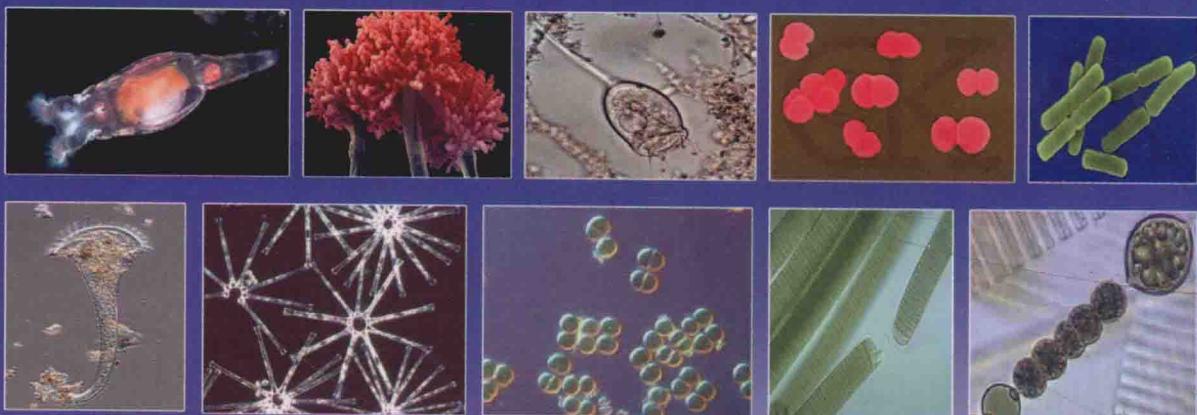


中国矿业大学教材建设工程资助教材

Environmental Microbiology

环境微生物学

主编 单爱琴 张传义
副主编 白向玉 毛 缯
雷灵琰 何士龙



中国矿业大学出版社

中国矿业大学教材建设工程资助教材

环境微生物学

主编 单爱琴 张传义
副主编 白向玉 毛 镇
雷灵琰 何士龙

中国矿业大学出版社

内 容 简 介

本教材以环境微生物学基本理论、基本操作及技术应用为重心,系统介绍环境中微生物的主要类群及形态结构,微生物的营养,生理代谢与调控、遗传与变异,微生物生态,微生物对环境污染物的转化以及现代环境生物技术;环境微生物实验原理及方法。本书特别弥补了其他教材在介绍原核及真核微生物种群方面的不足,增加了大量环境微生物图例;环境微生物学的实验内容增加了现代工农业污染物降解菌的筛选等内容。全书强化微生物学原理和现代生物技术中新理论、新方法和新技术在环境污染防治中的应用,反映环境微生物学科发展趋势及最新成果,有利于对学生实践和创新能力的培养。教材内容丰富、详略得当,系统性和逻辑性强,图文并茂,以服务环境科学与工程为宗旨,有一定的深度和广度,实用性强,尤其适合生物、化学等基础薄弱的环境科学及环境工程专业人员使用。

图书在版编目(CIP)数据

环境微生物学/单爱琴,张传义主编. —徐州:中国矿业大学出版社, 2014.11

ISBN 978 - 7 - 5646 - 2536 - 8

I. ①环… II. ①单… ②张… III. ①环境微生物学
IV. ①X172

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2014)第 266044 号

书 名 环境微生物学

主 编 单爱琴 张传义

责任编辑 李 敬

出版发行 中国矿业大学出版社有限责任公司
(江苏省徐州市解放南路 邮编 221008)

营销热线 (0516)83885307 83884995

出版服务 (0516)83885767 83884920

网 址 <http://www.cumtp.com> E-mail:cumtpvip@cumtp.com

印 刷 徐州中矿大印发科技有限公司

开 本 787×1092 1/16 印张 19 字数 475 千字

版次印次 2014 年 11 月第 1 版 2014 年 11 月第 1 次印刷

定 价 35.00 元

(图书出现印装质量问题,本社负责调换)

