

青藏高原淡水湖普莫雍错和盐水湖阿翁错湖底 沉积物中细菌群落的垂直分布

时玉¹ 孙怀博¹ 刘勇勤² 侯居峙² 朱立平² 褚海燕^{1*}

(1. 中国科学院南京土壤研究所 土壤与农业可持续发展国家重点实验室 江苏 南京 210008)

(2. 中国科学院青藏高原研究所 青藏高原环境变化与地表过程实验室 北京 100085)

摘要:【目的】湖泊沉积物中存储着大量独特的微生物,这些微生物在湖泊生态系统生物地球化学循环中扮演着非常重要的角色。然而,很少有研究报道微生物群落在湖泊沉积物中的垂直分布。本文比较研究青藏高原淡水湖普莫雍错和盐水湖阿翁错沉积物在不同深度下细菌的丰度和群落结构。【方法】利用定量 PCR (qPCR)和变性梯度凝胶电泳(DGGE)技术分别测定细菌群落的丰度与群落结构。【结果】定量 PCR 结果显示,湖泊沉积物中细菌丰度均随深度增加而降低,盐水湖阿翁错和淡水湖普莫雍错的细菌丰度分别从 10^{11} 数量级降到 10^8 数量级,从 10^{12} 数量级降到 10^{10} 数量级。在相对应的沉积物层,淡水湖沉积物的细菌丰度比盐水湖高 1-2 个数量级。变性梯度凝胶电泳(DGGE)指纹图谱的分析表明,淡水湖沉积物细菌群落的 DGGE 条带数(丰富度)显著高于盐水湖($P=0.014$);淡水与盐水湖泊沉积物细菌群落结构明显不同,同时在同一湖泊沉积物中上层(0-6 cm)和下层(7-20 cm)细菌群落结构也呈明显分异。系统发育分析表明,盐水湖阿翁错沉积物特有菌门为 Gamma-变形菌、拟杆菌门、蓝细菌和栖热菌门,而淡水湖普莫雍错沉积物中特有菌门为 Delta-和 Beta-变形菌、酸杆菌和绿弯菌门。【结论】青藏高原淡水与盐水湖泊沉积物细菌丰度与群落结构具有明显的差异;同时,细菌群落结构在沉积物的不同深度也表现出差异。这些结果可为进一步阐明青藏高原湖泊生态系统中微生物对气候环境变化的响应提供科学依据。

关键词: 实时定量 PCR, DGGE, 青藏高原, 湖泊沉积物, 细菌群落, 垂直分布

基金项目: 国家自然科学基金项目(No. 41071167)

*通讯作者: Tel: 86-25-86881356; ✉: hychu@issas.ac.cn

收稿日期: 2014-02-10; 接受日期: 2014-03-17; 优先数字出版日期(www.cnki.net): 2014-04-14

Vertical distribution of bacterial community in sediments of freshwater lake Puma Yumco and saline lake AWongco on the Tibetan Plateau

SHI Yu¹ SUN Huai-Bo¹ LIU Yong-Qin² HOU Ju-Zhi² ZHU Li-Ping² CHU Hai-Yan^{1*}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing, Jiangsu 210008, China)

(2. Key Laboratory of Tibetan Environment Changes and Land Surface Processes, Institute of Tibetan Plateau Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China)

Abstract: [Objective] Lake sediments store huge amount of specific microorganisms that greatly contribute to biogeochemical processes in lake ecosystems. However, there is little information about the vertical distribution of microbial community along lake sediment profile. In this study, we investigated the abundance and structure of pristine sediment bacterial communities along a depth gradient (0–20 cm) in a freshwater lake Puma Yumco and a saline lake AWongco on the Tibetan Plateau. [Methods] Real-time quantitative PCR (qPCR) and denaturant gradient gel electrophoresis (DGGE) were used to determine the bacterial abundance and community structure, respectively. [Results] Bacterial abundance consistently decreased along vertical depth in the two lake sediments and the abundance decreased from 10^{12} to 10^{10} in freshwater lake and from 10^{11} to 10^8 in saline lake, respectively. Bacterial abundances in freshwater lake were one order of magnitude higher than those in saline lake at each vertical depth. DGGE analysis showed that the bacterial richness was significantly higher ($P=0.014$) in freshwater lake than saline lake sediments; the bacterial community composition was clearly different between these two lake sediments, and the communities differed between upper (0–7 cm) and lower (7–20 cm) depths. Phylogenetic analysis showed that Gamma-proteobacteria, Bacteroidetes, Deinococcus-Thermus and Cyanobacteria were present in saline sediments while Delta- and Beta-proteobacteria, Acidobacteria and Chloroflexi were only detected in freshwater sediment. [Conclusion] These results indicated that bacterial abundance and community structure differed dramatically between freshwater lake and saline lake sediments, and the microbial community composition also differed along the depth of sediments. Our results could provide the scientific base on how microbes in lake ecosystems respond to climate change on the Tibetan Plateau.

