



## 冰川细菌冷杆菌属的多样性研究进展

刘庆<sup>1</sup>, 杨蕾蕾<sup>1</sup>, 周宇光<sup>1,2</sup>, 辛玉华<sup>1\*</sup>, 东秀珠<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>中国科学院微生物研究所, 中国普通微生物菌种保藏管理中心, 北京 100101

<sup>2</sup>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, 北京 100101

**摘要:** 冰川作为地球主要的冰冻圈环境之一, 蕴藏着丰富的低温微生物资源。1976年, Inoue & Komagata从南极分离出一株嗜冷细菌, 直到1997年, 以这株嗜冷菌为模式物种, 建立了冷杆菌属(*Cryobacterium*), 同时该菌株被命名为嗜冷冷杆菌(*Cryobacterium psychrophilum*)。冷杆菌属物种主要分布于南北极、青藏高原冻土、冰川等低温环境, 但与冰川等环境中其他常见类群相比丰度较低, 属于稀有类群。目前, 该属已有15个有效描述种, 其中包含严格的嗜冷菌, 但不同种对温度的耐受性有差异, 因此是研究低温环境细菌进化和物种形成的良好材料。该属菌株可产生 $\beta$ -类胡萝卜素、低温酶等生物活性物质。本文综述了冷杆菌属的分布、生物学特征; 通过对GenBank中冷杆菌属纯培养菌株的全基因组序列进行平均核酸序列一致性(average nucleotide identity, ANI)计算和聚类分析, 明确其精确的分类地位, 评估了该类群物种多样性; 并讨论了冷杆菌在食品加工、医药卫生所需的生物活性物质的应用潜力。

**关键词:** 低温细菌, 冰川, 冷杆菌

冰川是地球主要的冰冻圈环境之一, 是多年降雪积聚形成的自然冰体。我国为低纬度山地冰川最发达的国家, 主要分布于山势高大的西部边缘地区。降雪、季风、沉降以及冰川融水径流等将冰川与外界连接, 形成一个动态的、特殊的生态系统。冰川中蕴藏着丰富的低温微生物资源。冰川表层环境与外界接触最为密切, 其中的微生

物常年处于低温、高强度紫外线辐射、周期性冻结-解冻等压力, 经历了漫长的适应性进化和遗传多样化过程, 在物种、生态、遗传、代谢等多个方面展现出丰富的多样性。根据生长温度特征, 低温微生物可分为两类: 一类是最高生长温度低于20 °C的嗜冷微生物; 另一类是在0–5 °C可生长繁殖, 最高生长温度高于20 °C的耐冷微生物。

基金项目: 国家自然科学基金(31600007)

\*通信作者。E-mail: 辛玉华, [xinyh@im.ac.cn](mailto:xinyh@im.ac.cn); 东秀珠, [dongxz@im.ac.cn](mailto:dongxz@im.ac.cn)

收稿日期: 2020-12-25; 修回日期: 2021-02-25; 网络出版日期: 2021-02-26

物<sup>[1]</sup>。低温微生物产生的不饱和脂肪酸、低温酶等生物活性物质，在食品保健、洗涤剂、环境工程等领域具有广泛的应用前景。冰川环境常见的低温细菌有冷杆菌属(*Cryobacterium*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、薄层杆菌属(*Hymenobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)等等，但严格的嗜冷菌多属于 *Cryobacterium* 和 *Flavobacterium* 等属。

冷杆菌属是革兰氏阳性细菌，被归类于放线菌门(*Actinobacteria*)，放线菌纲(*Actinobacteria*)，微球菌目(*Micrococcales*)中的微杆菌科(*Microbacteriaceae*)。1976年，Inoue & Komagata<sup>[2]</sup>从南极分离出了1株嗜冷细菌“*Curtobacterium psychrophilum*”，随后 Suzuki等<sup>[3]</sup>对其进行了分类学修订，建立了 *Cryobacterium* (冷杆菌)属。模式菌株为杆状、不产孢、菌落呈鲜艳的红色，是一株生长温度范围在0–18 °C的嗜冷菌，因此被命名为嗜冷冷杆菌(*Cryobacterium psychrophilum*)。直到2007年，Zhang等<sup>[4]</sup>在中国新疆一号冰川发现了该属的第2个物种耐冷冷杆菌(*Cryobacterium psychrotolerans*)。目前为止，仅有15个有效发表的物种(<https://lpsn.dsmz.de>)，其中8个物种是在2012至2020年间，由本实验室陆续从我国新疆一号冰川、甘肃透明梦珂冰川等低温环境中分离和描述。