前　　言

环境微生物学是环境科学、环境工程、给水排水、环境监测、环境管理等专业的基础课程，在环境科学与工程学科中，为水污染控制工程、固体废物处理、大气污染控制、环境监测、环境毒理学、环境影响评价等课程提供环境微生物学基本理论、实验原理及技术，为环境污染的预防和治理提供新理论和新方法。因此，环境微生物学在相关专业中占有极其重要的地位。

本教材以环境微生物学基本理论、基本操作及技术应用为重心，主要内容分为上、下两篇，其中上篇系统介绍环境中微生物的主要类群及形态结构，微生物的营养，生理代谢与调控、遗传与变异，微生物生态，微生物对环境污染物的转化以及现代环境生物技术；下篇介绍了环境微生物实验原理及方法。本书特别弥补了其他教材在介绍原核及真核微生物种群方面的不足，增加了大量环境微生物图例；环境微生物学的实验部分增加了现代工农业污染物降解菌的筛选等内容。全书强化微生物学原理和现代生物技术中新理论、新方法和新技术在环境污染防治中的应用，反映环境微生物学科发展趋势及最新成果，有利于对学生实践和创新能力的培养。教材内容丰富、详略得当，系统性和逻辑性强，图文并茂，以服务环境科学与工程为宗旨，有一定的深度和广度，实用性强，尤其适合生物、化学等基础薄弱的环境科学及环境工程专业人员使用。

全书由单爱琴、张传义任主编，并负责统稿。单爱琴执笔第一章、第二章、第三章、第五章、第六章（部分）、第七章、第八章（部分）、第九章、第十二章（部分），张传义执笔第四章、第六章（部分）、第八章（部分）、第十二章（部分），白向玉执笔第十章，毛缜执笔第十一章，雷灵瑛执笔第十二章（部分），何士龙执笔第八章（部分）。单爱琴对所有章节进行了修改、补充，完善全书。

在本教材编写过程中，编者参阅了国内外大量优秀的教材及文献资料，在此向各位作者表示诚挚的谢意！

由于编者水平有限，难免有错漏及不当之处，敬请各位读者、同仁批评指正并提出宝贵建议，编者不胜感激。

单爱琴

2014年10月

目 录

上 篇

第一章 绪论	3
第一节 微生物概述	3
第二节 微生物的特点	10
第三节 环境微生物学的研究内容与任务	11
第四节 环境微生物学的发展	13
思考题	14
第二章 原核微生物	15
第一节 细菌	15
第二节 放线菌	27
第三节 古细菌	30
第四节 蓝细菌	32
第五节 其他原核生物	37
思考题	39
第三章 真核微生物	40
第一节 酵母菌	40
第二节 霉菌	42
第三节 微型藻类	46
第四节 原生动物	55
第五节 黏菌	60
第六节 微型后生动物	60
思考题	66
第四章 非细胞结构微生物——病毒	67
第一节 病毒的特征及分类	67
第二节 病毒的形态及结构	68
第三节 病毒的繁殖和溶原性	71
第四节 病毒的培养	73

第五节 环境因子对病毒的影响	75
思考题	76
第五章 微生物的代谢	77
第一节 代谢概述	77
第二节 微生物的酶及酶促反应	78
第三节 微生物的分解代谢	92
第四节 微生物的合成代谢	110
第五节 微生物的代谢调控	113
思考题	114
第六章 微生物的生长繁殖及营养类型	116
第一节 微生物的生长繁殖	116
第二节 微生物生长繁殖的影响因子	122
第三节 其他不利环境因子对微生物的影响	129
第四节 灭菌与消毒	133
第五节 微生物的营养类型	135
思考题	142
第七章 微生物的遗传和变异	143
第一节 微生物的遗传	143
第二节 微生物的变异	151
第三节 基因重组	155
第四节 基因工程技术及其在环境保护中的应用	158
第五节 菌种的衰退、复壮与保藏	162
思考题	166
第八章 微生物的生态	168
第一节 生态系统	168
第二节 微生物在环境中的分布	170
第三节 微生物与生物环境间的关系	178
第四节 微生物在自然界物质循环中的作用	181
思考题	189
第九章 污染物的微生物降解与转化	190
第一节 微生物的降解能力及影响因素	190
第二节 微生物对环境污染物的降解	193
思考题	205