Keywords: Real time PCR, DGGE, Tibetan Plateau, Lake sediment, Bacterial community, Vertical distribution

湖泊是陆地生态系统的重要组成部分,湖泊沉积物中不仅含有丰富的微生物资源,而且这些微生物能够促进物质交换,对地球生物化学循环起着非常重要的作用^[1]。湖泊沉积物中的矿物质、营养元素以及气候变迁等信息随着时间的推移而产生连续性积累,即不同深度的沉积物在一定程度上反应了当时的生态环境。特别是干旱、半干旱地区的封闭型湖泊沉积物,是环境变迁的忠实记录者,从而使之成为研究全球古气候变化的重要载体^[2-4]。当然,外界环境因子变化所带来的沉积物成分的变

化,对微生物的群落结构也有非常显著的影响。随着研究技术手段的不断进步,越来越多的研究深入到微生物多样性以及群落随湖底沉积物深度变化的研究。例如,Casamayor等^[5]在研究太阳能盐场的古菌、细菌以及真核微生物的群落分布时发现,微生物群落能够随盐度梯度进行变化。Langenheder等^[6]也发现了河流附近浮游生物群落能够受到盐度的影响。Henriques等^[7]发现细菌群落季节性以及空间变化与河口梯度有关。Swan等^[8]对加利福尼亚州的盐湖沉积物梯度研究发现,

含盐量影响了微生物群落的分布,并且细菌群落丰度随沉积物深度加深而降低。在国内,Zhang等^[9]在研究中国南海的细菌群落时发现,群落与盐度有明显相关关系。Jiang等^[10]对中国柴达木盆地茶卡盐湖的沉积物研究发现,沉积物上下层中的细菌群落组成不同,细菌群落丰度随深度加深而降低,并且认为含盐量影响细菌群落丰度。综上研究表明,盐度的变化对微生物的多样性以及群落组成有很大的影响。然而,这些研究大部分都是在含盐量较高的湖水或海水中进行,很少进行淡水湖泊沉积物中微生物的研究,并且这些研究都是在同一区域进行,同时进行淡水和盐水湖底沉积物中微生物多样性,并对两种湖泊沉积物微生物多样性进行比较的研究更是少之又少。

青藏高原分布着地球上面积最大($2 \times 10^6 \text{ km}^2$)、海拔最高(平均 4 500 m 以上)、数量最多及以盐碱湖集中为特色的高原湖群区。据统计,青藏高原面积大于 1.0 km^2 的湖泊就有 1 091 个,总面积超过 $50 900 \text{ km}^2$,湖泊年龄据估计均在 2-8 百万年以上。由于地处内陆干旱、半干旱地区,对气候变化特别是降水变化很敏感;同时,这些湖泊受到人类活动直接影响较少,基本保持其生态原貌,为科学研究提供了天然的实验样品。基于此,研究青藏高原湖泊沉积物微生物群落及其多样性,能够为研究高原生态环境以及预测气候环境效应和全球变化所带来的影响和作用提供理论基础^[9-11]。本研究通过实时定量 PCR 技术,对沉积物中的细菌个数进行准确定量,结合 PCR-DGGE 技术,进一步对细菌群落的多样性和群落结构进行分析,从而揭示青藏高原淡水湖以及盐水湖沉积物的微生物群落及其多样性变化,为后续研究青藏高原在全球气候变化下微生物对外界环境变化的响应与预测提供依据。

1 材料与amp;方法

1.1 样品采集

阿翁错(N32°46', E81°44')面积为 58 km^2 ,海拔 4 300 m,盐分含量 87.1 g/L,为盐水湖。普莫雍错(N28°34', E90°23')面积为 280 km^2 ,海拔 5 100 m,

盐分含量 0.36 g/L,为淡水湖。两湖泊相距 949 km。2007 和 2008 年分别在普莫雍错和阿翁错钻取 20 cm 长的短湖芯,选取 0-1 cm、1-2 cm、2-3 cm、3-4 cm、5-6 cm、7-8 cm、9-10 cm、11-12 cm、15-16 cm、19-20 cm 共 10 个梯度,两个湖泊共 20 个样品进行研究。取完样品后立即带回实验室,将每个样品分为两部分,分别于 4 °C (理化性质测定)和 -20 °C (DNA 提取)保存。

1.2 理化性质测定

沉积物 pH 值用 1:5 (质量体积比)的土水比测定所得。Total Carbon, Total Nitrogen 用全氮全碳分析仪(Vario Max CN, Elementar, Germany)测定。

1.3 DNA 提取

总 DNA 提取使用 FastDNAR SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, Santa Ana, CA)试剂盒,依照厂家手册,每个样品称取 0.5 g 提取总 DNA。提取后的总 DNA 溶解在 70 μL TE buffer 中,用分光光度计 NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific Inc. USA)测定总 DNA 的浓度,放于 -20 °C 保存。

1.4 普通 PCR 扩增

细菌 16S rDNA 的扩增选用特异性引物 341F-GC/907R^[12]。341F :5'-CCTACGGGAGGCAG CAG-3'; 907R : 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTT T-3',GC 发卡结构 5'-CCCCCGCCGCGCGCGGGCGGG CGGGGCGGGGGCACGGGCCG-3'。扩增产物片段长约 560 bp 左右。25 μL 的 PCR 扩增体系 Premix Taq DNA 聚合酶 12.5 μL , DNA 模板(60 mg/L) 0.5 μL , 正反向引物(20 mg/L)各 0.25 μL ddH₂O 补充至 25 μL 。PCR 扩增条件: 95 °C 5 min; 94 °C 45 s, 56 °C 45 s, 72 °C 45 s, 30 个循环; 72 °C 10 min; 4 °C 保存。