## 1 冷杆菌属的分布

冷杆菌属已知物种中，除 *Cryobacterium tepidiphilum*<sup>[5]</sup>、*Cryobacterium soli*<sup>[6]</sup>和 *Cryobacterium mesophilum*<sup>[7]</sup>来源于土壤或根际环境以外，其余12个种均来源于冰川或极地环境，如 *Cryobacterium*

*arcticum* 分离自格陵兰岛<sup>[8]</sup>，*Cryobacterium roopkundense* 分离自喜马拉雅山脉的 Roopkund 冰川湖畔土壤<sup>[9]</sup>，而 *C. psychrotolerans*<sup>[4]</sup>、*Cryobacterium flavum*<sup>[10]</sup>、*Cryobacterium luteum*<sup>[10]</sup>、*Cryobacterium levicorallinum*<sup>[11]</sup>、*Cryobacterium aureum*<sup>[12]</sup>、*Cryobacterium zongtaii*<sup>[13]</sup>、*Cryobacterium melibiosiphilum*<sup>[14]</sup>、*Cryobacterium breve*<sup>[15]</sup>以及 *Cryobacterium ruanii*<sup>[15]</sup>均分离自新疆一号冰川或甘肃透明梦珂冰川表层样品。

另外在南北极、青藏高原冻土、冰川、南极湖泊沉积物、积雪、土壤甚至沙漠植物根际土壤中均发现有冷杆菌<sup>[16–21]</sup>。尽管纯培养研究显示冷杆菌属具有较高的物种多样性<sup>[17]</sup>，但对我国西部6条冰川表层样品的16S rRNA基因扩增子高通量测序，发现该属在冰川环境中的丰度很低，仅占0.02%，应属于稀有类群<sup>[20]</sup>。

## 2 冷杆菌属不同种的低温适应性

目前，冷杆菌属的15个种中，有9个种的最高生长温度低于20 °C，属于严格的嗜冷菌，而另外6个种的最高生长温度在26–30 °C之间(图1)。从图1系统发育树可以看出，该属的物种除 *C. mesophilum* 外，形成了3个系统发育分支，其中8株嗜冷菌形成一个大的分支，bootstrap 支持率达到99%；嗜冷种 *C. breve* 和2个耐冷物种 *C. tepidiphilum*、*C. psychrotolerans* 形成一个分支；3个耐冷物种 *C. soli*、*C. arcticum* 和 *C. zongtaii* 聚为一个分支。该属物种间系统发育关系和生长温度特征表明，该属在低温环境中进化产生了显著的低温适应性差异，因此，是研究低温适应性进化机制的良好材料。