目 录

第十章 微生物在污染防治中的应用	206
第一节 废水的好氧生物处理	206
第二节 废水的厌氧生物处理	217
第三节 废水生物脱氮除磷技术	219
第四节 固体废弃物的微生物处理	224
第五节 大气污染物的微生物处理	228
思考题	230

第十一章 现代微生物技术在环境污染防治中的应用	231
第一节 固定化技术	231
第二节 微生物与绿色环保产品	233
第三节 生物修复技术	236
第四节 分子生物技术在环境中的应用	238
思考题	243

下 篇

第十二章 环境微生物学实验	247
实验一 光学显微镜的结构与使用技术	247
实验二 微生物个体形态和结构观察	250
实验三 微生物大小和数量的测定	253
实验四 活性污泥(或生物膜)生物相观察	256
实验五 培养基的制备与玻璃器皿的包扎及灭菌	257
实验六 微生物分离纯化技术	261
实验七 微生物的染色	267
实验八 纯培养菌种的菌落、菌体形态观察	270
实验九 水中细菌总数的测定	271
实验十 水中大肠菌群数的测定	272
实验十一 富营养化湖泊中藻类的检测(叶绿素 a 法)	277
实验十二 活性污泥中微生物多样性分析	278
实验十三 活性污泥脱氢酶活性的测定	282
实验十四 高效脱酚菌的驯化、分离和筛选	284
实验十五 有机氯农药降解菌的筛选	285
实验十六 藻酸钙凝胶包埋法固定化技术及对废水中重金属的吸附	286
实验十七 污水中大肠杆菌噬菌体的分离与纯化	287
参考文献	291

上 篇

第一章 绪 论

第一节 微生物概述

一、微生物的概念

微生物(microbe, microorganism)其实并不是生物分类学上的概念,而是一群个体微小,构造简单的单细胞或多细胞低等生物的总称。通常肉眼不可见,需用显微镜才能看到。

二、微生物的分类与命名

在生物学发展史上,生物分类工作随着研究的不断深入而得到提高,微生物分类由以表型特征进行分类的经典的分类学阶段,发展到按亲缘关系和进化规律进行分类的系统分类阶段。与此同时,分类系统也出现了二界、三界直至六界等不同的学说。近年来,由于对极端环境中微生物研究的不断深入,人们开始把生物分成三大域,即真细菌(eubacteria)、古生菌(archaea)和真核生物(eukaryotes)。

已经记载的微生物约15万~20万种,并且这一数字还在急剧增加,面对庞大而繁杂的微生物类群,只有掌握科学的分类知识和理论,才能有效地开展微生物研究工作。

分类(classification)、鉴定(identification)和命名(nomenclature)是分类学中相互关联的三个具体任务。分类的目的在于将所有的生物按其相似性进行归群,并依据各群间亲缘关系的密切程度排列成一个等级系统,这个系统应尽可能反映各生物种群间自然的系统演化关系,每个种群在这个系统中都应有自己的正确位置。命名是按照国际标准给每个物种一个(唯一的)公认的名称,以使科学界的交流便利和避免物名的混淆。鉴定则是通过详细观察、描述或分析测试一新分离纯种微生物的有关性状特征及性能指标,然后查找权威的分类系统,并将其归属于已存在的分类单位中的过程。

(一) 微生物的分类鉴定依据

随着科技进步,原有的按微生物表型进行分类的经典分类学阶段已发展到按它们的亲缘关系和进化规律进行分类的微生物系统分类阶段。

1. 经典分类学阶段

微生物分类学发展的早期,分类、鉴定指标以细胞的形态和习性为依据,采用经典的研究方法,观察测试微生物的形态特征、运动性、酶反应、营养要求、生长条件、代谢特性、致病性、抗原性和生态学特性等传统分类鉴定项目。

2. 系统分类阶段

从1960年起,新技术的应用为微生物的精确鉴定开创了一个新的局面,主要有三个方面:

- (1) 细胞组分水平:包括细胞壁、脂类、醌类和光合色素等成分的分析。

(2) 蛋白质水平:包括氨基酸序列分析、蛋白质分析。

(3) 核酸水平:包括(G+C)mol%值的测定、核酸分子杂交、16S rRNA 或 18S rRNA 寡核苷酸序列分析、基因组测序等。

(二) 微生物的分类单位

按照微生物客观存在的生物属性(如个体形态及大小、染色反应、表型特征、生理生化特征、细胞内在物质结构特征、菌落特征、细胞结构、生理生化反应、与 O₂ 的关系、血清学反应等)及它们的亲缘关系,有次序地分门别类排列成一个系统,从大到小排列。把属性类似的微生物列为界,在界内从类似的微生物中找出它们的差别,区分为不同的门,依次类推,直分到种。种以上的系统分类单位自上而下可依次分成 7 级:

- 界(kingdom)
- 门(phylum)
- 纲(class)
- 目(order)
- 科(family)
- 属(genus)
- 种(species)

在以上 7 个主要级别中,必要时各级都可以补充若干辅助单元,包括加上“亚”、“超”或“族”等。

一般认为,微生物的种(species)是最基本的分类单元,它是一大群表型特征高度相似、亲缘关系极其接近、与属内其他物种有着明显差异的一大群菌株的总称。

由于微生物与高等生物不同,对“种”的定义还存在分歧。在不同版本或不同时期的分类系统中,有些“属”中微生物“种”的数量发生了很大变化。种的确定还不能完全做到建立在微生物的遗传本质和分子进化等科学基础上,而不得不带有很多人为的因素。随着技术的进步和研究的深入,微生物类属发生变化的情况是正常的。

(三) 微生物的命名原则

每种微生物都有一个自己的专门名称。名称分两类:一是地区性俗名,具有简单明了通俗易懂的特点,但不便于国际交流;二是学名,是按国际命名法规进行并受国际学术界公认的正式名称。

学名的表示方法大多采用二名法,由林奈(Linnaeus)所创立;有时采用三名法。

1. 二名法——属名十种名

每个微生物的学名都由属名和种名两部分组成,均使用拉丁词或希腊词或拉丁化的外来词。属名和种名都用斜体字表达,属名在前,第一个字母大写;种名在后,全部小写。属名是一个表示微生物主要特征的名词或用作名词的形容词,单数;种名代表一个物种的次要特征。在分类学中的学名,在上述两部分之后还应加写三项内容:即首次定名人(正体字,括号括住)、现名定名人(正体)和现名的定名年份,而在一般的学刊中后三项不必写。

学名=属名十种名+(首次定名人)+现名定名人+现名定名年份

例:大肠埃希氏菌(简称“大肠杆菌”):

Escherichia coli (Migula) Gastellani et Chalmers 1919

枯草芽孢杆菌:

Bacillus subtilis (Ehrenberg) Cohn 1872

2. 三名法 = 属名 + 种名 + 亚种或变种名

当某种微生物的鉴定特征除了都与模式种相同外还具有明显而稳定的独特特征，就把它称为此种的“亚”种（也叫“变”种）。

学名 = 属名 + 种名 + 符号 *subsp* 或 *var*（可省略）+ 亚种或变种名

例：酿酒酵母椭圆变种

Saccharomyces cerevisiae (var) *ellipsoideus*

在实际工作中，如果一株或一批菌种只鉴定到属，还没鉴定到种，则该菌种的名称只有属名，没有种名，如芽孢杆菌属的名称是 *Bacillus*，种名用“*sp.*”（正体，species 单数的缩写）或“*spp.*”（正体，species 复数的缩写）来代替。例如：一种芽孢杆菌用“*Bacillus sp.*”表示；一批芽孢杆菌用“*Bacillus spp.*”表示。

另外，同一“种”内不同个体之间差异很小，为了区分这些“细微”差别就用“株”来表示。“株”不是分类单位，命名原则允许菌株的名称可随意确定，一般可用字母加编号表示（字母表示实验室产地或特征等名称，编号表示序号等数字）。“株”所代表的性状不作分类鉴定用。

