



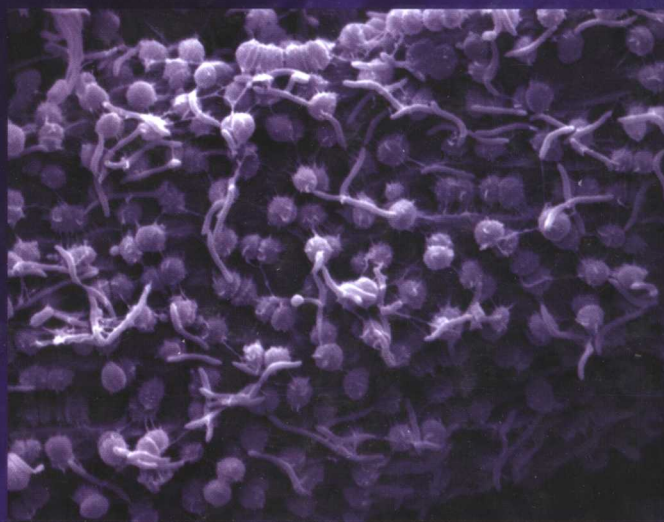
国家科学技术学术著作出版基金资助出版

原核生物系统学

Systematics of Prokaryotes

(Conciseness)

陶天申 杨瑞馥 东秀珠 主编
陈文新 主审



化学工业出版社

生物·医药出版分社



国家科学技术学术著作出版基金资助出版

原核生物系统学

Systematics of Prokaryotes

(Conciseness)

陶天申 杨瑞馥 东秀珠 主编
陈文新 主审



化学工业出版社

生物·医药出版分社

·北 京·

图书在版编目 (CIP) 数据

原核生物系统学/陶天申, 杨瑞馥, 东秀珠主编.
北京: 化学工业出版社, 2007.7
ISBN 978-7-122-00478-9

I. 原… II. ①陶…②杨…③东… III. 原核生物-
系统论 IV. Q939

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2007) 第 074194 号

责任编辑: 傅四周
责任校对: 顾淑云

文字编辑: 张春娥
装帧设计: 潘 峰

出版发行: 化学工业出版社 生物·医药出版分社
(北京市东城区青年湖南街 13 号 邮政编码 100011)

印 刷: 北京永鑫印刷有限责任公司

装 订: 三河市万龙印装有限公司

787mm×1092mm 1/16 印张 37½ 字数 938 千字 2007 年 9 月北京第 1 版第 1 次印刷

购书咨询: 010-64518888 (传真: 010-64519686) 售后服务: 010-64518899

网 址: <http://www.cip.com.cn>

凡购买本书, 如有缺损质量问题, 本社销售中心负责调换。

定 价: 120.00 元

版权所有 违者必究

前言

根据现代生物学的观点,整个生物界可以划分为非细胞生物和细胞生物,而细胞生物又分为原核生物和真核生物。20世纪80年代以前,原核生物与细菌同义,后来,由于发现有些原核生物在细胞结构和功能、生态生存条件等方面与其他原核生物有着本质的不同,于是将这些原核生物从细菌中划分出来而称为古菌,现在,古菌、细菌和真核生物被并列为生物的三大域,相当于生物分类的界。

系统学是指通过追溯系统发育推断进化谱系,使生物的分类单元特征化,并依次归类排列的学科。在学界往往被认为与分类学同义。原核生物系统学可以被认为是现代原核生物分类学,其内容涉及对原核生物的分离、描述、鉴定、分类、命名和菌种的保藏等,是原核生物重要的生物学基础。

经过200余年的研究和实践,人类发现并命名了原核生物的许多分类单元,其间又有许多分类单元经过整理、重新划分、合并和废弃。据目前的统计,原核生物约有1500个属,8000余个种。现在,国际上有两部用英语编写的有关原核生物的系统学著作,一是《伯杰氏系统细菌学手册》,其第1版分为4卷,分别于1981至1989年出版发行,其第2版将分为5卷,目前已出版其第1卷和第2卷,其他各卷还在编写和出版中;二是《原核生物》一书,共分为7卷,现已全面出版,全书约有7500页。由此可见,要写一部详细的原核生物系统学将需要很大的篇幅。

