化有机物的产能过程, 在生物地球化学循环中起着重要的作用。系统综述了异化 Fe (Ⅲ) 还原细菌与多种代谢反应相耦联的 Fe (Ⅲ) 还原过程、还原不溶性 Fe (Ⅲ) 氧化物的机制, 及其与 Fe (Ⅲ) 还原相关的分子生物学的研究进展。介绍了国内外有关 Fe (Ⅲ) 还原在环境污染治理中的研究现状及其发展趋势。

关键词: 异化 Fe (Ⅲ) 还原, 还原机制, 分子生物学, 环境污染治理

中图分类号: Q93 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-2654 (2007) 01-0132-06

Dissimilatory Fe (Ⅲ) Reduction and its Applications in Contaminants Treatment*

XU Mei-Ying^{1,2} GUO Jun^{1,2} CEN Ying-Hua^{1,2} SUN Guo-Ping^{1,2**}

(Guangdong Institute of Microbiology, Guangzhou 510070)¹

(Guangdong Provincial Key Laboratory of Microbial Culture Collection and Application, Guangzhou 510070)²

Abstract: Dissimilatory Fe (Ⅲ) reduction is the important process in Biogeochemical cycle. This paper gives a systematic introduction to the types of dissimilatory Fe (Ⅲ) reduction, mechanism of insoluble Fe (Ⅲ) oxidizes reduction and the advances of molecular biology involved in Fe (Ⅲ) reduction. The status of the applications of dissimilatory Fe (Ⅲ) reduction in environmental contaminant treatment were also discussed.

Key words: Dissimilatory Fe (Ⅲ) reduction, Mechanism of reduction, Molecular biology, Environmental contaminant treatment

铁是地球上含量较丰富的一种金属元素, 尤其在土壤和沉积物中具有很高的丰度, 平均含量估计为 3.8%, 因此, 有关铁循环的研究与碳、氮、硫循环一样, 在生态环境中具有非常重要的意义。直至 19 世纪, 自然环境中的 Fe (Ⅲ) 还原仍被普遍认为是一个非酶促的过程。其主要原因是由于当时没有发现能以 Fe (Ⅲ) 为唯一电子受体将有机物氧化为 CO₂, 并从中获得能量进行生长的微生物。目前, 越来越多的能在无分子氧的条件下以 Fe (Ⅲ) 为电子受体进行生长的异化 Fe (Ⅲ) 还原细菌被发现。细菌的异化 Fe (Ⅲ) 还原涉及多种元素的生物地球化学循环, 引起可溶

性 Fe (Ⅱ)、磷和痕量金属的释放, 并且影响土壤的特性和植物的生长, 是一种重要的生物反应过程^[1]。因此, 有关异化 Fe (Ⅲ) 还原及其在环境污染治理中的作用逐渐引起了人们的关注。

1 异化 Fe (Ⅲ) 还原菌及其 Fe (Ⅲ) 还原

异化 Fe (Ⅲ) 还原可发生在微生物呼吸过程、发酵过程或光合作用过程中。异化 Fe (Ⅲ) 还原菌的种类繁多, 在系统分类上归属于 *Proteobacteria* 大类群中的 γ , δ , ϵ 亚类, 低 G+C 细菌和光合细菌等, 都存在多种与 Fe (Ⅲ) 还原相耦联的无氧氧化反应过程, 具体有以下 5 种类型。

* 国家“863 高技术研究发展计划”项目 (No. 2003AA214040)

国家自然科学基金项目 (No. 30500009)

广东省自然科学基金团队项目 (No. 015017)

广东省自然科学基金项目 (No. 05100365)

