

主编点评

# 高温放线菌的多样性

周宁一

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

高温微生物能在高温环境下生存，并能维持其自身生理生化过程的酶系和化合物的稳定性<sup>[1]</sup>。自 1969 年发现水生栖热菌(*Thermus aquaticus*)以后<sup>[2]</sup>，高温菌就引起微生物学家的极大关注。高温菌两个显著的特点决定了其在现代分子生物学和工业应用上的重要价值：一是热稳定性功能分子；二是生长极快且会自溶，能在高温条件下发酵而不易受污染。目前对于高温微生物关注度最高的是适应高温的细胞结构和生理特性，耐高温酶及其活性机理，高温稳定的活性化合物或稀有生物材料等。高温菌是开发各种具有工业价值热稳定酶的菌源，耐高温纤维素酶尤其受到青睐。目前所发现的高温微生物大多数为细菌和古菌，有少数真菌，主要在以下属中发现较多的高温放线菌菌株：高温单孢菌属(*Thermomonospora*)<sup>[3-4]</sup>、高温双岐菌属(*Thermobifida*)<sup>[3]</sup>、高温多孢菌属(*Thermopolyspora*)、糖单孢菌属(*Saccharomonospora*)<sup>[5]</sup>、糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*)<sup>[6]</sup>、链霉菌属(*Streptomyces*)<sup>[7]</sup>、假诺卡氏菌属(*Pseudonocardiocardia*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)、小单孢菌属(*Micromonospora*)等。高温放线菌目前最高适应温度是 70 °C，尚未发现最适生长温度在 75 °C 以上的放线菌类群，因此从各种高温环境如干热河谷、高温堆肥、高温热泉、深海热液口等通过纯培养分离方法的改进来实现大量高温放线菌资源的挖掘，才能使其发挥更大的作用。

本刊 2013 年第 6 期刊登了张敬、李文均等的论文“云南干热环境可培养高温放线菌多样性及产纤维素酶活性评价”<sup>[8]</sup>。作者们以高温环境放线菌(*Thermophilic actinobacteria*)资源为研究对象，探索高温环境中放线菌资源的分布情况。该研究从云南极其干旱且高温的干热河谷、土林等特殊的环境中，通过改进纯培养方法，分离了大量高温放线菌，其中 57% 的菌株具有纤维素酶活性。这项研究不仅发现了国内外同行已经描述的一些高温放线菌类群，还新增了一些新的稀有类群，具有明显的区域特殊性和潜在的应用价值。同时，作者们对不同环境的高温放线菌类群及多样性进行了比较，分析了其多样性产生的原因。这为深入、系统挖掘高温放线菌的活性材料提供了资源保障，并为后续研究提供了较好的思路。

**关键词：**高温放线菌，多样性

## 参考文献

- [1] Kikani BA, Shukla RJ, Singh SP. Biocatalytic potential of thermophilic bacteria and actinomycetes[A]//Current Research, Technology and Education Topics in Applied Microbiology and Microbial Biotechnology A[M]. Mendez-Vilas (ed.). Formatex Research Center, Badajoz, Spain, 2010: 1000–1007.
- [2] Brock TD, Freeze H. *Thermus aquaticus* gen. n. and sp. n., a nonsporulating extreme thermophile[J]. Journal of Bacteriology, 1969, 98(1): 289–297.
- [3] Zhang ZS, Wang Y, Ruan JS. Reclassification of *Thermomonospora* and *Microtetraspora*[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1998, 48(2): 411–422.
- [4] Yap WH, Zhang Z, Wang Y. Distinct types of rRNA operons exist in the genome of the actinomycete *Thermomonospora chromogena* and evidence for horizontal transfer of an entire rRNA operon[J]. Journal of Bacteriology, 1999, 181(17): 5021–5209.
- [5] Kim SB, Yoon JH, Kim H, et al. A phylogenetic analysis of the genus *Saccharomonospora* conducted with 16S rRNA gene sequences[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1995, 45(2): 351–356.
- [6] Embley TM, Smida J, Stackebrandt E. Reverse transcriptase sequencing of 16S ribosomal RNA from *Faenia rectivirgula*, *Pseudonocardia thermophila* and *Saccharopolyspora hirsuta*, three wall type IV actinomycetes which lack mycolic acids[J]. Journal of General Microbiology, 1988, 134(4): 961–966.
- [7] Kim B, Sahin N, Minnikin DE, et al. Classification of thermophilic streptomycetes, including the description of *Streptomyces thermoalcalitolerans* sp. nov.[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1999, 49(1): 7–17.
- [8] 张敬, 何伟宏, 唐蜀昆, 等. 云南干热环境可培养高温放线菌多样性及产纤维素酶活性评价[J]. 微生物学通报, 2013, 40(6): 1109–1120.

## Diversity of thermophilic actinobacteria

ZHOU Ning-Yi

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

**Keywords:** Thermophilic actinobacteria, Diversity.