



2005年8月14~20日 哈尔滨

第八次全国环境微生物学术研讨会 论文集

Articles Collection of 8th National Symposium on
Environmental Microbiology

李顺鹏 任南琪 马放 主编

主办单位：中国微生物学会环境微生物专业委员会

承办单位：哈尔滨工业大学市政环境工程学院

黑龙江省环境生物技术重点实验室

农业部农业环境微生物工程重点开放实验室



化学工业出版社

环境·能源出版中心

第八次全国环境微生物学术研讨会 论 文 集

李顺鹏 任南琪 马 放 主编



化学工业出版社
环境·能源出版中心

· 北 京 ·

(京) 新登字 039 号

图书在版编目 (CIP) 数据

第八次全国环境微生物学术研讨会论文集/李顺鹏,
任南琪, 马放主编. —北京: 化学工业出版社, 2005. 7
ISBN 7-5025-7476-X

I. 第… II. ①李…②任…③马… III. 环境科学:
微生物学-学术会议-文集 IV. X172-53

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2005) 第 082234 号

第八次全国环境微生物学术研讨会论文集

李顺鹏 任南琪 马放 主编

责任编辑: 管德存 徐娟

责任校对: 李林

封面设计: 潘峰

*

化学工业出版社 出版发行

环境·能源出版中心

(北京市朝阳区惠新里 3 号 邮政编码 100029)

购书咨询: (010)64982530

(010)64918013

购书传真: (010)64982630

<http://www.cip.com.cn>

*

新华书店北京发行所经销

开本 787mm×1092mm 1/16 印张 47 字数 1635 千字

2005 年 8 月第 1 版 2005 年 8 月北京第 1 次印刷

ISBN 7-5025-7476-X

定 价: 160.00 元

版权所有 违者必究

该书如有缺页、倒页、脱页者, 本社发行部负责退换

第八次全国环境微生物学术研讨会 组织委员会

主 任：任南琪

副 主 任：马 放

执行秘书：王爱杰

委 员：冯玉杰 王爱杰 杨基先 远立江 鲍立新 刘淑彦
林洪铭 樊庆铎 岳秀丽 李建政 丁 杰 冯 奇
甄卫东

第八次全国环境微生物学术研讨会 学术委员会

主 任：李顺鹏

委 员：任南琪 闵 航 郑天凌 程树培 刘双江 马 放
乔雄梧 王爱杰

秘 书：王爱杰（兼）

第八次全国环境微生物学术研讨会 学术论文编辑委员会

主 任：李顺鹏

副 主 任：任南琪 闵 航 郑天凌

编 委：马 放 冯玉杰 王爱杰 杨基先 何 键

第八次全国环境微生物学术研讨会

主办单位

中国微生物学会环境微生物专业委员会

承办单位

哈尔滨工业大学市政环境工程学院

黑龙江省环境生物技术重点实验室

农业部农业环境微生物工程重点开放实验室

协办单位

哈尔滨工业大学环保科技股份有限公司

哈尔滨益生环境技术有限公司

时间

2005 年 8 月 14~17 日

地点

黑龙江·哈尔滨

前 言

第八次全国环境微生物学术研讨会在中国微生物学会的关心与大力支持下，在专业委员会各位委员与同仁的共同努力下，于盛夏时节在美丽的北国名城哈尔滨召开。

本次会议共收到论文与摘要 170 余篇，和上届相比论文的数量有较大幅度的增长，质量有明显的提高，理论研究与应用水平有了较大的进步，在进一步加强基础研究的同时，突出环境微生物技术研究成果在生物资源化、环境污染防治和生态修复中的应用，尤其是本次会议在哈尔滨召开，注意结合北方地区环境微生物的研究与应用，使环境微生物技术在解决东北老工业基地改造过程中的环境问题方面发挥了重要作用。今年国际生态学会（ISME）又组团参加本次会议，为大会增添了新的光彩，使本次会议的内容进一步扩大，这对于加强我国环境微生物学的国际交流、促进我国环境保护的发展具有重要的意义。

本次会议由哈尔滨工业大学市政环境工程学院、黑龙江省环境生物技术重点实验室及农业部农业环境微生物工程重点开放实验室承办。哈尔滨工业大学市政环境工程学院对于本次会议的胜利召开倾注了极大的热情并付出了巨大的努力，他们从会议筹备到召开花费了很大的人力与物力，为会议的顺利召开提供了有力的保证，在此我谨代表专业委员会表示衷心的感谢！