1.5 定量 PCR (qPCR)

定量 PCR 采用 SYBR Green 法,所用特异性引物是 519F/907R^[13]。519F :5'-CAGCMGCCGCGG TAATWC-3'; 907R : 5'-CCGTCAATTCMTTTRAG TTT-3'。片段长度为 400 bp。扩增体系为 20 μL , 每个样品 3 个重复。配置如下 SYBR Green Realtime PCR Master Mix 10 μL , 正反向引物各 1 μL , DNA

模板(6 mg/L) 1 μ L, ddH₂O 补足至 20 μ L。用 Bio-Rad CFX96 扩增仪, 扩增条件: 95 °C 3 min; 94 °C 10 s, 58 °C 20 s, 72 °C 30 s, 45 个循环。实验设置 3 个阴性对照和 3 个阳性对照。

1.6 变性梯度凝胶电泳(DGGE)

采用 Bio-Rad 公司 DcodeTM 的基因突变检测系统对 PCR 反应产物进行分析。制备变性剂浓度从 45%–70% (变性剂是尿素和去离子甲酰胺)的 6%聚丙烯酰胺凝胶, 其中变性剂的浓度从凝胶的上方向下方依次递增。待胶完全凝固后, 将胶板放入装有 0.5 \times TAE 电泳缓冲液的装置中, 每个加样孔中加入 PCR 产物 10 μ L, 在 70 V 的恒定电压下, 60 °C 恒温电泳 15 h。电泳完毕后, 将凝胶在 1:10 000 SYBR Green 中染色 30 min。用 Bio-Rad 凝胶成像系统的 Quantity One 4.4.0 软件分析染色后的凝胶, 观察每个样品的电泳条带并拍照。

1.7 克隆测序

在紫外照射下, 选择 DGGE 图谱上优势条带以及特殊条带, 用灭菌刀片进行切割回收, ddH₂O 冲洗, 然后浸泡在 30 μ L 的 TE 缓冲液中, 4 °C 过夜, 取 2 μ L 为模板, 用不含 GC 夹的 341F/907R 引物进行 PCR 扩增, 1%的琼脂糖凝胶电泳检测, 然后切下目的条带, 用柱式胶纯化试剂盒(Transgen)纯化后连入 pEASY-T3 载体, 转入大肠杆菌 *Escherichia coli* DH5 α 感受态细胞, 采用菌落 PCR 检测阳性克隆, 每个 DGGE 条带随机挑 8 个载有插入片段的阳性克隆子送交上海英俊(Invitrogen) 生物技术有限公司。

1.8 测序结果与数据库比对

测序结果用 DNASTar 软件(DNASTar Inc., Madison, WI)进行检测和比对, 选出一个测序质量最好的克隆序列做为该 DGGE 条带的代表序列进行系统进化分析。代表序列用 GenBank 数据库进行 BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 比对, 选择与 DGGE 条带测序结果同源性最相似的前 3 个序列用 MEGA 4.0 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)软件的 Neighbor-Joining 方法进

行系统进化树分析。测序结果已传入 GenBank 数据库, 收录号是 JX880050–JX880067。

1.9 数据分析

DGGE 指纹图谱分析用 Bio-Rad 公司的 Quantity One 软件分析, NMDS (Non-metric multidimensional scaling)分析用 Rv.2.8.1 软件的 Vegan 软件包(R Development Core Team, 2008)。方差分析用 IBM SPSS Statistics 20.0 软件。

2 结果与分析

2.1 样品基本理化性质

盐水湖阿翁错和淡水湖普莫雍错沉积物样品的理化性质如表 1 所示。结果表明盐水湖阿翁错沉积物中总碳(TC)的含量显著高于淡水湖普莫雍错 ($P<0.001$), 而淡水湖普莫雍错沉积物中总氮(TN)的含量显著高于盐水湖阿翁错($P=0.046$)。淡水湖普莫雍错碳氮比(TC/TN)为 14.04–17.50, 盐水湖阿翁错为 19.12–35.29。另外, 研究发现两个湖泊都是碱性湖(pH>7.00), 盐水湖阿翁错的 pH 为 9.29–9.68, 显著高于淡水湖普莫雍错的 pH 值(8.25–8.60) ($P<0.001$)。

2.2 16S rRNA 基因的定量

基于实时定量 PCR 技术, 对盐水湖阿翁错和淡水湖普莫雍错的沉积物样品进行细菌数目定量。结果发现, 在阿翁错湖底沉积物中, 细菌丰度最高在 1–2 cm 沉积物层为 4.8×10^{10} 个/g 沉积物, 最低存在于 19–20 cm 沉积物层, 细菌数目为 2.6×10^8 个/g 沉积物。与阿翁错湖相似, 普莫雍错湖细菌丰度最高也在 1–2 cm 沉积物层, 数目为 1.32×10^{12} 个/g 沉积物, 而最低存在于 15–16 cm 沉积物层, 细菌个数为 1.40×10^{10} 个/g 沉积物。细菌丰度变化随沉积物深度变化如图 1 所示, 细菌群落丰度随着沉积物深度递增而大幅度的降低, 表层沉积物的细菌群落丰度比底层高 2–3 个数量级。淡水湖普莫雍错的细菌群落丰度随沉积物深度加深从 10^{12} 数量级降到 10^{10} 数量级。盐水湖阿翁错的细菌群落丰度随沉积物深度加深从 10^{11} 数量级降到 10^8 数量级。同时, 从图 1 还可以看出, 在相对应的沉积物层中, 淡水湖普莫雍错的细菌丰度比盐水湖阿翁错高 1–2 个数量级。