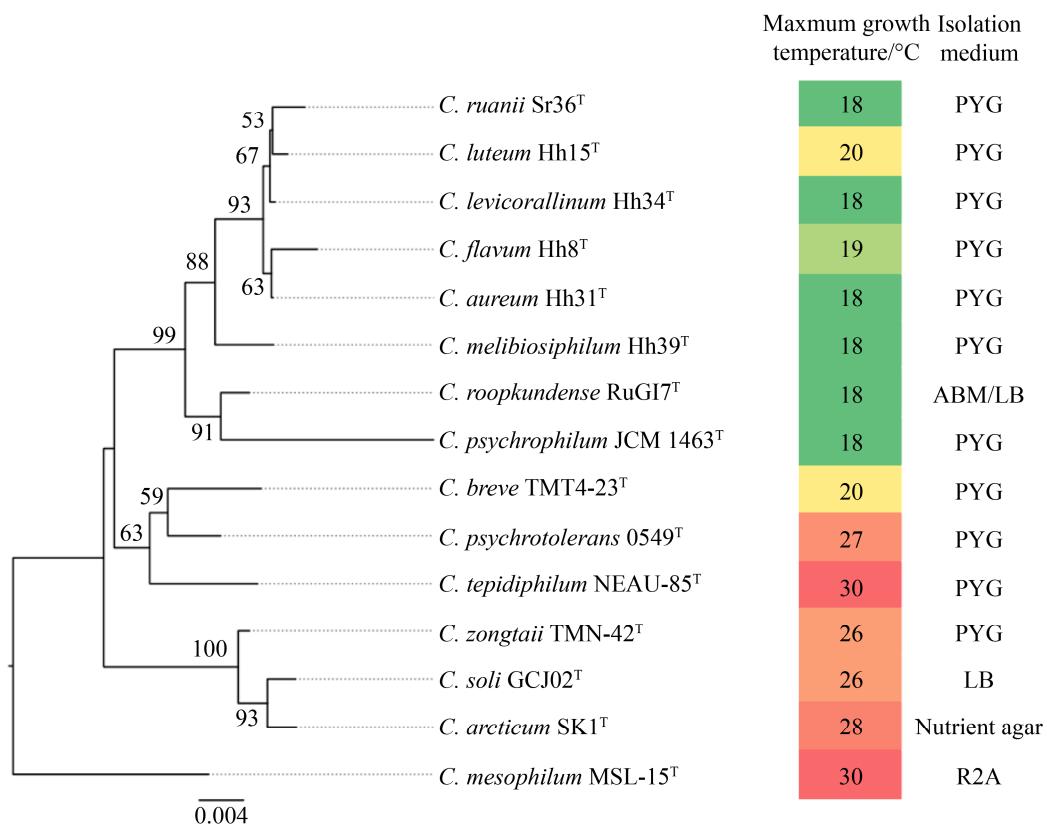


图 1. 基于冷杆菌属 16S rRNA 基因序列的系统发育树

Figure 1. Phylogenetic tree based on 16S rRNA gene sequence of the genus *Cryobacterium*.

在对冷杆菌属物种低温适应性进化的研究中, Liu 等<sup>[22]</sup>发现它们之间的温度耐受性存在梯度差异, 而且温度耐受性与系统发育分支的聚类相关; 通过全基因组分析发现, 其温度耐受性差异与同义密码子突变导致的密码子第 3 位的 GC(GC3)变异显著相关, 嗜冷类群(最高生长温度≤20 °C)偏好使用以 A/U 结尾的同义密码子; GC3 的变异可导致嗜冷类群和耐冷类群的 DNA 分子具有不同的柔韧性, 进而确保 DNA 以合适的分子动态正常行使功能, 而自然选择是推动这种密码子使用偏好的主要进化动力; 该研究揭示了冷杆菌菌株对低温适应性进化的分子机制。Liu 等<sup>[23]</sup>通过对分离自青藏高原冰芯样品的冷杆菌

和微杆菌科其它属中温菌的比较基因组学研究发现, 冷杆菌基因组中与应激反应、运动性和趋化性相关的基因数量显著高于中温菌, 而且冷杆菌在经历基因组扩张的进化过程中获得了一些与维生素合成、色素合成、膜转运以及单糖代谢等代谢途径相关的基因, 该研究从基因组特征和基因组成的进化角度揭示了冷杆菌对冰川低温、高强度 UV 辐射等环境的适应机制。

### 3 冷杆菌的分离培养

虽然多数冷杆菌栖息在冰冻圈环境, 但该属的菌株均可在营养丰富的培养基中生长。除 *C. mesophilum* MSL-15<sup>T</sup> 的分离培养基为寡营养

的 R2A 以外，其余物种的分离培养基均为 PYG 或 LB 等营养较为丰富的培养基(图 1)。本实验室冰川耐低温冷杆菌菌株均在 14 °C 条件下，利用 PYG 培养基( $W/V$ ，细菌蛋白胨 0.5%，酵母提取物 0.02%，葡萄糖 0.5%，牛肉膏 0.3%，NaCl 0.05%， $MgSO_4 \cdot 7H_2O$  0.15%，pH 7.0)分离得到<sup>[20]</sup>。Liu 等<sup>[24]</sup>总结，冷杆菌属已知种大多可在 2%–3% NaCl ( $M/V$ )浓度生长，而冰川环境优势的黄杆菌属菌株往往不能在高于 0.5% NaCl ( $M/V$ )浓度中生长<sup>[25–27]</sup>。因此，对冷杆菌的分离培养，可尝试提高培养基中 NaCl 的浓度，以抑制一些优势类群的生长。

#### 4 冷杆菌属的物种多样性

目前 GenBank 中共有冷杆菌纯培养物的基因

组序列 109 条，去除重复后共 99 条，其中 78 条为本实验室分析测定<sup>[22]</sup>。本研究利用 BioSAK 工具 (<https://github.com/songweizhi/BioSAK>) 在 GenBank 中获取 99 条全基因组序列，采用 FastANI 工具<sup>[28]</sup>计算菌株两两之间平均核酸序列一致性(average nucleotide identity, ANI)。根据 ANI 值和聚类分析结果显示，99 个全基因组可划分为 41 个物种(图 2)。说明目前已获得纯培养的冷杆菌属菌株至少有 41 个种，因此，仍有至少 26 个新物种有待有效描述。根据基因组 ANI 值聚类分析，该稀有类群具有较高的系统发育多样性(图 3)，一些尚未被鉴定描述的物种具有很高的种内多样性。也说明基于 16S rRNA 基因序列的已知物种系统发育分析(图 1)远远低估了冷杆菌的物种多样性。