我们的宗旨是编写一本简约和概括的原核生物系统学,以便读者了解此学科的现状和发展概貌。本书由三部分组成。第1、第2、第3和第4章构成本书的总论,第5和第6章构成本书所述的方法学,考虑到原核生物分类和鉴定的经典方法,读者很容易从相关学科中查阅到,因而在本书中予以省略。本书在方法学上只限于介绍研究原核生物的分子生物学方法和现代仪器分析的应用。第7章~第15章构成本书对原核生物各个分类单元论述的各论。它们是根据上述《伯杰氏系统细菌学手册》第2版分类大纲的体例,将原核生物分为古生菌和细菌(23个门)分别予以论述,全面地反映原核生物的分类,但由于篇幅所限,只能选择描述重要的菌类,本书封面所载为瘤胃细菌的显微照片。

编者们对陈文新院士在拟定本书编写提纲和编写过程中给予的指导,以及对本书的主审表示衷心的感谢;对化学工业出版社相关编辑在全书出版中的仔细工作深表感谢。作为主编我们对参加本书编写的各位学者在百忙中抽出时间写稿表示谢意。

本书得到了“国家科学技术学术著作出版基金”的资助,这是对编者和出版者的莫大鼓励,更是对编者和出版者的鞭策。书中引用的少量材料来源于网络,因为不能获悉这些材料的原创者,所以无法一一征询他们的意见,在此谨向他们表示感谢。如果他们有机会读到本书,可以与编者或出版者联系。

值得说明的是,细菌名称中以人名命名的拉丁名翻译时按照出版要求,译文在两个汉字以上的名称中去掉了“氏”,如“鼠疫耶尔森氏菌”中的“氏”就省略了,写为“鼠疫耶尔森菌”。

由于编写者水平所限,书中可能出现错误和遗漏,敬请各界先贤和同仁不吝赐教和指正。

陶天申 杨瑞馥 东秀珠
2007年元月于北京

目 录

第 1 章 原核生物系统学概论	1
1.1 原核生物资源的多样性及重要性	1
1.1.1 代谢类型的多样性	2
1.1.2 生境的广泛性	2
1.1.3 生活方式的多样性	3
1.1.4 遗传多样性	3
1.2 原核生物分类学和系统学的概念以及原核生物种的定义	5
1.2.1 原核生物分类学和系统学	5
1.2.2 原核生物“种”的概念	5
1.3 原核生物分类简史	7
1.4 原核生物系统学研究进展与成就	10
1.4.1 Woese 的成就、古菌的发现及其分类学意义	10
1.4.2 “复制基因树”和“蛋白质系统学”	12
1.4.3 “基因组系统学”(Phylogenomics)	12
1.4.4 以全基因组为基础的氨基酸组分矢量法在原核生物系统学中的应用	13
1.5 原核生物系统学与其他学科的关系	14
1.6 《伯杰氏系统细菌学手册》第 2 版简介	15
参考文献	16
第 2 章 细菌命名法规及其在原核生物分类中的应用	17
2.1 国际细菌命名法规	17
2.1.1 俗名和学名	17
2.1.2 早期生物命名简况	17
2.1.3 命名法规的性质和意义	18
2.1.4 细菌命名法规的缘起	19
2.1.5 国际细菌命名法规的内容简介	19
2.1.6 名称的优先权和发表	21
2.1.7 名称的引用	22
2.1.8 异物同名和同物异名	24
2.1.9 细菌名称及其有关信息的查询	26
2.1.10 汉译细菌名称	27
2.1.11 公认名称与非公认名称的使用	27
2.2 与细菌分类和命名有关的国际学术机构及其相关刊物	28
2.3 《细菌名称的确认名录》	34
2.4 细菌名称的合格化及其手续	35

2.4.1 新名称和（或）新组合被国际学术界所承认的一般要求	35
2.4.2 有效发表的合格化	36
2.5 细菌名称的应用	38
2.6 对不合法规的细菌命名的更名	38
2.6.1 细菌命名的原则	38
2.6.2 对细菌命名违规的处理示例	39
2.7 原核生物分类中暂定名称的分类地位	40
2.7.1 原核生物暂定名称的概念	40
2.7.2 确立暂定名称的原核生物应注意的要点	40
2.7.3 暂定名称原核生物系统学示例	42
2.8 国际生物命名法规的协调与统一	42
2.8.1 生物命名法规协调与统一的背景	42
2.8.2 生物命名统一法规（BioCode）的设想和活动	43
2.8.3 生物命名法规统一对细菌命名的影响	45
参考文献	45