表 1 普莫雍错和阿翁错湖泊沉积物垂直梯度的理化性质
Table 1 Physicochemical properties in the sediments of Lakes AWongco and Puma Yumco along depth

深度 Depth (cm)	普莫雍错 Puma Yumco				阿翁错 AWongco			
	总碳 TC (%)	总氮 TN (%)	碳氮比 C/N	pH	总碳 TC (%)	总氮 TN (%)	碳氮比 C/N	pH
0-1	3.23	0.23	14.04	8.60	4.97	0.26	19.12	9.29
1-2	3.14	0.22	14.27	8.49	4.59	0.19	24.16	9.43
2-3	3.23	0.22	14.68	8.52	4.88	0.22	22.18	9.50
3-4	3.20	0.20	16.00	8.40	5.12	0.23	22.26	9.68
5-6	3.22	0.20	16.10	8.46	4.11	0.19	21.63	9.24
7-8	3.50	0.20	17.50	8.41	4.94	0.14	35.29	9.39
9-10	3.65	0.21	17.38	8.25	3.91	0.16	24.44	9.32
11-12	3.51	0.21	16.71	8.29	4.77	0.14	34.07	9.38
15-16	3.44	0.23	14.96	8.28	3.98	0.17	19.90	9.32
19-20	3.53	0.24	14.71	8.25	4.69	0.18	26.06	9.29

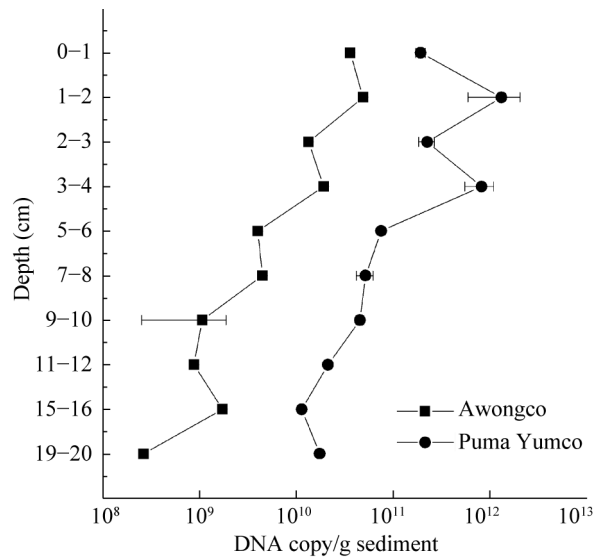


图 1 基于实时定量 PCR 技术测定的阿翁错(AWongco)和普莫雍错(Puma Yumco)湖泊沉积物细菌群落的丰度
Figure 1 Bacterial abundance determined by qPCR in the sediments of Lakes AWongco and Puma Yumco

2.3 PCR-DGGE 指纹图谱技术分析细菌群落分布
通过 DGGE 实验,得到了青藏高原淡水湖普莫雍错和盐水湖阿翁错湖底沉积物的微生物多样性随深度变化图谱(图 2)。从图 2 中可以看出,淡水湖普莫雍错湖底沉积物具有较高多样性,而盐水湖阿翁错湖则较低。结合 DGGE 图谱,使用 Quantity One 软件,得到了 DGGE 条带分布统计表,综合统计

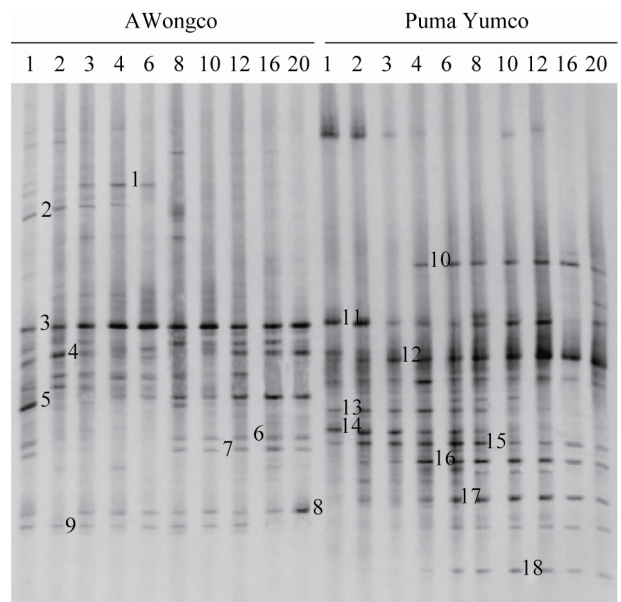


图 2 PCR-DGGE 技术分析阿翁错(AWongco)和普莫雍错(Puma Yumco)湖泊沉积物细菌群落分布的指纹图谱
Figure 2 PCR-DGGE analyses of bacterial communities in the sediments of Lake AWongco and Puma Yumco
注:条带上面的数字表示沉积物深度(0-20 cm),条带上的数字表示选取的代表条带.