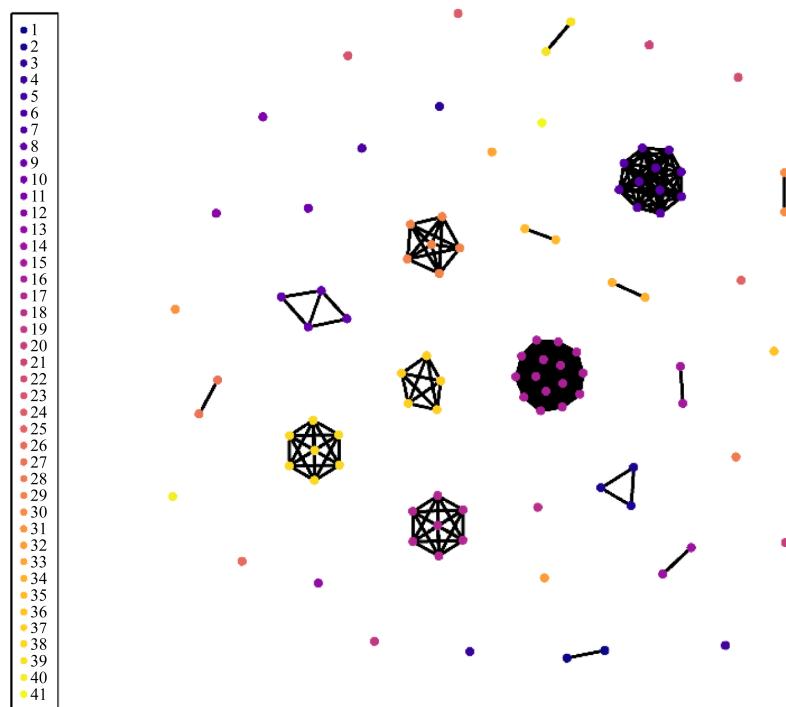


图 2. *Cryobacterium* 菌株基于全基因组 ANI 值 95% 为阈值的物种划分

Figure 2. Species delineation of *Cryobacterium* spp. based on 95% ANI value of genome sequences.