中国微生物学会环境微生物专业委员会主任



2005. 7. 18

目 录

第一部分 微生物学研究进展	1
细菌 quorum sensing 研究进展	2
湿地及湿地微生物在生态环境中的作用	7
食用菌多糖特性与保健作用研究新进展	11
废水生物处理好氧污泥颗粒化研究进展	17
废水生物脱氮系统微生物进展	26
生物膜微环境和传质现象研究进展	30
盐碱地生态体系构成及研究进展	35
纤维素类物质生产燃料酒精的研究进展	40
稳定同位素分析技术在环境微生物学研究中的应用	47
与环境相关细菌厌氧呼吸的最新研究动态与展望	53
厌氧氨氧化生物脱氮技术进展	60
对虾养殖生态系统中海洋微生物的主要类群及其研究进展	63
生物法去除 H_2S 气体的进展	67
固氮蓝藻在盐碱化土地生态修复中的应用	72
微生物菌剂在土壤修复中的应用	79
微生物制剂在景观水体修复中的应用	83
光合细菌及其在环保产业中的应用	87
Aerobic granules and its application in wastewater treatment process	90
第二部分 环境微生物学生理生态研究	95
葡萄糖及有机酸对氧化亚铁硫杆菌生长的影响	96
氯苯类化合物对厌氧产甲烷微生物的抑制特性	100
沼泽红假单胞菌对活性黑 8 的脱色动力学研究	104
Bt-rice straw has no detrimental effects on selected enzyme activities or bacterial community in upland soil	108
表达偶氮还原酶穿梭质粒的构建	117
<i>Pseudozyma rugulosa</i> Y-48 对一种偶氮染料的原位脱色	121
好氧堆肥处理污泥中主要菌群数量及其特性的研究	126
白腐真菌总 DNA 提取方法研究	129
芦苇化感组分对羊角月牙藻和雷氏衣藻生长特性的影响	133
两套不同污水处理系统中微生物群落的比较	138
烟曲霉 (<i>Aspergillus fumigatus</i>) 菌吸附染料的解吸及其机理	144
厌氧氨氧化污泥微生物群落分析	148
溴氨酸生物强化降解及强化体系 DNA 指纹解析	152
金属离子对活性污泥比好氧率和脱氢酶活性的影响	157
环境激素降解细菌的降解特性及其系统发育分析	161
生物制氢反应器乙醇型发酵菌群的群落组成及其产氢特性	168

固氮蓝藻 <i>Nostoc commune</i> 和 <i>Anabaena azotica</i> Ley 耐盐性及机理研究	172
镁离子对纤维素降解菌降解过程影响的机理探讨	177
镁离子对链霉菌 FLZ10 降解纤维素动力学影响的研究	181
一株纤维素分解菌的筛选及生理生化特性研究	186
聚丙烯酰胺降解菌株的分离及其系统发育分析	191
大庆市东城区污水处理厂生物相监测与分析	195
菌制剂接种对垃圾堆肥过程微生物种群结构的影响研究	203
糖浓度对麦秸发酵过程中微生物群落的影响	209
淡水蓝藻的分离方法与蓝藻的分离鉴定	212
MBR 系统原生动物的群落特征	218
载体预先定向挂膜法处理硫酸盐废水的生态特性	222
碱度调节对产酸-硫酸盐还原过程中微生物活性的影响	226
初始条件对生物制氢反应器中顶极群落形成的影响	231
An Acetic-Acid Type Climax Community and Its changes Aroused by COD/SO ₄ ²⁻ Ratio in An Acidogenic Sulfate-Reducing Reactor	234
基于 BPNN 模型的微生物群落演替主导因子分析	242
一株硫酸盐还原功能菌株鉴定及其生长因子研究	247
油田注水系统中硫酸盐还原菌生态因子研究	251
溶解氧和有机碳源对同步硝化好氧反硝化脱氮的影响	257

第三部分 微生物处理技术	261
阴极产氢促进 UASB 反应器对生活废水的处理效率	262
ANAMMOX 工艺处理味精废水的种泥筛选	266
超高温水解酸化工艺处理玉米淀粉废水	272
固定化小球藻脱氮除磷机理	278
喷射环流生物反应技术高效反应机理分析	282
高效石油烃降解菌的分离鉴定及降解特性初步考察	287
碳源对厌氧氨氧化反应的影响	293
含硫化物废水生物处理过程中生成单质硫测定的新方法	298
四氢呋喃对污水性状的影响	302
沼泽红假单胞菌对偶氮染料的脱色	307
紫外线杀菌技术处理大庆油田注水的现场试验	312
油田污泥污水中聚丙烯酰胺降解菌	314
鸡粪厌氧消化的快速启动及无害化处理	318
高效降解苯胺和氯苯胺有机废水好氧污泥颗粒化	323
降解材料降解菌计数和分离新方法的建立及应用	330
微丝菌引发泡沫和污泥膨胀的原因和控制	335
微电解-Fenton 法处理油田含聚丙烯酰胺污水试验	342
膜分离生物反应器处理工厂废水一例	346
流化床生物质快速裂解制液体燃料	349
基因工程菌在 MBR 中对阿特拉津的生物强化处理	353
复合酵母菌-SBR 工艺处理油脂厂碱炼废水	357
城市污水不同处理工艺对病毒指示噬菌体的去除效果	361
五氯酚对好氧颗粒污泥和活性污泥的细菌种群结构的影响	366