Note: Numbers above each lane indicate depths (0-20 cm) where the samples were collected. Labeled bands were excised and sequenced.

分布表, 获得 PCR-DGGE 分析沉积物细菌群落的垂直分布表(表 2)。统计分析发现, 淡水湖普莫雍错的细菌群落条带数显著高于盐水湖阿翁错 ($P=0.014$), 在淡水湖普莫雍错沉积物的 4–10 cm 处发现了更多的条带数, 条带数达到了 14 条, 而在盐水湖阿翁错湖底沉积物中, 不同深度条带数则没有明显的变化。随后进行了非度量多维尺度(NMDS)对 DGGE 条带分布统计表的分析, 如图 3 所示。结果表明, 两个湖泊的细菌群落结构明显不同。此外, 无论是盐水湖还是淡水湖, 上层(0–6 cm)和下层(8–20 cm)的群落结构也有明显不同, 表明沉积物中细菌群落结构在垂直分布中也有显著不同。

表 2 基于 DGGE 指纹图谱所获得的沉积物样品条带数随深度增加的统计表

Table 2 DGGE band numbers in the sediments of lake AWongco and Puma Yumco along depth		
深度 Depth (cm)	普莫雍错 Lake Puma Yumco	阿翁错 Lake AWongco
0–1	7	11
1–2	10	7
2–3	11	9
3–4	13	8
5–6	14	9
7–8	14	10
9–10	12	7
11–12	11	9
15–16	9	8
19–20	10	7

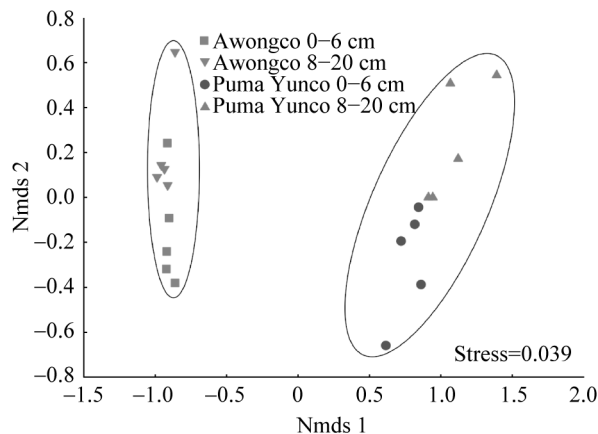


图 3 非度量多维尺度(NMDS)对 DGGE 指纹图谱的分析
Figure 3 Nonmetric multidimensional scaling plots (NMDS) of DGGE profiles based on a presence/absence binary matrix

2.4 构建系统发育树

利用克隆测序技术对 DGGE 指纹图谱中具有代表性的条带进行克隆测序, 如图 4 所示。本研究共对 18 个特殊条带进行测序, 获得 8 个类群的细菌, 包括变形菌(包括 Beta、Delta 和 Gamma-Proteobacteria 3 个亚门, 条带 4、5、11、15)、放线菌(Actinobacteria, 条带 7、13、14、18)、厚壁菌门(Firmicutes, 条带 3、10、12)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 条带 1、2)、酸杆菌(Acidobacteria, 条带 17)、栖热菌门(Deinococcus-Thermus, 条带 8、9)、蓝细菌(Cyanobacteria, 条带 6)、绿弯菌门(Chloroflexi, 条带 16)。其中 Gamma-变形菌(条带 4、5)只有在盐水湖阿翁错沉积物样品中发现, Delta-和 Beta-变形菌(条带 11、15)只在淡水湖普莫雍错沉积物样品中检测到, 拟杆菌门(条带 1、2)、蓝细菌(条带 6)和栖热菌门(条带 8、9)只在盐水湖阿翁错中发现, 酸杆菌(条带 17)和绿弯菌门(条带 16)只在淡水湖普莫雍错中发现。值得注意的是, 多数序列都与已确定的海洋沉积物、地下水、温泉、盐湖等缺氧极端环境中的细菌克隆相类似。

3 讨论

研究发现, 青藏高原阿翁错和普莫雍错湖泊沉积物两个湖泊沉积物中细菌群落丰度都随沉积物深度加深而降低, 这与前人的研究结果是一致的。例如, Chan 等^[14]对德国 Dagow 湖的研究发现, 古细菌群落丰度也是随深度递增而降低, 在湖底沉积物表层为 1×10^8 个/g 沉积物, 15–20 cm 深处为 4×10^7 个/g 沉积物, 明显低于青藏高原我们所调查的湖底沉积物细菌个数。因为氧气是氧化还原反应过程中的电子受体, 然而随着深度的加深氧含量降低, 微生物代谢速率降低, 碳的输出减少, 这就可能会导致微生物丰度随深度的加深而降低。本研究还发现, 淡水湖普莫雍错的细菌丰度在相对应的沉积物层比盐水湖阿翁错高 1–2 个数量级。这表明盐分含量可能决定了细菌丰度的高低, 一般来说, 细菌丰度在淡水湖中相对较高。但是, 对某一特定的细菌门类来说也有例外, 例如, Wu 等^[15]对青藏