** 通讯作者 Tel: 86-20-87684471, Fax: 86-20-87684471, E-mail: ebitech@163.com

收稿日期: 2006-02-15, 修回日期: 2006-05-10

1.1 与芳香烃类化合物、有机酸和 H_2 氧化相耦联的 $Fe(III)$ 还原过程 微生物能够以 $Fe(III)$ 为电子受体, 氧化多种有机酸、乙醇、 H_2 、芳香化合物或一碳化合物。这类 $Fe(III)$ 还原微生物较常见, 数量较多, 包括 *Geobacter*, *Desulfuromonas*, *Desulferomusa*, *Pelobacte* 和 *Geovibrio* 等严格厌氧的 *Geobacteraceae* 科微生物、兼性厌氧的 *Shewanella* 和一般认为好氧的 *Pseudomonas* 等^[1]。*Geobacteraceae* 科的微生物多数能以 $Fe(III)$ 为电子受体对有机物进行彻底氧化, 而 *Shewanella*、*Pseudomonas* 和 *Pelobacter* 则多数是对有机物进行不完全氧化。Daniel 等^[2]发现甲烷和焦磷酸铁的富集培养物能以 $Fe(III)$ 为电子受体, 将甲烷彻底氧化为 CO_2 , 分子分类鉴定的结果表明该混合菌的组成为 *Clostridium sphenoides* 和 *Shewanella putrefaciens*。

1.2 与硫酸盐还原相耦联的 $Fe(III)$ 还原过程 许多异化 $Fe(III)$ 还原细菌都同样能以 S^0 为电子受体。在同时含有 $Fe(III)$ 氧化物和硫酸盐的水体底泥中往往可以观察到硫化物的产生。尽管许多异化硫酸盐还原菌都具有还原 $Fe(III)$ 的能力, 但这些细菌大部分不能以 $Fe(III)$ 氧化物作为唯一电子受体。研究表明, 这类微生物大部分是在氧化乙酸的同时还原 S^0 或 $Fe(III)$ ^[3,4]。目前只发现 *Desulfotomaculum reducens* 和 *Desulfobulbus propionicus* 这两个硫酸盐还原菌能在还原 $Fe(III)$ 和硫酸盐的同时获得生长所需的能量^[1,3]。

1.3 与厌氧发酵相耦联的 $Fe(III)$ 还原过程 有些微生物是在厌氧发酵的过程中还原 $Fe(III)$ 。此时 $Fe(III)$ 只是作为一种补充性的电子受体。发酵型细菌在异化 $Fe(III)$ 还原酶作用下, 使发酵平衡发生了改变, 提高了菌体的产量^[5]。Dobbin 等^[6]考察了 *Clostridium beijerinckii* 发酵葡萄糖的 $Fe(III)$ 还原过程, 结果发现, 在补充足够 $Fe(III)$ 的条件下, 随着酸性产物浓度的降低, $Fe(II)$ 逐渐积累, *Clostridium beijerinckii* 的产量也得到相应的提高。研究还发现, *Clostridium beijerinckii* 的细胞膜上含有 NAD(P)H 依赖型的 $Fe(III)$ 还原酶, 该酶对于呼吸抑制剂不敏感。

1.4 与光合作用相耦联的 $Fe(III)$ 还原过程 异化 $Fe(III)$ 还原除了可以在呼吸过程、发酵过程进行外, 还可以发生在光合作用过程。研究

Rhodobacter capsulatus 在光合作用过程中对 $Fe(III)$ 进行异化还原的结果表明, 在厌氧光合异养生长的条件下, $Fe(III)$ 作为一种辅助性的氧化剂在维持氧化还原平衡中起重要作用^[7]。

1.5 与磁小体生物合成相耦联的 $Fe(III)$ 还原过程 趋磁细菌在合成细胞内的磁性粒子的过程中还原 $Fe(III)$, 这种 $Fe(III)$ 还原过程可以在好氧、微氧或厌氧条件下发生。这些细菌所合成的磁性粒子主要是磁铁矿 (Fe_3O_4), 厌氧环境中也可能含有硫化铁。由于磁小体的存在, 使趋磁细菌能够沿着磁力线方向运动, 以趋向于适合其生长的环境。已发现的趋磁细菌包括 *Magnetospirillum gryphiswaldense* 和 *Aquaspirillum magnetotacticum*。*Aquaspirillum magnetotacticum* 在厌氧条件下可充当降解性 $Fe(III)$ 还原细菌, 将 $Fe(III)$ 还原为 $Fe(II)$ 。与其它降解性还原微生物相比, 趋磁细菌对 $Fe(III)$ 的还原速率较低。已有的研究结果表明, 来源于趋磁细菌的磁小体和铁还原细菌可能共同参与了海洋沉积物磁化和矿化过程^[1]。目前对于趋磁细菌的 $Fe(III)$ 还原机理研究尚少。