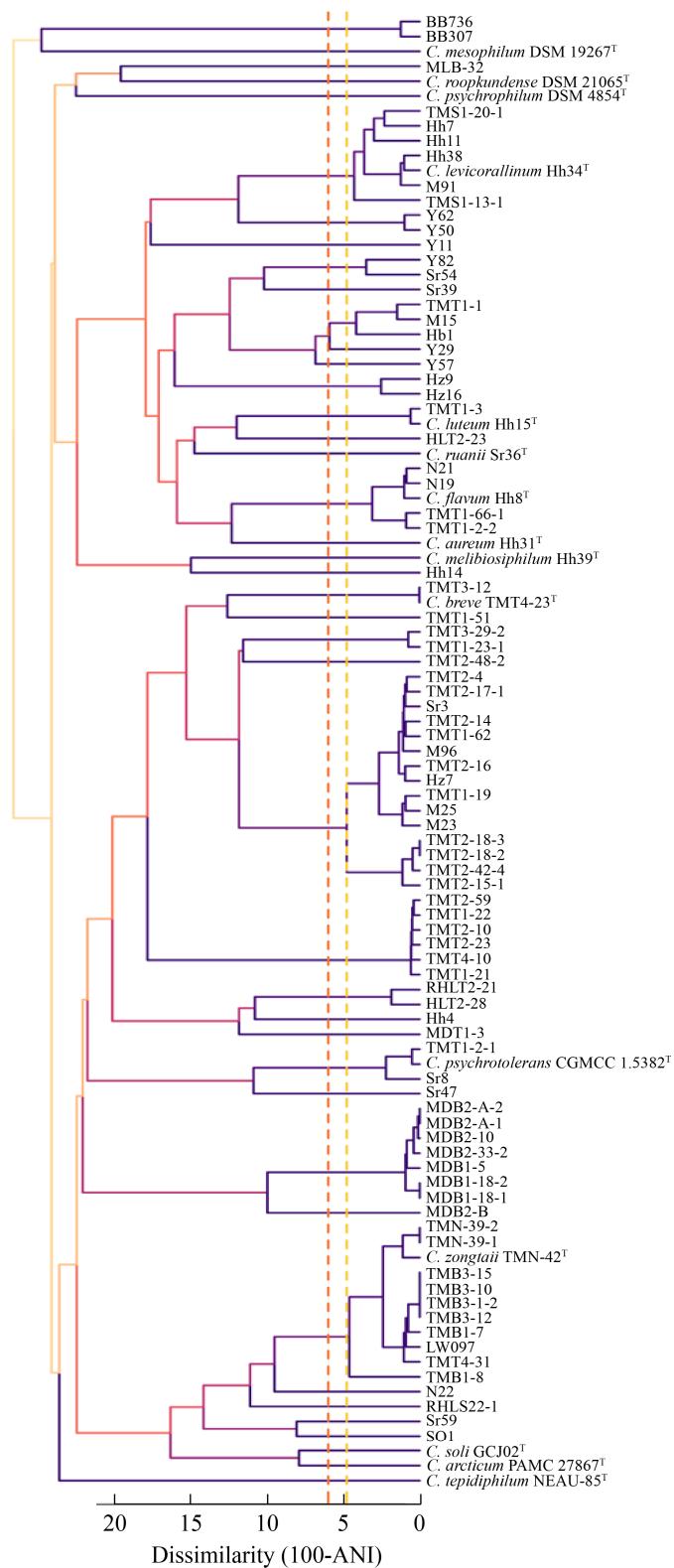


图 3. 基于全基因组 ANI 值的聚类分析

Figure 3. Cluster analysis based on whole genome ANI values. The dotted lines represent 95% and 96% of the ANI values, respectively.

## 5 冷杆菌的应用潜力

冷杆菌属菌落多呈黄色、橙色、红色等鲜艳颜色(图 4)。Vila 等<sup>[29]</sup>利用高压液相色谱和液相色谱-质谱联用等技术发现, 分离自南极的冷杆菌菌株可产类胡萝卜素 C.p. 450, 因此具有食品、化妆品等工业应用潜力。广利等<sup>[21]</sup>在研究罗布泊地区植物根际放线菌时, 分离到一株具有抗菌活性的冷杆菌, 不仅扩展了我们对于该属生态分布的认识, 也表明该属是可产活性代谢产物的潜在资源。倪永清等<sup>[30]</sup>在新疆一号冰川底部沉积层样品中分离到 2 株产低温蛋白酶的 *Cryobacterium* 菌株, 低温蛋白酶在食品加工、洗涤剂、医用疫苗和生物保鲜等多个方面具有应用优势。Gong 等<sup>[31]</sup>通过对菌株 *C. soli* GCJ02 的谷氨酰胺合成酶基因的功能研究发现其具有农业应用潜力。Wang 等<sup>[32]</sup>在一株嗜冷菌 *Cryobacterium* sp. LW097 中发现了 4 种新的低温  $\beta$ -半乳糖苷酶, 将这 4 种  $\beta$ -半乳糖苷酶分别在大肠杆菌中表达纯化后发现, 它们在 5 °C 时仍然保持着较高的相对酶活性, 对低乳糖牛奶生产等奶制品加工领域具有应用前景。因此, 对冷杆菌物种资源的挖掘和多样性研究, 可为低温酶工程、食品加工、医药卫生等行业奠定基础。

## 6 展望

冰川生态系统中包括了 3 个生命域的生物。光照、降雪、季风、沉降以及冰川融水径流等使得冰川形成了一个特殊的生态系统, 在参与生物地球化学循环过程起到非常重要的作用。栖息在冰川环境中的细菌物种多样性非常高。得益于高通量测序技术的发展, 目前冰川环境中细菌的群落组成已逐渐清晰。宏基因组学等非培养技术的使用, 不仅可以获取冰川细菌的物种多样性, 且有利于对冰川细菌群落动态演替规律及构建机制等生态学问题进行深入研究。但是, 组学方法并不能替代基于培养物的生理功能及遗传进化等研究。在一些未培养的细菌类群中, 半数以上的基因功能都无法预测, 甚至 85% 的基因无法归类到任何已知的代谢途径<sup>[33]</sup>。因此, 分离培养在微生物研究中仍然具有不可替代的重要性, 只有将微生物菌种在实验室培养和保藏, 才有可能对微生物资源进行可持续的研究和开发利用。以冷杆菌属为代表的冰川低温细菌, 采用低温复苏等培养方法, 目前已有数千株纯培养物<sup>[17,20]</sup>, 尚有大量新物种有待研究, 新资源挖掘潜力巨大。