高原 16 个盐浓度不同的湖泊研究发现, 盐浓度是影响湖泊中细菌群落组成和丰度的主要环境因子, Beta-变形菌的丰度随含盐量的升高而降低, 而 Alpha-变形菌和 Gamma-变形菌的丰度随含盐量的

升高而升高。Langenheder 等^[16]对瑞典一个河流的研究也发现 Beta-变形菌和 Gamma-变形菌在淡水湖中的丰度更高一些, 这可能与个别细菌种群对盐浓度的耐受范围有关。

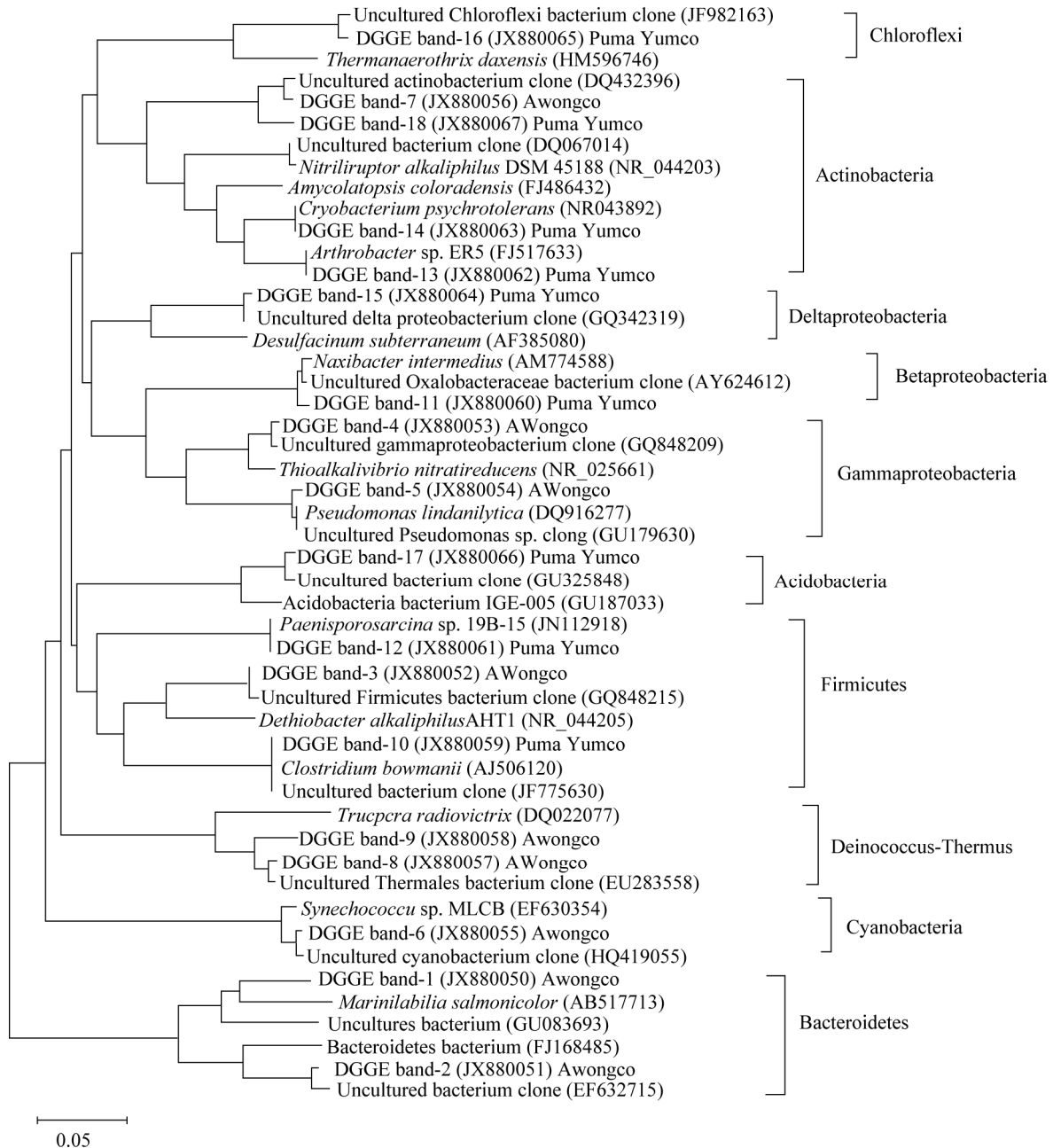


图 4 阿翁错和普莫雍错湖泊沉积物样品 16S rRNA 基因系统发育树

Figure 4 Neighbor-Joining tree showed the phylogenetic relationships of bacterial 16S rRNA gene sequences cloned from the Lake Awongco and Puma Yumco samples to the related sequences from the GenBank database

注: 括号内号码为序列接受号, 刻度 0.05 代表该长度下的进化距离.

Note: GenBank accession numbers are shown in parentheses. The scale bar represents an estimated 5% divergence.