例如：大肠埃希氏杆菌

Escherichia coli K12（一种常用的 *E. coli* 菌株）

三、微生物分类检索系统

随着人类发展，生物分类在历史上存在着一个由浅入深、由简至繁、由低级到高级、由个体至分子水平的认识过程，对微生物的认识逐步深化，生物的分界就历经从最原始的朴素二界系统（动物界和植物界）、三界系统（动物界、植物界和原生生物界）到五界系统（原核生物界，指细菌和蓝细菌等；原生生物界，指大部分藻类与原生动物等；真菌界，指酵母和霉菌；植物界；动物界），后来学者建议分为六界：病毒界、原核生物界、真核原生生物界、真菌界、植物界和动物界，最后又提出了一个崭新的“三域”学说。现选择影响较大，被广泛接受的几个系统作简要介绍。

（一）五界系统

1969 年，R. H. Whittaker 提出了生物五界分类系统（见图 1-1）：原核生物界（Monera，包括细菌、放线菌、蓝细菌）、真菌界（Fungi，包括酵母菌、霉菌）、原生生物界（Protista，包括原生动物、微型藻类、黏菌等）、植物界（Plantae）、动物界（Animalia）。此系统曾被广泛接受和长期使用。

（二）六界系统

Jahn 等于 1949 年提出六界系统，包括病毒界、原核生物界、真菌界、原生生物界、后生植物界、后生动物界（图 1-2）。我国学者王大耜等（1977 年）也曾提出类似的六界系统，1996 年，美国的 P. H. Raven 等则提出包括古细菌界、真细菌界、真菌界、原生生物界、植物界、动物界的六界系统，虽然同为六界系统，其实质有很大的差异，这一系统根据 DNA 杂交等现代生物技术的分析成果，发现了古细菌和真细菌的差异，将一直放在原核生物界中的古细菌界区分出来。

（三）“三域”学说

20 世纪 70 年代末，由于美国 C. R. Woese 等人对大量微生物和其他生物进行了 16S

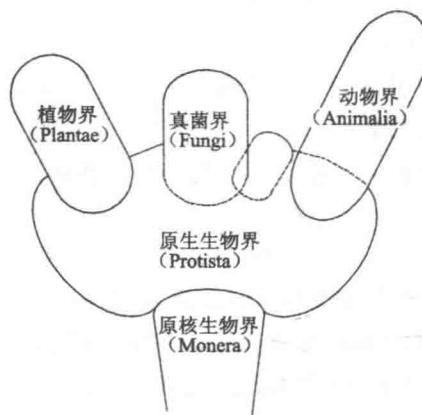
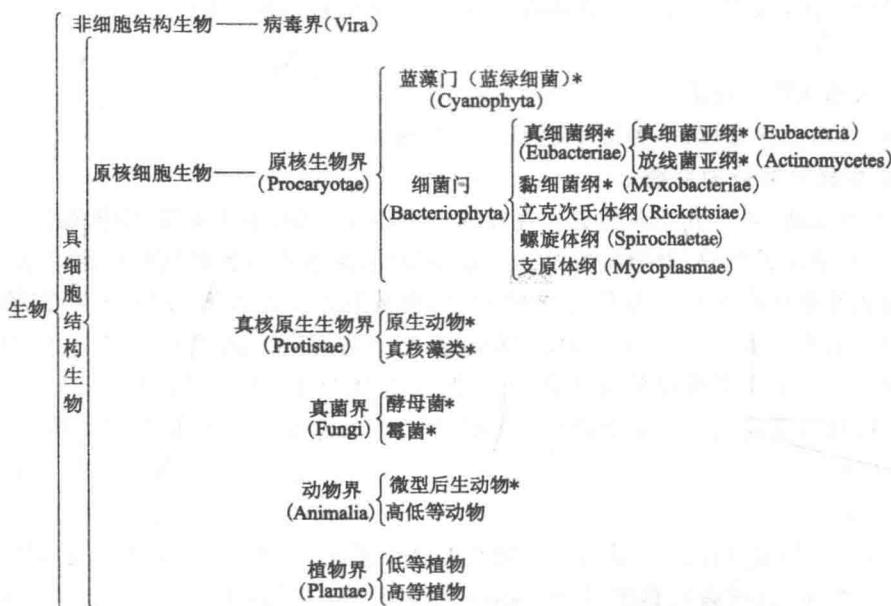