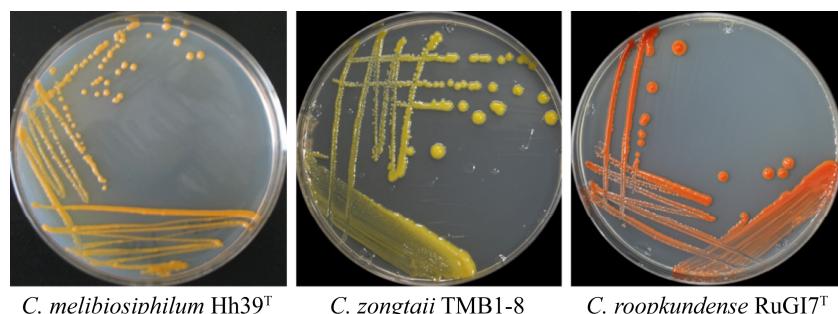


图 4. 冷杆菌属菌株典型菌落颜色示例  
Figure 4. Examples of colony color of *Cryobacterium* spp..

冷杆菌属广泛分布于低温环境中，经过漫长的进化，形成了特殊的抗冻生理特征。该属的基因组学研究表明其具有丰富的遗传多样性，但在冰川等低温环境中的进化历史和物种形成机制目前尚不明确。因此，该类群是开展理论和功能研究的宝贵资源。不断挖掘冷杆菌新的物种资源，提高物种描述率，研究其物种进化和形成机制，进一步开发低温生物活性物质，探索适应低温的分子机制，是未来研究的重要方向，能够使我们更加深刻理解冰川环境生态系统。

## 参考文献

- [1] Morita RY. Psychrophilic bacteria. *Bacteriological Reviews*, 1975, 39(2): 144–167.
- [2] Inoue K, Komagata K. Taxonomic study on obligately psychrophilic bacteria isolated from Antarctica. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 1976, 22(4): 165–176.
- [3] Suzuki KI, Sasaki J, Uramoto M, Nakase T, Komagata K. *Cryobacterium psychrophilum* gen. nov., sp. nov., nom. rev., comb. nov., an obligately psychrophilic actinomycete to accommodate “*Curtobacterium psychrophilum*” Inoue and Komagata 1976. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1997, 47(2): 474–478.
- [4] Zhang DC, Wang HX, Cui HL, Yang Y, Liu HC, Dong XZ, Zhou PJ. *Cryobacterium psychrotolerans* sp. nov., a novel psychrotolerant bacterium isolated from the China No. 1 glacier. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2007, 57(4): 866–869.
- [5] Wang Y, Cao P, Sun P, Zhao JW, Sun XJ, Zhang J, Li CX, Xiang WS, Wang XJ. *Cryobacterium tepidiphilum* sp. nov., isolated from rhizosphere soil of lettuce (var. ramosa Hort.). *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2019, 112(11): 1611–1621.
- [6] Gong CJ, Lai QL, Cai HF, Jiang YM, Liao H, Liu YF, Xue DS. *Cryobacterium soli* sp. nov., isolated from forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2020, 70(1): 675–679.
- [7] Dastager SG, Lee JC, Ju YJ, Park DJ, Kim CJ. *Cryobacterium mesophilum* sp. nov., a novel mesophilic bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2008, 58(5): 1241–1244.
- [8] Bajerski F, Ganzert L, Mangelsdorf K, Lipski A, Wagner D. *Cryobacterium arcticum* sp. nov., a psychrotolerant bacterium from an Arctic soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2011, 61(8): 1849–1853.
- [9] Reddy GSN, Pradhan S, Manorama R, Shivaji S. *Cryobacterium roopkundense* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from glacial soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2010, 60(4): 866–870.
- [10] Liu Q, Liu HC, Wen Y, Zhou YG, Xin YH. *Cryobacterium flavum* sp. nov. and *Cryobacterium luteum* sp. nov., isolated from glacier ice. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62(Pt\_6): 1296–1299.
- [11] Liu Q, Liu HC, Zhang JL, Zhou YG, Xin YH. *Cryobacterium levicorallinum* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from glacier ice. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63(Pt\_8): 2819–2822.
- [12] Liu Q, Xin YH, Chen XL, Liu HC, Zhou YG, Chen WX. *Cryobacterium aureum* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from glacier ice collected from the ice tongue surface. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2018, 68(4): 1173–1176.
- [13] Liu Q, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. Genetic diversity of glacier-inhabiting *Cryobacterium* bacteria in China and description of *Cryobacterium zongtaiii* sp. nov. and *Arthrobacter glacialis* sp. nov. *Systematic and Applied Microbiology*, 2019, 42(2): 168–177.
- [14] Liu Q, Tian JH, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. *Cryobacterium melibiosiphilum* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from glacier ice. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2019, 69(10): 3276–3280.
- [15] Liu Q, Tian JH, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. *Cryobacterium ruanii* sp. nov. and *Cryobacterium breve* sp. nov., isolated from glaciers. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2020, 70(3): 1918–1923.
- [16] Segawa T, Miyamoto K, Ushida K, Agata K, Okada N, Kohshima S. Seasonal change in bacterial flora and biomass in mountain snow from the Tateyama mountains, Japan, analyzed by 16S rRNA gene sequencing and real-time PCR. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(1): 123–130.
- [17] Peeters K, Ertz D, Willems A. Culturable bacterial diversity at the Princess Elisabeth Station (Utsteinen, Sør Rondane Mountains, East Antarctica) harbours many new taxa. *Systematic and Applied Microbiology*, 2011, 34(5): 360–367.