有生态学家指出,极端环境相比温和环境下的微生物,其生物多样性会更低^[17]。在本研究中,我们也发现了同样的规律。本研究中我们认为盐湖阿翁错显然比淡水湖普莫雍错更加极端,因此阿翁错湖泊沉积物的细菌多样性比普莫雍错少。据报道,大多数嗜盐菌只能生活在一个适度的盐度条件下(盐浓度 $<2.5\text{ mol/L}$)^[18],所以一些嗜盐菌也许能在淡水湖中生存,但不能生活在含盐量很高的极端盐湖中。拿变形菌来说,我们只在盐湖中发现 Gamma-变形菌,而只在淡水湖中发现 Delta-和 Beta-变形菌。这可能是 Gamma-变形菌更能忍受高盐分,而 Delta-和 Beta-变形菌则更倾向于淡水湖生活环境有关^[15]。

DGGE 指纹图谱表明,两个湖泊的细菌群落结构明显不同。DNA 条带测序结果表明,拟杆菌门、栖热菌门、蓝细菌都只在盐湖中发现,酸杆菌和绿弯菌门只有在淡水湖中被发现。有研究发现拟杆菌门在降解高分子有机物过程中有重要作用^[19],而栖热菌门能够结合氧化态的有机化合物还原铁^[20],很可能是这些栖热菌门能够通过矿化有机物质为蓝细菌提供无机营养元素。酸杆菌是一类广泛存在于生态环境中的微生物,其遗传多样性和代谢多样性从侧面证明其可能存在不同环境中,有可能在生物化学过程中发挥重要作用^[21]。绿弯菌门是一个新的系统发育分支,主要生活在深海和一些湖泊中,被认为在厌氧环境中起着重要作用,是水合物较少而有机质丰富沉积物中的主要类群^[22]。

在微生物群落丰度与相对深度的环境变量相关性研究中,未发现细菌群落丰度与目前所测环境变量有明显相关关系。与微生物多样性在其他环境(土壤、海水、湖泊)下与环境变量有明显相关关系不同,这可能与青藏高原湖底沉积物的特殊环境有关,同时需要检测更多的环境和气候因素来研究影响微生物多样性随湖底沉积物变化的机制,从而揭示微生物在青藏高原湖底沉积物中多样性以及群落变化的响应模式。

参 考 文 献

[1] Nealson K, Berelson W. Layered microbial communities

- and the search for life in the universe[J]. *Geomicrobiology Journal*, 2003, 20(5): 451-462.
- [2] Bernasconi SM, Barbieri A, Simona M. Carbon and nitrogen isotope variations in sedimenting organic matter in Lake Lugano[J]. *Association for the Sciences of Limnology and Oceanography*, 1997, 42(8): 1755-1765.
- [3] Meyers PA. Applications of organic geochemistry to paleolimnological reconstructions: a summary of examples from the Laurentian Great Lakes[J]. *Organic Geochemistry*, 2003, 34(2): 261-289.
- [4] Routh J, Meyers PA, Gustafsson Ö, et al. Sedimentary geochemical record of human-induced environmental changes in the Lake Brunnsviden watershed, Sweden[J]. *Association for the Sciences of Limnology and Oceanography*, 2004, 49(5): 1560-1569.
- [5] Casamayor EO, Massana R, Benlloch S, et al. Changes in archaeal, bacterial and eukaryal assemblages along a salinity gradient by comparison of genetic fingerprinting methods in a multipond solar saltern[J]. *Environmental Microbiology*, 2002, 4(6): 338-348.
- [6] Langenheder S, Kisand V, Wikner J, et al. Salinity as a structuring factor for the composition and performance of bacterioplankton degrading riverine DOC[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 45(2): 189-202.
- [7] Henriques IS, Alves A, Tacao M, et al. Seasonal and spatial variability of free-living bacterial community composition along an estuarine gradient (Ria de Aveiro, Portugal)[J]. *Estuarine Coastal Shelf Science*, 2006, 68(1/2): 139-148.
- [8] Swan BK, Ehrhardt CJ, Reifel KM, et al. Archaeal and bacterial communities respond differently to environmental gradients in anoxic sediments of a California Hypersaline Lake, the Salton Sea[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(3): 757-768.
- [9] Zhang Y, Jiao NZ, Cottrell MT, et al. Contribution of major bacterial groups to bacterial biomass production along a salinity gradient in the South China Sea[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2006, 43(3): 233-241.
- [10] Jiang HC, Dong HL, Zhang GG, et al. Microbial diversity in water and sediment of Lake Chaka, an athalassohaline lake in northwestern China[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(6): 3832-3845.
- [11] Jiang HC, Dong HL, Yu BS, et al. Microbial response to salinity change in Lake Chaka, a hypersaline lake on Tibetan Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(10): 2603-2621.
- [12] Muyzer G, Smalla K. Application of denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) and temperature gradient gel electrophoresis (TGGE) in microbial ecology[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 1998, 73(1): 127-141.
- [13] Biddle JF, Fitz-Gibbon S, Schuster SC, et al. Metagenomic signatures of the Peru Margin subseafloor biosphere show a genetically distinct environment[J]. *Proceedings National Academy of Sciences of United States of America*, 2008, 105(30): 10583-10588.
- [14] Chan OC, Claus P, Casper P, et al. Vertical distribution of structure and function of the methanogenic archaeal community in Lake Dagow sediment[J]. *Environmental*