应用高效菌剂提高污水处理能力的研究	372
苏云金芽孢杆菌以色列亚种(B. t. i) 对摇蚊幼虫毒力的生物测定方法	375
啤酒废水处理系统的微生物区系与高效菌株的分离筛选	379
跨界融合 Fh _{hh} 菌株处理 PTA 废水现场工程优化调控	385
曝气生物滤池(BAF) 处理厌氧装置出水的研究	390
生物曝气去除地下水中甲基叔丁基醚(MTBE) 污染研究	393
生物填料反应器对制药废水处理系统中臭气的治理	397
脱色希瓦氏菌 S12 对蒽醌染料的生物絮凝脱色研究	401
强化产氢产乙酸作用的厌氧折流板反应器的运行特性	406
改进型生物脱臭滴滤塔对硫化氢和氨气的处理效能研究	410
高硫煤微生物脱硫效果的初步研究	414
苯胺降解菌培养及降解特性研究	418
氨氮浓度对 SBR 工艺 TTC 和 INT-ETS 活性及 SOUR 的影响	422
用比摄氧速率表征有机物降解和硝化反应过程	427
用于固定化生物活性炭的高效脱酚菌的研究	432
水解酸化 - 好氧生物处理含油污水的试验的研究	437
O ₃ -IBAC 技术在直饮水系统中的应用	440
稀土硝酸盐杀菌活性研究	443
内循环三相生物流化床处理焦化废水生物强化技术的研究	446
影响苏云金杆菌对摇蚊幼虫生物测定因素的研究	449
颤蚓反应器结构和曝气方式对污泥减量效果的影响	453
高效降解 PCBs 嗜盐菌的降解特性	459
混合菌群对染料的脱色和降解	462
微生物淋滤技术处理制革污泥的回流运行模式与效果	467
UASB/SBR 组合工艺处理维生素 C 生产废水	471
折流式多级厌氧反应器的启动与运行特性	474
氮磷投量与 pH 值变化对 MBR 工艺处理啤酒废水效能影响	480
填料投配率对填料式 SBR 工艺处理高浓度制药废水效果的影响	484
微生物分解为主的城市生活垃圾综合处理方法	487
溶解氧对生物电极膜系统反硝化性能的影响	490
电极生物膜法脱氮工艺条件及电极过程对生物膜作用的研究	496
高效聚磷菌株 GM6 的鉴定及其生物学特性	502
蒽醌废水生化处理的活性污泥驯化	507
室内空气中细菌和真菌与甲醛相关性	511

第四部分 生态修复理论与技术

受污染城市缓流景观水处理技术	516
农药、化肥及土壤开垦对土壤甲烷氧化能力的影响	519
土壤与沉积环境样品腐殖酸脱除新方略	525
植物对沈阳市冶炼厂区土壤中重金属的吸收特性	531
除草剂与无机杀菌剂联合作用对黑土微生态系统的影响	535
高效石油烃降解菌群的构建及其降解能力的初步研究	540
荒漠蓝藻形成人工流沙结皮的初步研究	545
太湖地区两种典型浮萍对水介质中酞酸丁酯胁迫的生化响应研究	548

松嫩平原盐碱化草原土壤理化特性及土壤微生物构成分析	553
生活废水排入水渠后的水体自净过程及原生动物的变化	558
高锰酸钾复合药剂除藻效果分析实验	562
味喃丹降解菌的分离、鉴定及其对污染土壤的生物修复	565
四氢嘧啶在 <i>Halomonas</i> sp. BYS-1 渗透调控中的作用	569

第五部分 微生物资源与生物能源 575

陵水普通野生稻内生固氮菌的聚类及序列分析	576
双极脂类化合物混合膜的制备及性质	581
多环芳烃非降解菌的分离及鉴定	586
具有溶解 <i>E. coli</i> 细胞能力的嗜热菌的筛选	589
绿色木霉菌(<i>Trichoderma viride</i>) 原生质体制备和再生	592
红假单胞菌的初期活性对猪粪污水光合产氢的影响	596
微生物絮凝剂 MBF-7 对高岭土悬浊体系的絮凝特性	600

Stability and Properties of γ -glutamyl transferase Entrapped in Alginate, Polyacrylamide and Gelatin Gels	605
---	-----

高压对复合型微生物絮凝剂产生菌的性质和絮凝活性影响	611
高效复合型微生物絮凝剂	614

Dye Decolorization and Heterologous Expression of Laccase A from <i>Trametes</i> sp. AH28-2	618
---	-----

16S rDNA Sequencing of a Novel <i>Lactobacillus</i> Species in Molasses Wastewater Treatment by Activated Sludge	626
--	-----

The selection of high efficiency hydrogen-producing strains from fermentation by the ultra-violet radiation	629
---	-----

产氢细菌的厌氧操作与紫外线诱变技术	633
-------------------------	-----

一株短程反硝化除磷菌的筛选及其生长影响因子研究	636
-------------------------------	-----

一株硫酸盐还原菌的 16S rRNA 基因鉴定及亚硫酸盐还原酶基因序列分析	640
---	-----

生物絮凝剂絮凝效果与沉降特性研究	646
------------------------	-----

复合生物絮凝剂产生菌碳源营养利用分析	649
--------------------------	-----

复合型生物絮凝剂主要成分的分析	653
-----------------------	-----

纤维素分解菌复合系 MC1 的菌种组成多样性	659
------------------------------	-----

纤维素分解菌复合系 MC1 对稻秆的分解过程及 pH 值动态	664
--------------------------------------	-----

纤维素分解菌复合系 MC1 对秸秆的分解能力及稳定性	669
----------------------------------	-----

细胞反应器中反硝化细菌鉴定、活性分析方法的研究	673
-------------------------------	-----

生物絮凝剂产生菌 F_2 、 F_3 的初步研究	676
------------------------------------	-----

A new isolate of <i>Aeromonas hydrophila</i> that decolorizes triphenylmethane, azo and anthraquinone dyes	680
--	-----