第3章 生物信息学在原核生物分类中的作用 47

3.1 生物信息学简介	47
3.2 生物信息学在原核生物系统学中的作用	47
3.3 原核生物信息学网站介绍	49
3.3.1 中国微生物信息网络	49
3.3.2 WDCM	50
3.3.3 NCBI	52
3.3.4 LPSN	59
3.4 数据远程通信和菌种分类地位的初步判断	62
3.4.1 细菌总 DNA 的提取	63
3.4.2 16S rDNA 的 PCR	63
3.4.3 16S rDNA 序列测定	64
3.4.4 与 GenBank 中的已知序列进行 BLAST 分析	64
3.4.5 找出相似性最高的序列	64
3.4.6 将所得序列排序、比对	65
3.4.7 用建树软件构建树状图	65
3.4.8 判定目的细菌的分类地位或系统发育地位	65
参考文献	66

第4章 菌种保藏在原核生物分类学研究中的作用 68

4.1 菌种保藏概述	68
4.1.1 菌种保藏的类型	68
4.1.2 菌种保藏的基本要求	69
4.1.3 菌种保藏的原理	70
4.1.4 菌种保藏的方法	71
4.1.5 影响菌种长期保藏的主要因素	74

4.2	原核生物新分类单元的菌种保藏	76
4.3	菌种保藏机构的作用	76
4.3.1	早期菌种保藏室的创建	76
4.3.2	菌种保藏机构的建立与国际化	78
4.4	专利菌种保藏与分类	81
4.4.1	专利菌种的概念及其作用	81
4.4.2	《布达佩斯条约》	82
4.4.3	我国对专利菌种保藏的要求	83
4.4.4	专利微生物分类	84
	参考文献	85

第5章 原核生物多相分类技术与应用

5.1	多相分类理论的提出及其应用	86
5.1.1	细菌多相分类学的不同信息	86
5.1.2	分类学技术的应用范围	87
5.1.3	各种分类信息的意义及评述	87
5.1.4	多相分类学技术的应用与多相鉴定	88
5.1.5	群体遗传学在分类学中的作用	88
5.2	表型分类技术与意义	89
5.2.1	原核生物的形态学特征与原核生物分类	90
5.2.2	生理和生化方法与原核生物分类	90
5.3	蛋白质分析在原核生物分类中的应用	97
5.3.1	蛋白质氨基酸测序	97
5.3.2	蛋白质电泳图谱分析技术	97
5.4	分子生物学分类技术与意义	99
5.4.1	16S rRNA 序列分析的基本原理	100
5.4.2	16S rRNA 序列分析的技术步骤	101
5.4.3	16S rRNA 序列分析技术在微生物分类鉴定中的应用	102
5.4.4	采用 16S rRNA 法进行医学微生物分离鉴定应注意的问题	107
5.5	DNA 碱基组成 (GC 含量) 测定	108
5.5.1	GC 含量测定方法	108
5.5.2	DNA GC 含量测定法在细菌分类鉴定中的意义	110
5.5.3	细菌 DNA GC 含量测定方法的前景展望	110
5.6	DNA 同源性分析	111
5.6.1	复性和杂交的动力学	111
5.6.2	复性速率法	112
5.6.3	S1 核酸酶分析法和羟基磷灰石法	113
5.6.4	固相杂交法	113
5.6.5	DNA 同源性测定在细菌分类鉴定中的意义	114
5.7	非可培养细菌	114
5.7.1	环境中“活的非可培养”细菌的诱导因素	115
5.7.2	“活的非可培养”细菌的生物学特性	115

5.7.3 “活的非可培养”细菌的复苏	115
5.7.4 “活的非可培养”病原菌的致病性	116
5.7.5 细菌进入“活的非可培养”状态的内在机制	116
5.7.6 “活的非可培养”细菌的检测	116
5.7.7 对细菌“活的非可培养”状态概念的争议	118
5.7.8 细菌“活的非可培养”状态的理论及实际意义	118
5.8 化学分类技术与意义	119
5.8.1 气相色谱技术	120
5.8.2 细菌的液相色谱分析	125
5.8.3 质谱分析技术	128
5.9 数值分类与应用	134
5.9.1 数值分类的定义、概况和特点	134
5.9.2 数值分类的步骤	135
5.9.3 性状的测定及数据收集	136
5.9.4 数值分类的局限性	142
参考文献	142