- Microbiology, 2005, 7(8): 1139-1149.
- [15] Wu QL, Zwart G, Schauer M, et al. Bacterioplankton community composition along a salinity gradient of sixteen high-mountain lakes located on the Tibetan Plateau, China[J]. Applied Environmental Microbiology, 2006, 72(8): 5478-5485.
- [16] Langenheder S, Kisand V, Wikner J, et al. Salinity as a structuring factor for the composition and performance of bacterioplankton degrading riverine DOC[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, 45(2): 189-202.
- [17] Frontier S. Diversity and structure in aquatic ecosystems[J]. Oceanography and Marine Biology, 1995, 23: 253-312.
- [18] Ventosa A, Marquez M, Garabito C, et al. Moderately halophilic Gram-positive bacterial diversity in hypersaline environments[J]. Extremophiles, 1998, 2(3): 297-304.
- [19] Cottrell MT, Kirchman DL. Natural assemblages of marine proteobacteria and members of the *Cytophaga-Flavobacter* cluster consuming low- and high-molecular-weight dissolved organic matter[J]. Applied Environmental Microbiology, 2000, 66(4): 1692-1697.
- [20] Kieft TL, Fredrickson JK, Onstott TC, et al. Dissimilatory reduction of Fe(III) and other electron acceptors by a Thermus isolate[J]. Applied Environmental Microbiology, 1999, 65(3): 1214-1221.
- [21] Barns SM, Takala SL, Kuske CR. Wide distribution and diversity of members of the bacterial kingdom *Acidobacterium* in the environment[J]. Applied Environmental Microbiology, 1999, 65(4): 1731-1737.
- [22] Inagaki F, Nunoura T, Nakagawa S, et al. Biogeographical distribution and diversity of microbes in methane hydrate-bearing deep marine sediments on the Pacific Ocean Margin[J]. Proceedings of National Academy of Sciences of United States of America, 2006, 103(8): 2815-2820.

~~~~~  
(上接 p.2377)

## 征 稿 简 则

### 3.3 摘要写作注意事项

3.3.1 英文摘要: 1) 建议使用第一人称, 以此可区分研究结果是引用文献还是作者得出的; 2) 建议用主动语态, 被动语态表达拖拉模糊, 尽量不用, 这样可以避免长句, 以求简单清晰; 3) 建议使用过去时态, 要求语法正确, 句子通顺; 4) 英文摘要的内容应与中文摘要一致, 但可比中文摘要更详尽, 写完务必请英文较好且专业知识强的专家审阅定稿后再返回编辑部。5) 摘要中不要使用缩写语, 除非是人人皆知的, 如: DNA, ATP 等; 6) 在英文摘要中, 不要使用中文字体标点符号。

3.3.2 关键词: 应明确、具体, 一些模糊、笼统的词语最好不用, 如基因、表达……

## 4 特别说明

### 4.1 关于测序类论文

凡涉及测定 DNA、RNA 或蛋白质序列的论文, 请先通过国际基因库 EMBL (欧洲)或 GenBank (美国)或 DDBJ (日本), 申请得到国际基因库登录号(Accession No.)后再投来。

### 4.2 关于版权

4.2.1 本刊只接受未公开发表的文章, 请勿一稿两投。

4.2.2 凡在本刊通过审稿、同意刊出的文章, 所有形式的(即各种文字、各种介质的)版权均属本刊编辑部所有。作者如有异议, 敬请事先声明。

4.2.3 对录用的稿件编辑部有权进行文字加工, 但如涉及内容的大量改动, 将请作者过目同意。

4.2.4 文责自负。作者必须保证论文的真实性, 因抄袭剽窃、弄虚作假等行为引发的一切后果, 由作者自负。

### 4.3 审稿程序及提前发表

4.3.1 来稿刊登与否由编委会最后审定。对不录用的稿件, 一般在收稿 2 个月之内通过 E-mail 说明原因, 作者登陆我刊系统也可查看。稿件经过初审、终审通过后, 作者根据编辑部返回的退修意见进行修改补充, 然后以投稿时的用户名和密码登陆我刊系统上传修改稿, 待编辑部复审后将给作者发稿件录用通知单, 稿件按照投稿先后排队发表。

4.3.2 对投稿的个人和单位一视同仁。坚持文稿质量为唯一标准, 对稿件采取择优先登的原则。如作者要求提前发表, 请在投稿的同时提出书面报告, 说明该研究成果的重要性、创新性、竞争性和提前发表的必要性, 经过我刊的严格审查并通过后, 可予提前刊出。

## 5 发表费及稿费

论文一经录用, 将在发表前根据版面收取一定的发表费并酌付稿酬、赠送样刊。

## 6 联系方式

地址: 北京市朝阳区北辰西路 1 号院 3 号中国科学院微生物研究所《微生物学通报》编辑部(100101)

Tel: 010-64807511

E-mail: tongbao@im.ac.cn

网址: <http://journals.im.ac.cn/WSWXTBCN>