乳酸菌复合系 A12 的多样性及对苜蓿青贮的效果	685
--------------------------------	-----

五氯酚对土壤酶活性及微生物多样性的影响	689
---------------------------	-----

杂色云芝漆酶和发酵液对对苯二酚的降解	694
--------------------------	-----

混合菌群用于纤维素糖化和燃料酒精发酵的试验研究	700
-------------------------------	-----

餐厨垃圾乳酸发酵残渣堆肥中理化指标变化	704
---------------------------	-----

餐厨垃圾乳酸发酵残渣堆肥中微生物指标变化	707
----------------------------	-----

餐厨垃圾发酵生产乳酸的统计优化	710
-----------------------	-----

脱酚工程菌的筛选及其脱酚效能的研究	715
-------------------------	-----

太湖地区菜地土壤微生物群落的遗传多样性分析* 718

灭多威降解菌(MDW-1)的分离、鉴定及降解特性研究 723

奶牛粪便沼气发酵前后发酵液中产甲烷菌多样性分析 727

多功能降解菌 *Pseudomonas putida* KT2440-DOP 的构建与降解特性研究 732

Purification and Some Characteristics of A Strain of Cellulolytic Bacterium 736

第一部分

微生物学研究进展

细菌 quorum sensing 研究进展

胡宝兰, 郑平, 武小鹰

(浙江大学环境工程系, 杭州, 310029)

许多细菌能产生并向胞外分泌一些信号分子, 细菌彼此之间利用这些释放到环境中的信号分子来进行交流。释放信号分子后, 细菌能感知种群内信号分子的数量(浓度), 借此信号分子的积累使单个细胞感知细菌的数量(细胞密度)。我们将此现象用术语“Quorum Sensing”(密度感知信号系统, 简称 QS)来描述。“QS”术语最初造词是用来描述 AHL 信号的^[1], 它最早出现于 1970 年^[2], 但该信号分子的化学特性直到 1981 年才被阐明^[3]。现在 QS 则指由细菌细胞产生分泌到胞外并用来感知细胞密度的一种信息素。它允许细菌种群共同控制基因的表达, 使种群行为可以同步。本文将简要介绍 QS 系统的基本概念、并对研究得较多的几种 QS 系统进行比较。

1 基本概念和定义

1.1 QS 的发现

最早研究 QS 起始于 1960 年代, 海洋荧光细菌 *Vibrio fischeri* 在液体培养时发现只有存在大量细菌时才会发光^[4]。对此现象最初的解释是培养基中含有发光抑制剂, 当存在大量细菌时可去除该抑制剂^[5]。这暗示了若把细菌预先在培养基中有条件地培养, 那么低的细菌密度也可诱导发光。后来的实验证明发光并不是由于去除了抑制剂的原因, 而是由于一种被称为“自诱导剂”的活性剂的积累所致^[2]。该分子由细菌产生, 当积累到足够浓度时可刺激细菌发光。细菌可通过控制自诱导剂的浓度来感知其细胞密度。也就是说, 细菌可以感知周围“同伴”的存在, 只有到了“法定人数”(Quorum), 即一定的密度才开始发光, 这种细胞密度感知的机制被命名为 quorum sensing (密度感知信号系统, 简称 QS)。后来进一步的研究表明, 该小分子信号是高丝氨酸内酯(AHLs)。当细菌增殖达到一定密度的时候, AHLs 的浓度也随之增高, 当达到一定的阈值时即可与细菌中的 LuxR 蛋白结合, LuxR 是弧菌发光基因 Lux 的转录调节因子, 可以结合在 Lux 启动子的上游, 从而激活 Lux 基因的表达, 导致弧菌发光。另一方面, AHLs 和 LuxR 结合后又可上调 AHLs 合成基因 LuxI 的表达, 形成正反馈, 使上述信号系统不断放大。

当时这一现象并未引起人们的重视。近几年来的研究表明, 类似的基因调节系统也广泛存在于其他革兰阳性和阴性细菌, 控制着多种功能的基因表达, 从而越来越引起人们的重视。

1.2 QS 的种类

在自然环境中, 不同的细菌种群使用不同的信号分子来进行交流, 就像是使用不同的语言一样, 不过它们彼此之间并不是所有细菌都能进行交流的。细菌利用许多不同种类的 QS 信号分子, 研究得较多的是 N-乙酰基-L-高丝氨酸内酯(AHL), 如 3-oxo-C6-HSL, 见图 1。每一种信号分子仍会有一些不同, 如侧链的长度等。在某些情况下单个的细菌种类具有不止一种的 QS 系统, 因此它们能使用不止一种的信号分子。细菌会以不同的方式对每个分子起反应。在这种情况下信号分子可被认为是一种语言中的一些单词, 每个单词具有不同的意义。