图 1-1 R. H. Whittaker 的五界系统示意图

图 1-2 Jahn 六界系统
(有 * 者为环境工程中常见的微生物)

rRNA 和 18S rRNA 寡核苷酸测序，并比较其同源性水平后，提出了一个与以往各级分类不同的新系统，称为三域学说(Three Domains Theory)。域(Kingdom)是一个比界更高级的分类单位，过去曾称原界(Urkingdom)，三个域是指细菌域(Bacteria，也曾指真细菌域“Eubacteria”)、古生菌域(Archaea，曾称古细菌域 Archaebacteria，简称古菌)、真核生物域(Eukarya)，即将原核生物分成了有明显区别的两个域，其余所有真核生物(包括真菌界、原生生物界、植物界、动物界)一起构成真核生物域(见图 1-3)。

三域学说认为现今一切生物都由一种共同的远祖进化而来，它原是一种小细胞，先分化

出细菌和古生菌这两大原核生物,后来在古生菌分支上的细胞,先后吞噬了 α 肾细菌和蓝细菌,并发生了内共生(endosymbiosis),从而进化成线粒体和叶绿体,于是,宿主最终发展成了各类真核微生物。

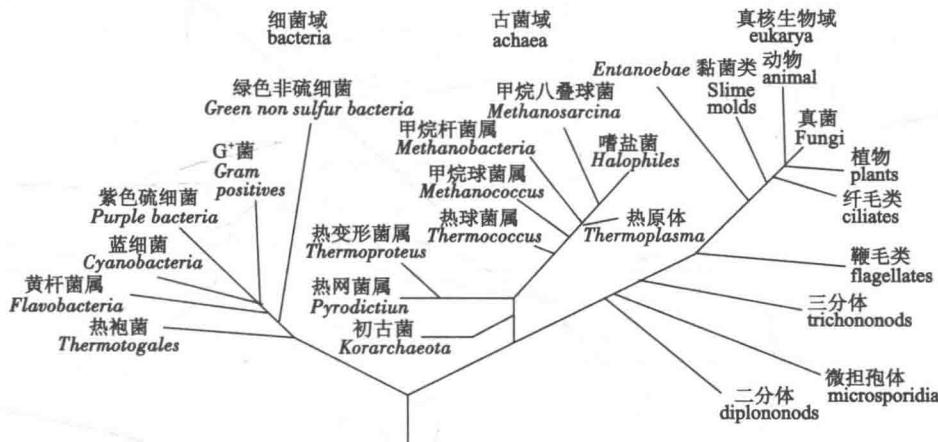


图 1-3 按 16S rRNA 碱基顺序比较细菌、古菌和真核生物的三域系统

在三域学说中,古生菌域是新建立的一个大类,曾被称为“第三生物”。近年来,因其在古生菌进化理论、分子生物学等方面的重要性,在学术界备受关注。

通过对 50 余种微生物基因组序列的分析比较,有些学者已对 C. R. Woese 的学说提出了质疑,主要认为 16S rRNA 或 18S rRNA 的分子进化很难代表整个基因组的分子进化;其次是已知有许多真核生物的基因组和它们表达的功能蛋白更接近于细菌而并非接近于古生菌等,比如酿酒酵母和许多高等动、植物。因此,随着各种生物全基因组序列的公布,三域学说还会遇到许多新的挑战。