2 异化 $Fe(III)$ 还原菌对不溶性 $Fe(III)$ 氧化物的还原机制

与很多呼吸途径相类似, 许多细菌和古细菌都可以通过还原 $Fe(III)$ 获得生长的能量。异化 $Fe(III)$ 还原过程是一个酶促反应的过程。人们推测早在 3.5 亿年前就存在异化铁还原酶。研究表明, 沉积物中的不溶性 $Fe(III)$ 一般不能被有机质直接还原, 只能靠微生物体内的酶对 $Fe(III)$ 进行酶促还原^[8]。

2.1 电子穿梭子对 $Fe(III)$ 还原的促进作用 腐殖质是土壤和水体环境中广泛存在的一种特殊的高分子有机物, 它们很难被微生物降解, 尤其对于兼性厌氧微生物。研究发现, 土壤和沉积物中的某些微生物能以腐殖质为电子受体进行有机物和 H_2 的厌氧氧化, 从而获得生长所需的能量。腐殖质的还原促进了微生物对其它较难利用的电子受体的还原, 如不溶性 $Fe(III)$ 。在该过程中腐殖质是作为一种电子穿梭子往返作用于细菌和不溶性 $Fe(III)$ 化合物之间^[1]。腐殖质一旦被还原能以 $Fe(III)$ 作为电子接收器进行纯化学的氧化还

原反应。这种呼吸链代表着一种非铁特异性的古老的电子传递链。推测铁还原酶参与的铁呼吸链可能也是从这种古老的电子传递链演化而来。

最近的研究发现,某些细菌在还原 Fe (Ⅲ) 的过程中能产生并且分泌一些小分子的、具有扩散性的氧化还原化合物,这些化合物能在微生物和不溶性 Fe (Ⅲ) 化合物之间起到电子穿梭子的作用。这些电子穿梭子包括亲水性的醌和黑色素等。已发现的能分泌这种氧化还原物质的微生物有 *Geothrix fermentans*^[9], *Shewanella alga* BrY^[9,10] 和 *Shewanella oneidensis* MR-1^[11]。

2.2 通过分泌铁螯合剂促进 Fe (Ⅲ) 的还原

Nevin 和 Lovley^[9] 在研究 *Geothrix fermentans* 对不溶性 Fe (Ⅲ) 化合物的异化还原过程中,首次提出异化铁还原微生物通过产生铁螯合剂提高 Fe (Ⅲ) 氧化物的溶解度,促进 Fe (Ⅲ) 的还原。*Shewanella alga* BrY 也能分泌铁螯合剂^[11]。尽管有人认为与 Fe (Ⅲ) 相结合的有机化合物的氧化还原电势为负值,因此大部分不适合作为电子受体^[12],但有一点可以肯定的是这类化合物在 Fe (Ⅲ) 的异化还原中所起的作用不同于其同化还原过程。目前已发现很多铁呼吸微生物能以柠檬酸铁这种低氧化还原电势的物质为电子受体。因此,有关异化铁还原微生物是否都具有特异地分泌柠檬酸用于螯合铁进行铁呼吸的问题引起人们极大的兴趣。这些铁螯合剂的特性及其与电子穿梭子的差异也有待进一步的研究。