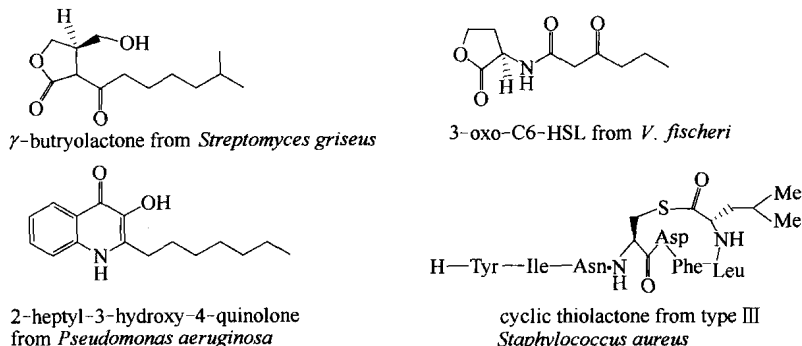


图 1 不同种类的 QS 信号分子

QS 还具有“串话”的功能，利用 QS 细菌能进行种群间的交流。“串话”表明在许多区域微生物总是以混合种群的形式共同存在，如在生物膜中。

QS 能使细菌彼此之间协调它们的行为。由于环境条件通常会迅速发生变化，细菌为了生存必须对此立即做出反应。这些反应包括调节利用营养物质的能力，与其他微生物竞争相同的基质，避免毒性化合物带来的毒害作用，DNA 的接合转移^[1]，抗生素的产生^[6]，以及种群的发展或分化如群聚运动^[7]和生物膜的形成等^[8]（表 1）。

表 1 细菌细胞与细胞间传递的信号及其控制的表型实例

细 菌	主要的信号分子	表 型	参考文献
<i>Aeromonas hydrophila</i>	C4-HSL	胞外蛋白酶,生物膜形成	[9],[10]
<i>Aeromonas salmonicida</i>	C4-HSL	胞外蛋白酶	[10]
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	3-oxo-C8-HSL	质粒接合	[11],[12]
<i>Burkholderia cepacia</i>	C8-HSL	外蛋白酶,含铁细胞产生	[13]
<i>Chromobacterium violaceum</i>	C6-HSL	抗生素,紫色杆菌素,胞外酶,氰化物	[14],[15]
<i>Enterobacter agglomerans</i>	3-oxo-C6-HSL	未知	[16]
<i>Enterococcus faecalis</i>	质粒特异性隔膜和八肽信息素	质粒接合	[17]
<i>Erwinia carotovora</i> Subsp <i>carotovora</i>	3-oxo-C6-HSL	氨基甲酰抗生素,胞外酶	[16],[18]
<i>Erwinia chrysanthemi</i>	3-oxo-C6-HSL	果胶酶	[18]
<i>Escherichia coli</i>	未知	细胞分裂	[19]
<i>Nitrosomas europaea</i>	3-oxo-C6-HSL	从延迟生长期出现	[19]
<i>Obesumbacterium proteus</i>	3-oxo-C6-HSL	未知	[20]
<i>Pantoea stewartii</i>	3-oxo-C6-HSL	胞外多糖	[20]
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	3-oxo-C12-HSL	胞外酶,生物膜形成,细胞间隔形成	[21],[22]
	C4-HSL	胞外酶,氰化物,外源凝集素,绿脓菌素	[23],[24],[25],
<i>Pseudomonas aureofaciens</i>	C6-HSL	吩嗪抗生素	[26]
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	未知	吩嗪抗生素	[26]
<i>Ralstonia solanacearum</i>	C8-HSL	未知	[27]
	3-羟基棕榈酸甲酯	外蛋白酶;胞外多糖	
<i>Rhizobium etli</i>	未知	限制根瘤数量	[28]
<i>Rhizobium leguminosarum</i>	3-hydroxy-7-cis-C14-HSL	根瘤,细菌素,静止生长阶段	[29],[30]
	C8-HSL		
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	7-cis-C14-HSL	种群逃逸	[31]
<i>Serratia liquefaciens</i>	C4-HSL	群聚运动,外蛋白酶	[32],[33]
<i>Staphylococcus aureus</i>	peptide thiolactone	外毒素;胞外酶;蛋白质 A	[34]
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	促能多肽	感受态	[35]
<i>Streptomyces griseus</i>	A-因子(γ -丁内酯)	链霉素的产生;气生菌丝生长;色素	[36]
<i>Vibrio anguillarum</i>	3-oxo-C10-HSL	未知	[37]
<i>Vibrio fischeri</i>	3-oxo-C6-HSL	生物发光	[4],[5]
<i>Xenorhabdus nematophilus</i>	3-hydroxy-C4-HSL	毒性,细菌脂肪酶	[38]
<i>Yersinia enterocolitica</i>	C6-HSL	未知	[39]
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	3-oxo-C6-HSL	运动性,凝集	[39]
<i>Yersinia ruckeri</i>	未知	未知	[39]

2 不同类型的 QS 系统

2.1 基于 AHL 的 QS 系统

2.1.1 *V. fischeri* 菌中的 QS

海洋细菌 *V. fischeri* 可以以悬浮状态生活，也可以和一些可发光的鱼类形成共生体共同生活^[40,41]。细

菌在鱿鱼上共生形成专门的发光器官，从而使其能发光，发光源是细菌，鱿鱼的生物发光是为了吸引猎物或为了伪装^[42]。在海洋环境中，细菌只有形成发光器官后才能发光，当它浮游生长时并不发光。研究 *V. fischeri* 菌如何调节生物发光的机制从而发现了基于 *N*-乙酰基-L-高丝氨酸内酯 (AHL) 的 QS，至今已发现多种 AHL 分子，具体结构见图 2。*V. fischeri* 菌产生的分子最初在 1981 年被 Eberhard 等^[2] 分离鉴定，并被确认为 *N*-(3-氧己酰)-高丝氨酸内酯 (3-oxo-C6-HSL)。Engbrecht 等^[43] 1983 年对 *V. fischeri* 菌的 QS 的相关基因进行了分析，创建了 *V. fischeri* 菌 QS 调节的基本模型 (图 3)。