四、原核微生物的分类系统——伯杰氏原核生物分类系统

在整个 20 世纪中,能全面概括原核生物分类体系的权威著作比较稀少,仅有德国、美国、前苏联和法国等几部分类鉴定系统手册。其中,美国细菌学家协会所属的《伯杰氏鉴定细菌学手册》影响最大。1923 年出第一版,名为《伯杰氏鉴定细菌学手册》(Bergey's Manual of Determinative Bacteriology),主要编者为美国学者 D. Bergey 等人。此后,由其他学者不断修订,1957 年的第七版和 1974 年的第八版一直被广泛使用,至 1994 年已出至第九版。另外,由于(G+C) mol% 测定、核酸杂交和 16S rRNA 寡核苷酸序列测定等新技术和新指标的引入,使原核生物分类从以表型、实用性鉴定指标为主的旧体系(第七版以前)向鉴定遗传型的系统进化分类新体系逐渐转变,于是,从 1980 年代初起,该手册组织了国际上 20 余国的 300 多位专家,合作编写了 4 卷本的新手册,书名改为《伯杰氏系统细菌学手册》(Bergey's Manual of Systematic Bacteriology,简称《系统手册》),并于 1984 年至 1989 年间分 4 卷陆续出版。此书是目前国际上最为流行的使用版本。《系统手册》的第二版从 2000 年起分成 5 卷陆续发行,现把该版本的最新分类体系简介如下,见表 1-1、表 1-2。

表 1-1

古生菌界(Archaeota)的分类简表

门	纲
I. 泉古生菌门(Crenarchaeota)	I. 热变形菌纲(Thermoprotei)
	II. 硫化叶菌纲(Sulfalobi)
II. 广古生菌门(Euryarchaeota)	I. 甲烷杆菌纲(Methanobacteria)
	II. 甲烷球菌纲(Methanococci)
	I. 盐杆菌纲(Halobacteria)
	I. 热原体纲(Thermoplasma)
	I. 热球菌纲(Thermococci)
	II. 甲烷嗜热菌纲(Methanopyri)

表 1-2

细菌界(Bacteria)的分类简表

门	纲
I. 产液菌门(Aquificae)	I. 产液菌纲(Aquificae)
	I. 热袍菌纲(Thermotogae)
	II. 热脱硫杆菌纲(Thermodesulfobacteria)
II. 异细菌门(Xenobacteria)	I. 异常球菌纲(Deinococci)
	I. 栖热菌纲(Thermi)
III. 产金色菌门(Chrysogenetes)	I. 产金色菌纲(Chrysogenetes)
IV. 热微菌门(Thermomicrobia)	I. 绿屈挠菌纲(Chloroflexi)
	I. 热微菌纲(Thermomicrobia)
V. 蓝细菌门(Cyanobacteria)	I. 原绿蓝细菌纲(Prochlorophyta)
VI. 绿菌门(Chlorobia)	I. 绿菌纲(Chlorobia)
	I. 红螺菌纲(Rhodospirilli)
VII. 肠细菌门(Proteobacteria)	I. 奈瑟氏球菌纲(Neisseriae)
	I. 发酵细菌纲(Zymobacteria)
	I. 土细菌纲(Predibacteria)
	I. 弯曲杆菌纲(Campylobacters)
VIII. 厚壁菌门(Firmicutes)	I. 梭菌纲(Clostridia)
	I. 柔膜菌纲(Mollicutes)
	I. 芽孢杆菌纲(Bacilli)
	I. 放线细菌纲(Actinobacteria)
IX. 缺壁型门(Wall-less Forms)	I. 浮霉菌纲(Planctomyctacia)
X. 螺旋体门(Spirochaetes)	I. 螺旋体纲(Spirochaetes)
XI. 丝状杆菌门(Fibrobacter)	I. 丝状杆菌纲(Fibrobacters)
XII. 拟杆菌门(Bacteroides)	I. 拟杆菌纲(Bacteroides)
XIII. 黄杆菌门(Flavobacteria)	I. 黄杆菌纲(Flavobacteria)
XIV. 鞘氨醇杆菌门(Sphingobacteria)	I. 鞘氨醇杆菌纲(Sphingobacteria)
XV. 梭杆菌门(Fusobacteria)	I. 梭杆菌纲(Fusobacteria)
XVI. 疣微菌门(Verrucomicrobia)	I. 疣微菌纲(Verrucomicrobiae)

五、真菌的分类系统——Ainsworth 等人的菌物分类系统

多年以来我国学术界一直使用“真菌”表示真核微生物当中的霉菌和酵母等简单生物，于1990年代初起，提出了以“菌物”代替“真菌”的建议。在地球上生存的菌物有150多万种之多，而目前已记载的只有7万~9万种。至今全球每年仍以发现1500个新种的速度在递增着。自1729年Micheli首次对它们进行分类以来，有代表性的菌物分类系统不下10余个。目前得到学术界较广泛采用的是Ainsworth第七版(1983年)的分类系统，它把真菌界分成黏菌门和真菌门，后者又分成5个亚门，即：