2.3 通过细胞附属物与不溶性 Fe (Ⅲ) 化合物

的直接接触实现 Fe (Ⅲ) 的还原 在研究厌氧铁还原细菌 *Geobacter metallireducens* 对不溶性 Fe (Ⅲ) 化合物的异化还原机制中发现,当环境中不存在可溶性铁化合物时,细菌会产生鞭毛和绒毛这些附属物,使细菌对铁氧化物产生一定的趋向性,附着在这些化合物上面,实现 Fe (Ⅲ) 的还原。当环境中存在可溶性的铁化合物时,就没有发现这些菌体附属物^[13,14]。Caccavo 和 Das 也证明了 *Shewanella alga* BrY 可通过鞭毛粘附在 Fe (Ⅲ) 氧化物表面^[15,16],但有关该菌株与 Fe (Ⅲ) 氧化物的粘附作用是否受可溶性 Fe (Ⅲ) 电子受体的调节,目前尚不清楚。尽管鞭毛对 Fe (Ⅲ) 氧化物的附着并非 Fe (Ⅲ) 还原的必需条件,然而菌体的附着与 Fe (Ⅲ) 氧化物的还原存在一定的关系。菌体与 Fe (Ⅲ) 氧化物的附着可能有利于异化铁还原细菌对 Fe (Ⅲ) 氧化物的还原。

3 与异化 Fe (Ⅲ) 还原相关的分子生物学研究进展

与 Fe (Ⅲ) 还原过程中的电子转移相关的蛋白质研究主要是在 *Shewanella* 和 *Geobacter* 这两个菌属中开展。研究发现,细胞内膜的电子转移蛋白或醌将电子转移至细胞间质中的细胞色素 c,然后再次被转移到位于细胞外膜的细胞色素 c 上,细胞外膜上的一个或多个细胞色素 c 再将电子直接转移到 Fe (Ⅲ) 氧化物或可溶性的电子穿梭子上 (图 1, 2)。

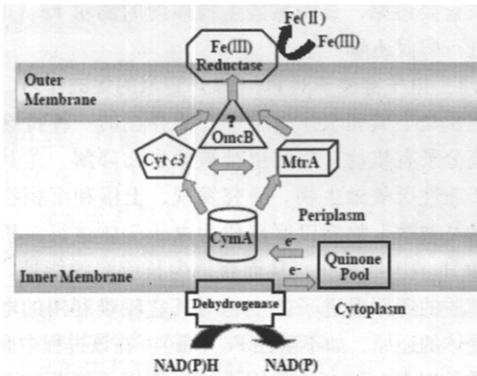


图 1 *Shewanella* 中负责 Fe (Ⅲ) 还原的蛋白组成及其电子传递^[11]

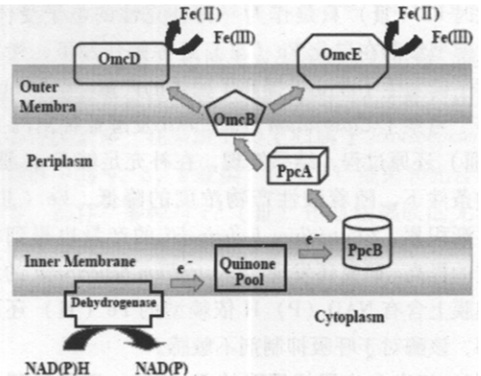


图 2 *Geobacter* 中负责 Fe (Ⅲ) 还原的蛋白组成及其电子传递^[11]