第6章 原核生物的分子生态学研究 144

6.1 分子探针的应用	144
6.1.1 FISH 技术简介	145
6.1.2 原核生物核糖体 RNA 基因的特点	146
6.1.3 荧光原位杂交技术的局限性	146
6.1.4 FISH 的应用	147
6.1.5 技术展望	147
6.2 核酸指纹图分析技术与意义	148
6.2.1 遗传多态性分析技术	148
6.2.2 质粒指纹图分析技术	148
6.2.3 染色体 DNA 指纹图分析技术	149
6.3 生物芯片和快速鉴定	157
6.3.1 DNA 芯片	157
6.3.2 蛋白质芯片	159
6.4 细菌自动化鉴定仪器的应用	164
6.4.1 基于生化反应的微量多项试验鉴定系统	164
6.4.2 基于微生物特征“指纹图”的自动化检测仪器	165
6.4.3 基于免疫反应的细菌自动化鉴定系统	166
6.4.4 基于分子生物学的细菌自动化鉴定系统	167
6.4.5 细菌自动化鉴定仪器在原核生物分子生态学方面的应用	168
参考文献	168

第7章 古菌域 170

7.1 古菌的定义	170
7.2 古菌的发现和研究现状	170

7.3 研究古菌的意义	172
7.3.1 探索生命适应环境的极限	172
7.3.2 探索生命的起源和早期演化过程	172
7.3.3 认识生命的多样性	172
7.3.4 研究真核生物遗传信息传递过程的模式和真核生物起源的途径	173
7.4 泉古菌界	173
7.4.1 热变型菌目	174
7.4.2 硫还原球菌目	174
7.4.3 硫化叶菌目	175
7.5 广古菌界	176
7.5.1 产甲烷古菌	176
7.5.2 极端嗜盐古菌	181
7.5.3 热原体古菌	185
参考文献	186

第8章 细菌域第Ⅰ至第Ⅸ门

8.1 产液菌门, 栖热袍菌门, 热脱硫杆菌门和异常球菌——栖热菌门	188
8.1.1 BⅠ——产液菌门	188
8.1.2 BⅡ——栖热袍菌门	191
8.1.3 BⅢ——热脱硫杆菌门	195
8.1.4 BⅣ——异常球菌——栖热菌门	197
8.2 金矿菌门、绿屈挠菌门和热微菌门	201
8.2.1 金矿菌门	201
8.2.2 第Ⅳ门——绿屈挠菌门	202
8.2.3 第Ⅶ门——热微菌门	205
8.3 硝化螺菌门和铁还原杆菌门	207
8.3.1 第BⅧ门——硝化螺菌门	207
8.3.2 BⅨ门——铁还原杆菌门	210
参考文献	213

第9章 细菌域第X门——蓝细菌门

9.1 蓝细菌门 (Cyanobacteria) 概述	216
9.1.1 蓝细菌形态特征与细胞结构	216
9.1.2 运动方式	216
9.1.3 繁殖方式	216
9.1.4 营养与代谢特征	217
9.1.5 生态分布	217
9.1.6 常用的蓝细菌培养基	217
9.1.7 蓝细菌的初步鉴别	217
9.2 蓝细菌的分类	220
9.2.1 蓝细菌的分类系统	220
9.2.2 色球蓝细菌目 (第Ⅰ亚组)	221

9.2.3 宽球蓝细菌目 (第Ⅱ亚组)	226
9.2.4 颤蓝细菌目 (第Ⅲ亚组)	228
9.2.5 念珠蓝细菌目 (第Ⅳ亚组)	232
9.2.6 真枝蓝细菌目 (第Ⅴ亚组)	238
参考文献	240