- [18] Shivaji S, Kumari K, Kishore KH, Pindi PK, Rao PS, Radha Srinivas TN, Asthana R, Ravindra R. Vertical distribution of bacteria in a lake sediment from Antarctica by culture-independent and culture-dependent approaches. *Research in Microbiology*, 2011, 162(2): 191–203.
- [19] Singh P, Singh SM, Dhakephalkar P. Diversity, cold active enzymes and adaptation strategies of bacteria inhabiting glacier cryoconite holes of High Arctic. *Extremophiles*, 2014, 18(2): 229–242.
- [20] Liu Q, Zhou YG, Xin YH. High diversity and distinctive community structure of bacteria on glaciers in China revealed by 454 pyrosequencing. *Systematic and Applied Microbiology*, 2015, 38(8): 578–585.
- [21] Tuo L, Xugela H, Guo L, Zhang YQ, Tao L, Wang FF, Liu JM, Jiang ZK, Pan Z, Zhang YB, Sun CH. Studies on diversity and bioactivity of rhizosphere actinomycetes from psammophyte in Lop Nor Region. *Chinese Journal of Antibiotics*, 2012, 37(1): 21–26. (in Chinese)  
庹利, 旭格拉·哈布丁, 郭琳, 张玉琴, 陶玲, 王飞飞, 刘佳萌, 蒋忠科, 潘臻, 张玉彬, 孙承航. 罗布泊地区沙生植物根际放线菌多样性及生物活性的研究. 中国抗生素杂志, 2012, 37(1): 21–26.
- [22] Liu Q, Song WZ, Zhou YG, Dong XZ, Xin YH. Phenotypic divergence of thermotolerance: Molecular basis and cold adaptive evolution related to intrinsic DNA flexibility of glacier-inhabiting *Cryobacterium* strains. *Environmental Microbiology*, 2020, 22(4): 1409–1420.
- [23] Liu YQ, Shen L, Zeng YH, Xing TT, Xu BQ, Wang NL. Genomic insights of *Cryobacterium* isolated from ice core reveal genome dynamics for adaptation in glacier. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 1530. DOI: 10.3389/fmicb. 2020.01530.
- [24] Liu Q, Zhou YG, Xin YH. *Cryobacterium*. //Whitman WB. Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria. New York: John Wiley and Sons, 2018.
- [25] Yang LL, Liu Q, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. *Flavobacterium laiguense* sp. nov., a psychrophilic bacterium isolated from Laigu glacier on the Tibetan Plateau. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2019, 69(6): 1821–1825.
- [26] Zhang GQ, Liu Q, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. *Flavobacterium ranwuense* sp. nov., isolated from glacier. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2019, 69(12): 3812–3817.
- [27] Yang LL, Liu Q, Liu HC, Zhou YG, Xin YH. *Flavobacterium psychrotolerans* sp. nov., a psychrotolerant bacterium isolated from Renlongba glacier on the Tibetan Plateau. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2020, 70(2): 1031–1036.
- [28] Jain C, Rodriguez-R LM, Phillip AM, Konstantinidis KT, Aluru S. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. *Nature Communications*, 2018, 9: 5114.
- [29] Vila E, Hornero-Méndez D, Azziz G, Lareo C, Saravia V. Carotenoids from heterotrophic bacteria isolated from Fildes Peninsula, King George Island, Antarctica. *Biotechnology Reports*, 2019, 21: e00306.
- [30] Ni YQ, Gu YL, Shi XW, Zheng XJ, Han L, Zhou H, Cheng GD. Phylogenetic and physiological diversity of cold-adapted bacteria producing protease from sediments of the bottom layer of the Glacier No.1 in the Tianshan Mountains. *Acta Microbiologica Sinica*, 2013, 53(2): 164–172. (in Chinese)  
倪永清, 顾燕玲, 史学伟, 郑晓吉, 韩亮, 周红, 程国栋. 天山一号冰川底部沉积层产蛋白酶耐低温菌株的筛选及其系统发育. 微生物学报, 2013, 53(2): 164–172.
- [31] Gong CJ, You XH, Zhang SY, Xue DS. Functional analysis of a glutamine biosynthesis protein from a psychrotrophic bacterium, *Cryobacterium soli* GCJ02. *Indian Journal of Microbiology*, 2020, 60(2): 153–159.
- [32] Wang L, Mou Y, Guan B, Hu Y, Zhang Y, Zeng J, Ni Y. Genome sequence of the psychrophilic *Cryobacterium* sp. LW097 and characterization of its four novel cold-adapted  $\beta$ -galactosidases. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2020, 163: 2068–2083.
- [33] Overmann J, Abt B, Sikorski J. Present and future of culturing bacteria. *Annual Review of Microbiology*, 2017, 71: 711–730.