细胞色素 *c* 是 *Shewanella oneidensis* MR-1 进行 Fe (Ⅲ) 和 Mn (Ⅳ) 呼吸的重要组成部分, 它们主要位于细胞膜或周质间隙中, 起电子传递或作为末端还原酶的作用。研究发现, 在 *Shewanella oneidensis* MR-1 中具有 Fe (Ⅲ) 还原活性的蛋白质超过一半以上是位于细胞外膜。这种定位非常有利于细菌对溶解度低的 Fe (Ⅲ) 化合物的作用。该菌的细胞外膜存在 4 个细胞色素 *c* 蛋白, 其中一个或一个以上在 Fe (Ⅲ) 还原中起作用^[8]。Field 等^[17] 研究了位于 *Shewanella frigidimarina* NCIMB400 外膜的一个细胞色素 *c* 蛋白 OmcA, 发现该蛋白含有 10 个 *c* 型的血红素, 氧化还原电势为 -243mV 和 -324mV。还原型的 OmcA 能被 Fe (Ⅲ) - EDTA 重新氧化, 因此推测该蛋白可能具有一种末端 Fe (Ⅲ) 还原酶功能。*mtrB* 是国际上首次报道的金属还原蛋白基因, 也是细胞外的电子穿梭子 2, 6-二磺酸蒽醌 (anthraquinone-2, 6-disulfonate, AQDS) 还原必需的功能蛋白质的基因。如将 *mtrB* 基因插入失活后, 菌株无法对 Fe (Ⅲ) 和 Mn (Ⅳ) 进行还原。Myers 和 Myers^[18] 的研究结果表明 MtrB 对 Fe (Ⅲ) 和 Mn (Ⅳ) 还原的作用是帮助运送细胞色素 *c* 中的 OmcA 和 OmcB 在细胞外膜的定位。CymA, MtrA 和 MtrC 也是 *Shewanella oneidensis* MR-1 Fe (Ⅲ) 还原所必需的蛋白质, 均为血红素 *c* 蛋白, 预测 MtrC 位于细胞外膜, CymA 和 MtrA 位于周质间隙。与 MtrB 相同, MtrC 对于 Fe (Ⅲ) 还原酶在细胞外膜的定位起相当重要的作用。Pitts 等^[19] 进一步的研究发现, MtrA 可能是一个可溶性的 Fe (Ⅲ) 还原酶。CymA 与其它细菌周质的电子转移蛋白 TorC, NapC 和 NirT 有很高的同源性, 推测希瓦氏菌属中 CymA 的主要功能是将电子从甲基萘醌转移到位于周质或外膜的几种末端还原酶上^[8, 17]。同样, *Shewanella frigidimarina* NCIMB400 中由 *cctA* 编码的另一种细胞色素 *c* 在 Fe (Ⅲ) 还原中是作为一种周质电子穿梭子。*Shewanella oneidensis* MR-1 中也发现了与 *cctA* 相同的基因^[8]。

DiChristina 等^[20] 从 *Shewanella putrefaciens* 200 中发现了另一个 Fe (Ⅲ) 还原所必需的基因 *ferE*, 该基因的缺失将导致 Fe (Ⅲ) 还原过程所需的一个分子量为 91kD 的铁卟啉蛋白无法正常分泌到细

胞外膜, 在细胞内膜中积累。*ferE* 基因与来自多个细菌种属第二套蛋白分泌系统的 *puE* 基因有较高的同源性, 其中包括铁、锰还原细菌 *Shewanella oneidensis* MR-1。

来自 6 家不同院所的 12 位专家, 通过自杀质粒构建了金属还原细菌 *Shewanella oneidensis* MR-1 的铁吸收调控子 (*fur*) 缺失菌株, 证明了铁吸收调控子不仅是铁捕获系统的负调控子, 在 *Shewanella oneidensis* 的能量代谢中也起着重要的作用^[21]。

有关 Fe (Ⅲ) 还原细菌遗传信息方面的研究也取得重大进展。某些重要的 Fe (Ⅲ) 还原细菌, 如 *Geobacter metallireducens*, *Geobacter sulfurreducens* 和 *Shewanella oneidensis* 的全基因组序列已完成测序^[22]。

4 异化 Fe (Ⅲ) 还原在环境污染治理中的作用

随着现代工业的发展, 环境中有机污染物的浓度不断升高。好氧条件下, 微生物以氧为最终电子受体对有机污染物进行代谢的研究已广泛的开展。然而, 实际上很多被污染的环境是一种厌氧或缺氧的状况。