第10章 细菌域 第Ⅺ门 242

10.1 绿细菌科概述	242
10.1.1 绿细菌科的生物学特性	242
10.1.2 绿细菌科的生理学特性	242
10.1.3 绿细菌科的生态学特性	244
10.2 绿细菌科的分类现状	244
10.2.1 绿细菌科的分群	244
10.2.2 绿细菌科的分属	245
10.3 绿细菌科的系统发育特征	245
10.4 绿细菌科各属特征描述	247
10.4.1 绿细菌属	248
10.4.2 突柄菌属	248
10.4.3 暗网菌属	249
10.4.4 绿臂菌属	249
10.4.5 绿滑菌属	250
10.5 绿硫细菌的分离、富集与保藏	250
10.5.1 绿硫细菌分离培养的常用培养基	250
10.5.2 绿硫细菌分离培养的常用方法	251
10.5.3 绿硫细菌菌种的保藏	251
10.6 绿硫细菌与其他微生物的共生及应用	252
10.6.1 绿硫细菌的共生特性	252
10.6.2 绿硫细菌的应用	253
参考文献	253

第11章 细菌域变形杆菌门 256

11.1 变形杆菌门分类的复杂性	256
11.2 α 变形杆菌纲	259
11.2.1 醋酸细菌	260
11.2.2 根瘤菌目	261
11.2.3 微宝盒科	271
11.2.4 柄杆菌科	272
11.2.5 鞘氨醇单胞菌科	272
11.2.6 红杆菌科	274
11.2.7 红螺菌科	275
11.3 β 变形杆菌纲	277
11.3.1 伯克霍尔德菌属	278

11.3.2	草酸杆菌科	279
11.3.3	丛毛单胞菌科	279
11.3.4	产碱菌属和无色杆菌属	280
11.3.5	嗜氢菌属	281
11.3.6	硫杆菌属	282
11.3.7	奈瑟菌科	282
11.3.8	自养氨氧化细菌	289
11.3.9	螺菌属	290
11.3.10	固氮弧菌属	291
11.4	γ 变形杆菌纲	293
11.4.1	着色菌科与外硫红螺菌科	294
11.4.2	酸硫菌属和热硫杆菌属	295
11.4.3	黄单胞菌属	295
11.4.4	心杆菌属	296
11.4.5	硫发菌目	296
11.4.6	军团菌属	296
11.4.7	甲基球菌目	301
11.4.8	海洋螺菌属	302
11.4.9	盐单胞菌属	303
11.4.10	假单胞菌科	303
11.4.11	弧菌科	306
11.4.12	肠杆菌科	313
11.4.13	巴斯德菌科 (Pasteurellaceae Pohl, 1981)	348
11.5	δ 变形杆菌纲	351
11.5.1	中温硫酸盐还原细菌	353
11.5.2	蛭弧菌属	355
11.5.3	黏细菌	356
11.6	ϵ 变形杆菌纲	366
11.6.1	弯曲杆菌属的特征	366
11.6.2	螺杆菌属的特征	367
	参考文献	367

第12章 低GC含量革兰阳性细菌 373

12.1	好氧的产芽孢细菌	373
12.1.1	生物学特性	373
12.1.2	芽孢杆菌属	373
12.1.3	生活周期	374
12.1.4	芽孢杆菌的遗传学研究	377
12.1.5	生物合成和分解代谢途径中的转录调节	379
12.1.6	昆虫病原芽孢杆菌	380
12.1.7	人的病原芽孢杆菌	381
12.2	厌氧产芽孢细菌——梭菌属及有关细菌	383

12.2.1	梭菌的生境	383
12.2.2	分类和系统发育学	384
12.2.3	梭菌的遗传学	386
12.2.4	临床上重要的梭菌	386
12.2.5	其他的厌氧产芽孢细菌	387
12.3	乳杆菌属和肉杆菌属	388
12.3.1	乳杆菌属	389
12.3.2	肉杆菌属	391
12.4	链球菌属及有关菌属	391
12.4.1	链球菌属	391
12.4.2	肠球菌属	393
12.4.3	乳球菌属	394
12.4.4	明串珠菌属	396
12.4.5	李斯特菌属	398
12.4.6	葡萄球菌属	399
12.5	厌氧的革兰阳性球菌	401
12.5.1	粪球菌属	401
12.5.2	消化球菌属	402
12.5.3	消化链球菌属	402
12.5.4	瘤胃球菌属	402
12.5.5	八叠球菌属	402
12.6	嗜盐厌氧菌目	403
12.7	同型产乙酸细菌	403
12.8	热厌氧杆菌属、热厌氧菌属及其他分类位置未定的分解糖的嗜热厌氧细菌	406
12.9	支原体	408
12.10	细胞壁不典型的革兰阳性细菌	411
12.10.1	阳光杆菌科	411
12.10.2	梳状菌属和巨胞菌属	412
12.10.3	月单胞菌属	412
12.10.4	丁酸弧菌、毛螺菌属和罗斯菌属	413
12.10.5	韦荣菌	413
12.10.6	互营单胞菌及其他互营细菌	415
参考文献		415