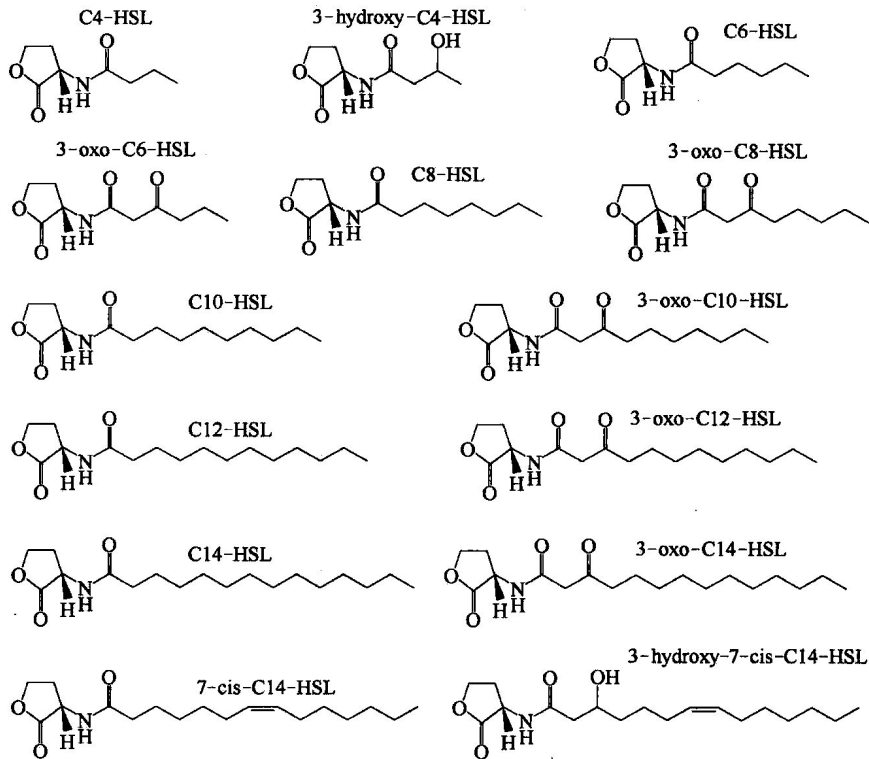


图 2 不同结构的 AHLs

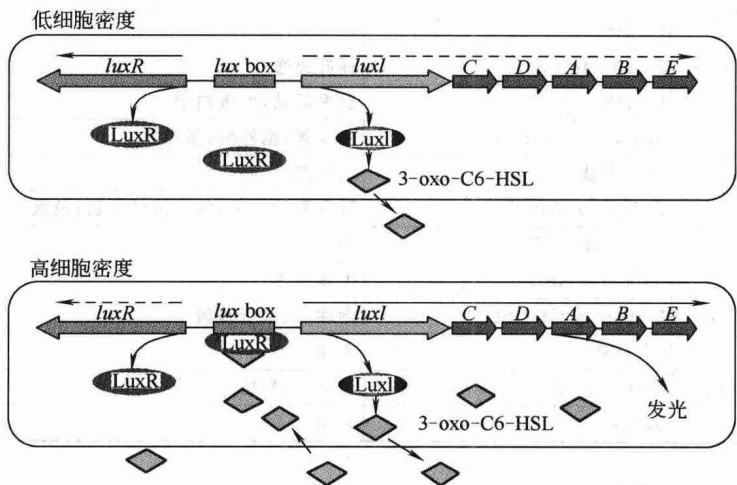


图 3 *V. fischeri* 菌 QS 的模型

在低细胞密度时，*luxICDABE* 基因 (控制生物发光的基因) 被低水平转录，产生少量的 3-oxo-C6-HSL 扩散出细胞外。在高细胞密度时，3-oxo-C6-HSL 在局部环境包括细胞内部积累，由于 LuxR 蛋白和 3-oxo-C6-HSL 复合体结合到 DNA 上的 *lux* 框区域从而使 *luxICDABE* 基因的转录增加。采用这种方式 3-oxo-C6-

HSL 自诱导自身的合成从而放大 QS 信号。

在 *V. fischeri* 菌中, 信号分子 (3-oxo-C6-HSL) 通过 LuxI 蛋白合成并被 LuxR 蛋白识别。在低细胞密度时 (只有少量细菌存在时) 细菌产生的信号分子较少, AHL 分子扩散出细菌细胞并进入到周围环境中。当细胞密度增加时 (存在更多细菌时) 信号分子在细菌周围积累, 当信号分子达到一定的浓度域值时就可与 LuxR 蛋白相互作用。LuxR/AHL 复合体结合到 DNA 的 *lux* 框区域从而使发光基因启动。而 LuxR/AHL 复合体可使 AHL 大量产生 (由 LuxI), 这样 AHL 可被认为是自诱导合成的 (详见图 3)。当 *V. fischeri* 菌自由悬浮生长时是以低密度状态存在, 而当共生形成发光器官后则以高密度的状态存在, 因此 QS 就可以解释为什么细菌在自由生长时是不发光的而在共生形成发光器官后是发光的。