大量的研究表明, 厌氧条件下能通过硝酸盐还原、硫酸盐还原、产甲烷或铁还原过程实现有机污染物的氧化, 这种氧化还原反应是由微生物执行的^[23]。Fe (Ⅲ) 在水体底泥中大量存在, 是厌氧条件下有机物氧化最重要的电子受体。在受污染的水环境, 有机污染物进行厌氧氧化的过程中往往观察到 Fe (Ⅱ) 积累的现象。Lovley 等在受石油污染的地下水中检测到 Fe (Ⅱ) 的积累, 而不被污染的地下水中则没有这种现象。如前所述, 在厌氧或兼性厌氧条件下, 异化 Fe (Ⅲ) 还原细菌在对 Fe (Ⅲ) 氧化物异化还原的过程中能对多种有机酸类化合物、芳香化合物进行降解, 或者是对多种碳水化合物进行厌氧发酵。最早发现的能以 Fe (Ⅲ) 为电子受体氧化芳香化合物进行生长的微生物是 *Geobacter metallireducens* GS-15, 这也是首例纯培养微生物能在厌氧条件下对芳香烃进行氧化。该菌可降解的芳香化合物包括苯、甲苯、苯酚、甲基酚、对甲基苯酚、苯胺、某甲

醛、对羟基苯甲醛等^[24]。在降解过程中,苯环上的甲基首先被氧化为醛基,使甲苯转化为苯甲醛、对甲基苯酚转化为

-羟基苯甲醛。Tor和Lovley发现嗜高温细菌 *Ferroglobus placidus* 在 80℃ 高温的厌氧条件下可以多种芳香烃类化合物作为唯一电子供体还原 Fe(III) 氧化物获得生长所需的能量^[25]。最近 Clément 等^[26]发现,在湿地土壤中, NH_4^+ 可在厌氧条件下与 Fe(III) 还原相耦联氧化为 NO_2^- 。

研究发现,很多异化 Fe(III) 还原细菌能以 Mn(IV)^[1]、U(VI)^[27]、Cr(VI)^[28] 等重金属为末端电子受体,将这些金属进行还原,实现有机污染物的厌氧氧化。

异化 Fe(III) 还原在生物地球化学过程和污染环境修复中的重要性也逐渐引起国内研究者的关注^[29-31]。荆国华等从还原 NO 络合吸收液的混合微生物中分离到一株对 Fe^{3+} (EDTA) 具有还原作用的克雷伯氏菌 FR-1^[32]。并采用氨盐替代硝酸盐作为氮源,避免了由于硝酸盐和 Fe(III) 这两种电子受体对的竞争关系所产生的抑制作用,并且通过投加合适的碳源促进 Fe(III) 还原^[33]。闵茂中等^[34]将 Fe(III) 还原细菌 *Shewanella putrefaciens* 应用于中国层间氧化带砂岩型铀矿 U(VI) 的还原,在该菌的细胞外壁生成纳米级晶质铀矿沉淀。广东省微生物研究所许攻英等从处理印染废水的活性污泥系统中分离到两株具有异化 Fe(III) 还原能力,同时可对多种染料进行高效脱色降解的希瓦氏菌新种^[35-37]。对这两株细菌 Fe(III) 还原特性的初步研究发现,它们的 Fe(III) 还原能力与 Fe(III) 氧化物的溶解度存在很大的关系,电子供体不足的情况下 Fe(III) 还原能力将受到抑制。在 Fe(III) 氧化物和偶氮染料同时存在的条件下,分别比较这两种受体的还原速率,结果发现在反应的起始阶段 Fe(III) 对偶氮染料酸性大红 GR 的脱色表现出一定程度的抑制作用,随着反应的进行则表现出一定的促进作用,而酸性大红 GR 的脱色则对 Fe(III) 还原表现出明显的促进作用。对菌株 D14 负责偶氮还原和 Fe(III) 还原的蛋白质进行初步定位,结果发现执行这两种还原作用的蛋白质均位于细胞膜^[38]。有关这两种还原过程相互作用的机理正在进一步深入