# Research progress on the diversity of glacial bacteria *Cryobacterium*

Qing Liu<sup>1</sup>, Leilei Yang<sup>1</sup>, Yuguang Zhou<sup>1,2</sup>, Yuhua Xin<sup>1\*</sup>, Xiuzhu Dong<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup> China General Microorganism Culture Collection Center, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

<sup>2</sup> State Key Laboratory of Microbial Resources, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

**Abstract:** Glaciers, as the main cryosphere on earth, are inhabited by abundant cold-adapted microorganisms. In 1976, Inoue & Komagata isolated a psychrophilic bacterium from Antarctica. Until 1997, genus *Cryobacterium* was validly published with *Cryobacterium psychrophilum* as type species and this psychrophilic strain as type strain. The species in genus *Cryobacterium* were mainly distributed in cold environments such as Antarctic, Arctic, permafrost and glacier in Tibetan Plateau. *Cryobacterium* belongs to rare group, since its abundance is lower than other common groups in glacier environment. At present, there are 15 species in genus *Cryobacterium* with validly published names, including nine psychrophilic species. Different species show phenotypic divergence of thermostolerance. Therefore, *Cryobacterium* strains can be excellent materials for studying the evolution and speciation of bacteria in the cold environment. *Cryobacterium* strains can produce  $\beta$ -carotenoids, cold-adapted enzymes and other bioactive substances. In this paper, the distribution, biological characteristics and application potential of *Cryobacterium* were reviewed. The diversity of *Cryobacterium* was discussed by calculation and cluster analysis of the average nucleotide identity (ANI) using the whole genome sequences of *Cryobacterium* which were downloaded from GenBank database. The application potential of *Cryobacterium* in food processing, medicine and health field was discussed.

**Keywords:** cold-adapted bacteria, glacier, *Cryobacterium*

(本文责编: 李磊)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31600007)

\*Corresponding authors. E-mail: Yuhua Xin, xinyh@im.ac.cn; Xiuzhu Dong, dongxz@im.ac.cn

Received: 25 December 2020; Revised: 25 February 2021; Published online: 26 February 2021

刘庆, 博士, 中国科学院微生物研究所高级工程师, 毕业于中国农业大学。主要从事细菌资源挖掘和保藏、冰川环境细菌的多样性、系统进化和生态适应等研究, 在中国普通微生物菌种保藏管理中心(CGMCC)建立了冰川低温细菌菌种资源库和数据库。曾以第一或通讯作者在 *ISME Journal*、*Environmental Microbiology*、*Frontiers in Microbiology*、*Systematic and Applied Microbiology*、*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)* 等国际主流期刊发表 26 篇冰川细菌领域学术论文, 发表细菌新科 1 个, 新属 2 个, 新种 28 个。已主持国家自然科学基金青年基金项目 1 项, 中国科学院战略生物资源能力建设项目 1 项。