2.1.2 其他具有 *V. fischeri* 型 QS 系统的细菌

除了海洋细菌 *V. fischeri* 以外的其他细菌也使用 QS 系统^[15], 如 *Enterobacter*, *Hafnia*, *Rahnella*, *Pseudomonas aeruginosa* 和 *Serratia*. 等菌中都可产生基于 AHL 的 QS 系统。

(1) *Erwinia carotovora* 菌抗生素的产生

在随后的许多年中, 一直认为以 AHL 为基础的 QS 仅限于海洋细菌中如 *V. fischeri* 菌。一直到研究抗生素的合成时才发现 QS 系统远比以前所认为的要普遍得多。在 1990 年代时期, 来自诺丁汉的 Barrie Bycroft 和 Paul Williams 和来自沃里克的 George Salmond 在研究 *Erwinia carotovora* 菌时发现突变体不能形成氨基甲酰抗生素。结果发现在不同的突变体中基因是有缺陷的, 因此建立了一张在该生物合成途径中涉及的所有基因的图谱。一种突变体自己本身不能产生抗生素, 但当与第二种突变体交叉培养时则可产生抗生素。研究表明, 第二种突变体是向第一种突变体供应能刺激抗生素合成的信号分子。这种信号分子与 *V. fischeri* 菌内可刺激发光的分子具有相似的功能^[17]。

(2) *Pseudomonas aeruginosa* 菌中的 QS

几乎是在同一时期, Gambello 和 Iglewski^[44] 发现人类的病原菌 *Pseudomonas aeruginosa* 也拥有与 *V. fischeri* 菌类似的 QS 系统。该系统具有调节弹性蛋白酶 (一种重要的致病因子) 产生的作用。AHL 起着诱导弹性蛋白酶产生的作用, 并被确认为是 3-oxo-C12-HSL^[23]。Latifi 等^[23] 发现了调节鼠李糖脂、溶血素以及其他重要的致病因子的次级 QS 系统。Winson 等^[45] 证实该系统主要是用于产生 C4-HSL。Ochsner 等^[46] 也独立发现了该系统。

2.2 其他 QS 系统

除了 AHLs 外, 细菌还使用许多其他的信号 (见图 1) 来感知细胞密度。研究得较多的是许多 G⁺ 细菌使用的多肽以及首先在 *V. harveyi* 菌中发现的 AI-2 分子。

2.2.1 *V. harveyi* 菌的 QS 系统

V. harveyi 菌与 *V. fischeri* 菌一样是具有生物发光能力的海洋细菌, 其发光基因受 QS 系统调节。与所有的 QS 系统一样, 信号分子先由细菌产生随后被感知, *V. harveyi* 菌具有两套 QS 系统, 一套利用 N-乙酰基-L-高丝氨酸内酯 (AHL) 的一种 3-OH-C4-HSL 作为信号, 这套系统与 *V. fischeri* 菌的系统不一样, 所涉及的基因与 *V. fischeri* 菌的基因不具有同源性。*V. harveyi* 菌的第二套系统则依赖一种未知结构的称为 AI-2 信号分子的积累。AHL 和 AI-2 系统都采用两种组分调节系统来调节发光基因^[47]。AHL 信号分子 (3-OH-C4-HSL) 是由 LuxM 蛋白产生, 由 LuxN 蛋白接收的^[48]; 而 AI-2 信号分子则是由 LuxS 蛋白产生, 由 LuxP 和 LuxQ 蛋白接收。LuxN 和 LuxQ 蛋白都含有传感器激酶并对两组分系统调节域起响应。这两个接受系统集中在 LuxO 蛋白上, 该蛋白同样对两组分信号转录系统的调节域起响应^[49]。在低细胞密度时, LuxO 蛋白通过磷酸化蛋白 LuxU 被 LuxQ 和 LuxN 蛋白磷酸化。在磷酸化状态时, LuxO 蛋白激活阻滞 *luxCDABE* 基因转录的抑制蛋白的转录。在高细胞密度当两类信号分子存在时, LuxQ 和 LuxN 蛋白使 LuxO 蛋白去磷酸化, 从而阻止抑制蛋白的转录被激活。从而允许转录激活剂 LuxR 蛋白 (与 *V. fischeri* 菌的 LuxR 蛋白不同源) 激活 *lux* 基因的表达^[50] (图 4)。

在低细胞密度时, 传感器激酶 LuxQ 和 LuxN 蛋白自动磷酸化, 通过 LuxU 蛋白将磷酸化信号传递给 LuxO 蛋白。在磷酸化状态时, LuxO 蛋白激活抑制转录的 *luxCDABE* 基因。在高细胞密度时, 这两种自诱导剂分子积累并与传感器蛋白 LuxP 和 LuxN 相互作用, 从而使 LuxO 经蛋白 LuxU 蛋白去磷酸化, 阻止激活抑制蛋白的表达, 从而允许 LuxR 蛋白激活 *luxCDABE* 基因的转录。

2.2.2 其他具有 *V. harveyi* QS 系统的细菌

尽管在其他弧菌如 *V. cholerae*^[51]、*V. parahaemolyticus*^[52]、*V. anguillarum*^[48]、*V. vulnificus*^[53] 和