第 13 章	放线菌	416
13.1	分子系统学	416
13.1.1	放线菌亚目	416
13.1.2	微球菌亚目	417
13.1.3	棒状杆菌亚目	419
13.1.4	小单胞菌亚目	419
13.1.5	丙酸杆菌亚目	420
13.1.6	链霉菌亚目	421

13.1.7 链孢囊菌亚目	422
13.1.8 弗兰克菌亚目	424
13.1.9 假诺卡菌亚目	425
13.1.10 糖霉菌亚目	425
13.2 分子生态学	426
13.2.1 放线菌生态学	427
13.2.2 放线菌分子生态学的发展简史	427
13.2.3 放线菌分子生态学研究进展	429
13.3 放线菌遗传学	434
13.3.1 链霉菌生活史的发现	435
13.3.2 放线菌基因连锁图的建立	437
13.3.3 链霉菌遗传学发展的三个阶段	437
13.3.4 放线菌基因重组的发现	439
13.3.5 放线菌的性别和致育因子	439
13.3.6 放线菌的接合	439
13.3.7 放线菌接合的机制	440
13.3.8 链霉菌的基因组	441
13.3.9 转座因子	442
13.3.10 质粒	443
13.3.11 链霉菌 DNA 的限制性和修饰	443
13.3.12 链霉菌噬菌体遗传学	444
13.4 放线菌次生代谢分子调控	445
参考文献	448

第 14 章 细菌域第 XV 至 XVII 门	452
14.1 浮霉状菌门	453
14.1.1 浮霉状菌分类地位的演变	453
14.1.2 浮霉状菌门	453
14.2 衣原体门	458
14.2.1 衣原体纲	458
14.2.2 衣原体科	462
14.2.3 副衣原体科	464
14.2.4 西门坎菌科	464
14.2.5 石德菌科	465
14.3 “螺旋体纲”	465
14.3.1 螺旋体科	466
14.3.2 小蛇形菌科	474
14.3.3 钩端螺旋体科	475
参考文献	480

第 15 章 细菌域第 XVIII 门至 XXIII 门	482
15.1 丝状杆菌纲	482

15.2	酸杆菌纲	483
15.2.1	酸杆菌属	483
15.2.2	地丝菌属	483
15.2.3	全噬菌属	484
15.3	拟杆菌纲	484
15.3.1	拟杆菌科	484
15.3.2	理研菌科	491
15.3.3	卟啉单胞菌科	493
15.3.4	普雷沃菌科	498
15.4	梭杆菌纲	499
15.4.1	梭杆菌科	499
15.4.2	待定位科 (Family: Incertae sedis)	504
15.5	疣微菌纲	505
15.5.1	疣微菌科	505
15.5.2	奥派斯菌科	506
15.5.3	长线杆菌科	506
15.6	网球菌纲	507
15.6.1	网球菌科	507
15.6.2	“食谷菌科” (“Victivallaceae”)	508
	参考文献	508

附录	510
附录1 世界各地菌种保藏机构名录及其地址	510
附录2 原核生物属以上的名称名录	536
附录3 原核生物的分类大纲及其中译名	548

第 1 章

原核生物系统学概论

原核生物的定义最早由 Chatton (1937) 提出, 是指一类无真正细胞核的单细胞生物或类似于细胞的简单组合结构的微生物。相对于真核生物而言, 原核生物的细胞结构有 3 个特点: ①基因载体是由不具核膜而分散在细胞质中的双链 DNA 所组成; ②缺乏由单元膜隔开的细胞器; ③核糖体为 70S 型, 而不是真核生物的 80S 型。

系统学的目的和功能是根据生物的亲缘关系对它们进行有序的分类。首先, 生物的系统学是认识生物的基础和了解地球生物演化史的根本, 同时也是利用生物为人类服务的依据。图 1.1 显示了目前人类对地球生物演化过程的认识。