真菌中主要类群及代表种类如表1-3所列。

表 1-3 真菌中主要类群及代表种类

真菌门	鞭毛菌	接合菌	子囊菌	担子菌	半知菌
代表种类	腐霉	霉菌、根霉	酵母、赤霉、脉孢霉	伞菌、黑粉菌	曲霉、青霉、木霉

需要说明的是，即使为Ainsworth系统，它的每一个版本也是有变化的，特别是1995年出版的第八版《安·贝氏菌物词典》中，又把菌物列入真核生物域(Domain Eukaryota)的3个界中，其余的变化也很大，即：



第二节 微生物的特点

一、种类多、分布广

已记载的微生物有十多万种，随着分离、培养方法的改进和研究工作的深入，微生物的新种、新属、新科甚至新目、新纲都屡见不鲜。有人估计目前人类至多仅开发利用了已发现微生物种数的1%~10%。

微生物因其体积小、重量轻，可以到处传播以至达到“无孔不入”的地步，只要生活条件适合，它们就可大量繁殖起来。在地球上，微生物的分布真可谓无所不在、“无微不至”、无远不达。

从生物圈、土壤、水圈直至大气圈、岩石圈，到处都有微生物的踪迹，甚至在一些极端的环境条件（高温、高寒、高压、高盐、高毒等）下，高等生物已无法生存，仍会有微生物生存下来。

从微生物的分布广、种类多这一特点可以看出，微生物的资源是极其丰富的。

二、代谢强度大，代谢类型多样

在生物界中，微生物具有最高的繁殖速度。对于以二分裂方式繁殖的细菌，其速度更是惊人。比如大肠杆菌和梭状芽孢杆菌始终处在最适宜的条件下，20 min 可繁殖一代，一昼夜可由一个细菌产生 4.7×10^{21} 个后代，经 48 h 后可产生 2.2×10^{43} 个个体。假如一个细菌质量为 10^{-12} g，那么这时的总质量将达到 2.2×10^{25} t，相当于 4 000 个地球之重。当然，由于营养、环境因子等种种条件的限制，以几何级数增殖的速度最多也只能维持几个小时。有些生物（如放线菌、霉菌）以生产孢子的方式进行繁殖，一个个体可以产生成千上万个孢子，每个孢子从理论上讲都是一个未来的个体，这种繁殖的潜力更加惊人。即便受条件限制，微生物繁殖速度之快，也是显而易见的。

(1) 微生物的代谢类型极其多样，“食谱”之广是其他任何生物不能相比的，具有能分解利用各种有机质——天然气、石油、纤维素、木质素的能力。微生物有着多种产能方式：光能自养和光能异养、化能自养和化能异养、好氧、厌氧、兼性厌氧等等。

(2) 代谢产物种类多。微生物究竟能产生多少种的代谢产物，至今很难全面统计。现在已知仅 *E. coli* 一种细菌即产生 2 000~3 000 种不同的蛋白质。

据 1984 年的报道，人类发现的抗生素已达 9 000 种。微生物所产生的酶的种类也是极其丰富的，相应地会催化微生物产生多种代谢产物。

三、吸收多，转化快

由于微生物形体微小，表面积大，有利于细胞吸收营养物质和加强新陈代谢。我们可用比表面积来表示生物的代谢活跃程度。

发酵乳糖的细菌在 1 h 内可分解其自重 1 000~10 000 倍的乳糖；*Candida utilis*（产朊假丝酵母）合成蛋白质的能力比大豆强 100 倍，比食用公牛强 10 万倍；微生物在呼吸速率方面比高等动植物组织也强得多。

微生物的这个特性为它们的高速增长繁殖和产生大量代谢产物提供了充分的物质基础，从而使微生物有可能更好地发挥“活的化工厂”的作用。人类对微生物的利用，主要体现在它们强大的生物化学转化能力。生长旺、繁殖快的特性对生物学基本理论的研究也具有