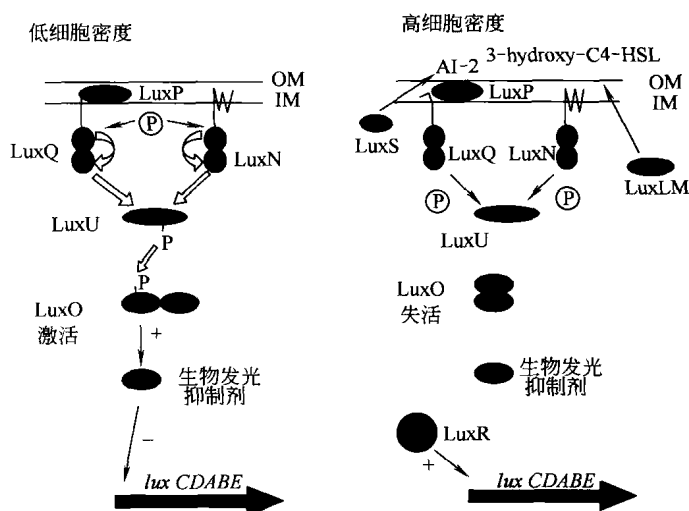


图 4 *V. harveyi* QS 系统示意

V. fischeri^[54]中都已发现了与 *V. harveyi* 菌相似的双组分系统,但大多细菌并不拥有与 *V. harveyi* QS 系统同源的除 LuxS 蛋白以外的蛋白。LuxS 蛋白起着合成 AI-2 分子的作用。最近,一些在 G⁺ 和 G⁻ 细菌中都发现了 LuxS 蛋白的同源体,如 *E. coli*, *Salmonella typhimurium*, *Haemophilus influenzae*, *Bacillus subtilis*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Staphylococcus aureus* 和 *Streptococcus pneumoniae* 等^[55,56]。令人感兴趣的是,上面所列的所有菌都不具有与 *V. harveyi* QS 系统其他蛋白同源的蛋白。检测和响应 AI-2 信号的机制目前尚不清楚。有可能在这些细菌中 LuxS 和 AI-2 分子具有 QS 以外的其他功能。弧菌属中可能只有少数的种使用 AI-2 作为 QS 系统并用其来感知其他细菌种群的存在与否。

参考文献

- 1 Fuqua W C, Winans S C J. *Bacteriol*, 1994, 104: 313~322
- 2 Eberhard A, Burlingame A L, Eberhard C, et al. *Biochem*. 1981, 20: 2444~2449
- 3 Bainton N J, Bycroft B W, Chhabra S R, et al. *Gene* 1992, 116: 87~91
- 4 Kempner E S, Hanson F E. J. *Bacteriol*, 1968, 95: 975~979
- 5 Eberhard A. J. *Bacteriol*, 1972, 109: 1101~1105
- 6 Eberl L, Winson M K, Sternberg C, et al. *Mol. Microbiol*. 1996, 20: 127~136
- 7 Davies D G, Parsek M R, Pearson J P, et al. *Science* 1998, 280: 295~298
- 8 Swift S, Karlyshev A V, Fish L, et al. *J. Bacteriol*, 1997, 179: 5271~5281
- 9 Swift S, Lynch M L, Fish L, et al. *Infect. Immun*, 1999, 67: 5192~5199
- 10 Fuqua W C, Winans S C and Greenberg E P. J. *Bacteriol*, 1994, 176: 269~275
- 11 Piper K R, Beck von Bodma S, Hwang I and Farrand S K. *Mol. Microbiol.*, 1999, 32: 1077~1089
- 12 Lewenza S, Conway B, Greenberg E P and Sokol P A. J. *Bacteriol*, 1999, 181: 748~756
- 13 McClean K H, Winson M K, Fish L, et al. *Microbiology*, 1997, 143: 3703~3711
- 14 Chernin L S, Winson M K, Thompson J M, et al. *J. Bacteriol*, 1998, 180: 4435~4441
- 15 Swift S, Winson M K, Chan P F, et al. *Mol. Microbiol.*, 1993, 10: 511~520
- 16 Dunny G M, Leonard B A B and Hedberg P J. J. *Bacteriol*, 1995, 177: 871~876
- 17 Bainton N J, Bycroft B W, Chhabra S R, et al. *Gene*, 1992, 116: 87~91
- 18 Nasser W, Bouillant M L, Salmond G and Reverchon S. *Mol. Microbiol*, 1998, 29: 1391~1405
- 19 Batchelor S E, Cooper M, Chhabra S R, et al. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1997, 63: 2281~2286
- 20 Beck von Bodman S and Farrand S K. J. *Bacteriol*, 1995, 177: 5000~5008
- 21 Chapon-Hervé V, Akrim M, Latifi A, et al. *Mol. Microbiol.*, 1997, 24: 1169~1178
- 22 Glessner A, Smith R S, Iglewski B H and Robinson J B. J. *Bacteriol*, 1999, 181: 1623~1629
- 23 Latifi A, Foglino M, Tanaka K, et al. *Mol. Microbiol.*, 1996, 21: 1137~1146
- 24 Pearson J P, Pesci E C and Iglewski B H. J. *Bacteriol*, 1997, 179: 5756~5767