研究之中。

异化 Fe(III) 还原细菌可在厌氧或兼性厌氧条件下以 Fe(III) 为电子受体氧化有机物的这种特点,可实现有机污染物在厌氧条件下的氧化分解,避免好氧处理过程中的设备投资和动力消耗,为有机污染物厌氧生物处理技术的发展打下良好的基础。

5 结语

综合日前对异化 Fe(III) 还原细菌的研究发现,异化 Fe(III) 还原细菌能在多种环境条件中生存,并在碳循环、多种金属元素和非金属元素的转化中起着重要的作用。然而,尽管分属于不同的细菌分类地位的 Fe(III) 还原细菌已经被广泛地分离纯化,到目前为止,对于这些细菌在自然环境中的分布状况及其相关功能的了解仍然很少。异化 Fe(III) 还原机制的研究仍处于起步阶段。有关影响特定环境条件下异化 Fe(III) 还原速率和程度的因素的研究尚未开展。利用已获得的异化 Fe(III) 还原细菌的全基因组序列,将这些已知的遗传信息与相应的基因组水平的生理特性研究相结合,将有效地拓宽人们对这类微生物的生理特性的认识,提高对不同环境条件下异化 Fe(III) 还原代谢模型的预测能力,进一步发挥异化 Fe(III) 还原在污染环境生物修复和生物产能等方面的作用。

参考文献

- [1] Lovley D R, Holmes D E, Nevin K P. *Adv Microbial Physiol*, 2004, 49: 199 ~ 286.
- [2] Daniel R, Warnecke F, Potekhina J S, et al. *FEMS Microbiol Lett*, 1999, 180: 197 ~ 203.
- [3] Tebo B M, Obratsova A Y. *FEMS Microbiol Lett*, 1998, 162: 193 ~ 198.
- [4] Roden E E, Lovley D R. *Appl Environ Microbiol*, 1993, 59: 734 ~ 742.
- [5] Lovley D R. *Geomicrobiol J*, 1987, 5: 375 ~ 399.
- [6] Dobbin P S, Carter J P, Juan C G-S S, et al. *FEMS Microbiol Lett*, 1999, 176: 131 ~ 138.
- [7] Dobbin P S, Warren L H, Cook N J, et al. *Microbiol*, 1996, 142: 765 ~ 774.
- [8] Schroder I, Johnson E J, Vries S. *FEMS Microbiol Rev*, 2003, 27: 427 ~ 447.
- [9] Nevin K P, Lovley D R. *Appl Environ Microbiol*, 2002, 68: 2294

~2299.

- [10] Nevin K P, Lovley D R. *Geomicrobiol J*, 2002, **19**: 141 ~ 159.
- [11] Newman D K, Kolter R. *Nature*, 2000, **405**: 94 ~ 97.
- [12] Hernandez M E, Newman D K. *Cell Mol Life Sci*, 2001, **58**: 1562 ~ 1571.
- [13] Nevin K P, Lovley D R. *Appl Environ Microbiol*, 2000, **66**: 2248 ~ 2251.
- [14] Childers S E, Ciufa S, Lovley D R. *Nature*, 2002, **416**: 767 ~ 769.
- [15] Caccavo F, Das A. *Geomicrobiol J*, 2002, **19**: 161 ~ 177.
- [16] Das A, Caccavo F. *Curr Microbiol*, 2001, **42**: 151 ~ 154.
- [17] Field S J, Dobbin P S, Cheesman M R, et al. *J Biol Chem*, 2000, **275**: 8515 ~ 8522.
- [18] Myers J M, Myers C R. *Appl Environ Microbiol*, 2002, **68**: 5385 ~ 5394.
- [19] Pitts K E, Dobbin P S, Reyes-Ramirez F, et al. *J Biol Chem*, 2003, **278**: 27758 ~ 27765.
- [20] Dichristina T J J. *Bacteriol*, 2002, **184**: 142 ~ 151.
- [21] Thompson D K, Beliaev A S, Giometti C S, et al. *Appl Environ Microbiol*, 2002, **68**: 881 ~ 892.
- [22] Lovley D R. *Nature Rev: Microbiol*, 2003, **1**: 35 ~ 44.
- [23] Lovley D R. *Science*, 2001, **293**: 1444 ~ 1446.
- [24] Lovley D R, Lonergan D J. *Appl Environ Microbiol*, 1990, **56**: 1858 ~ 1864.
- [25] Tor J M, Lovley D R. *Environ Microbiol*, 2001, **3** (4): 281 ~ 287.
- [26] Clément J C, Shrestha J, Ehrenfeld J G, et al. *Soil Biol Biochem*, 2005, **37**: 2323 ~ 2328.
- [27] Lee B D, Walton M R, Megio J L. *Water Res*, 2005, **39**: 4363 ~ 4374.
- [28] Guha H, Jayachandran K, Maurrasse F. *Environ Pollut*, 2001, **115**: 209 ~ 218.
- [29] 洪义国, 许玫英, 郭俊, 等. *微生物学报*, 2005, **45**: 653 ~ 656.
- [30] 谭盈盈, 郑平, 姜辛. *浙江大学学报*, 2002, **28**: 350 ~ 354.
- [31] 朱维琴, 林威永, 章永松. *应用生态学报*, 2002, **13**: 369 ~ 372.
- [32] 荆国华, 李伟, 施耀, 等. *中国环境科学*, 2004, **24**: 447 ~ 451.
- [33] Ma B Y, Li W, Jing G H, et al. *Environ Sci (China)*, 2004, **16**: 428 ~ 430.
- [34] 闵茂中, Xu H F, Barton L L, 等. *中国科学D辑*, 2004, **34**: 125 ~ 129.
- [35] Xu M, Guo J, Cen Y, et al. *In J Syst Evol Microbiol*, 2005, **55**: 363 ~ 368.
- [36] 许玫英, 钟小燕, 曹渭, 等. *微生物学通报*, 2005, **32** (1): 5 ~ 9.
- [37] 许玫英, 郭俊, 钟小燕, 等. *微生物学报*, 2004, **44** (5): 561 ~ 566.
- [38] 许玫英, 林培真, 孔祥义, 等. *微生物学报*, 2005, **45** (3): 463 ~ 466.

• 科技信息 •

在细胞微生物中发现最短的染色体

日本、西班牙联合研究小组发现生活于木虱科昆虫(以吸食植物汁液为生)体内的“共生菌”,其名称叫 *Carsonella raddii*,实际上它不是真正的共生,而是一种寄生菌,其染色体(基因组)只有160kb(16万碱基对)之长,曾把最小的基因组定为400kb左右,并认为没有“废DNA”,而新发现的 *C. raddii* 也许是进化成昆虫细胞内的一个细胞器,成为该昆虫细胞的组成部分或补偿细胞缺失的基因功能,认为该菌属于蛋白质细菌类(*Proteobacteria*),寄生于宿主细胞内营寄生生活;另一种“寄生”细胞内的共生菌,叫蚜虫巴克纳氏菌(*Buchnea aphicola*),实际上它与宿主建立的共生关系,其基因组比 *C. raddii* 要大些,约420kb,它们含另外一些细菌与蚜虫(俚木虱科)所建立互为有利的共生关系已失去了“共生者”所具有的重要功能而走向“灭亡”之路,一是可能转为宿主细胞组成成分,由于短小染色体会缩减到几乎被宿主细胞所同化;二是也有可能该细菌趁机而入从而取而代之,与宿主建立新的共生关系,此时宿主也不会“反对”,因为双方互为有益。总之,这类研究成果表明,与宿主建立寄生和共生关系两种细菌,它们具有最小的基因组,其存在与消失或退化竟对宿主有多大的影响力,还得需要进一步研究观察。

柯为