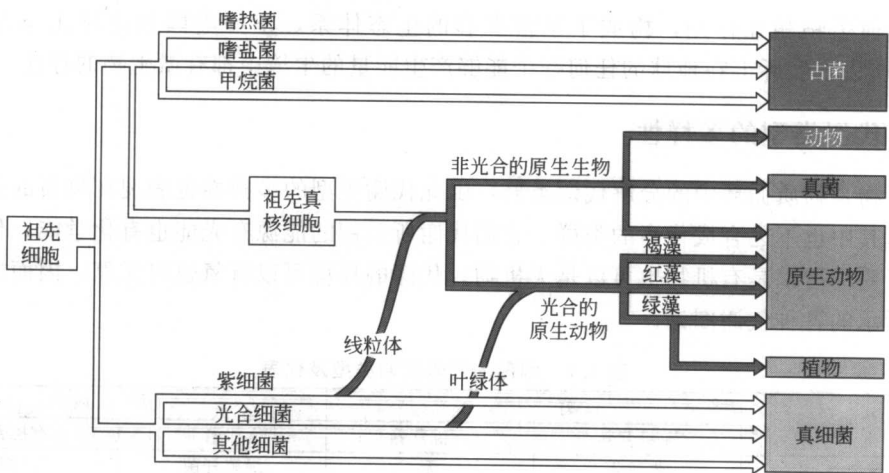


图 1.1 地球生物的演化过程

原核生物系统学是研究原核生物物种类群之间的亲缘关系和进化过程的一门学科。由于原核生物细胞结构简单、很少分化、无性繁殖、缺少化石等特点, 其系统学研究和真核生物有很大的区别, 并且目前在方法上存在着瓶颈。

1.1 原核生物资源的多样性及重要性

微生物是生物圈中的主宰者, 其生物量最大 (占有地球生物量的 50%)、分布最广、生物多样性最丰富。微生物在地球的物质循环中起着至关重要的作用, 它们通过光合作用、固氮作用和物质转化作用改变着大气的成分; 通过氧化还原作用改变着水质和土壤的生产力; 通过分解代谢活动维持着生物圈中物质循环和物种的组成结构。正如美国能源部在最近启动的“从基因组到生命”计划中指出的: “微生物生存环境和生命策略的多样性, 表明它们已解决了科

学家今天仍在寻找解决方案的问题”。分子系统学和分子生态学的研究认为，地球上尚有 95%~99% 的微生物未被培养和认识，它们所采用的代谢途径和类型更是未知。近年来发现的氨、磷酸和甲烷的厌氧氧化或还原反应，已证明皆由微生物参与发生，但这些新的代谢途径仍然未知。另外在物质转化中，微生物细胞间的群体效应及物种间的协同作用也逐渐被人们所认识。对于一个生态体系中微生物新的代谢功能和协同机理在关键物质循环中作用的探讨和认识，对认识生物圈完整的物质循环流乃至对生物地化学圈变化的影响都是十分必要的。

人类对原核微生物的分离培养研究开始于病原微生物，1877 年培养了炭疽病菌，1882 年培养了结核杆菌和引起肺炎的链球菌，1883 年培养了霍乱弧菌，还有历史上数次流行并杀死了数以万计生命的鼠疫、伤寒的病菌。但后来人们发现原核微生物并不都是人类的敌人，它们的许多种群具有丰富的代谢功能可服务于人类。

在最近出版的《伯杰氏系统细菌学手册》上所描述的原核生物有 26 个门，其中古菌 2 个门、细菌 24 个门（而 1978 年时细菌只有 12 个门），所包括的物种已超过 5000 个。从种群多样性看，虽然已培养的原核生物的种类远低于高等生物，但分子系统学和分子生态学研究表明，自然界中 95%~99% 的微生物种群未被分离培养和描述。

原核微生物具有多种多样的代谢方式和生理功能，可适应各种生态环境并以不同的生活方式与其他生物相互作用，构成了丰富多彩的生态体系。正如美国加州理工学院的 Ken Neelson 所说，实际上在地球的任何一个能够产生能量的生境中都有微生物的存在。

1.1.1 代谢类型的多样性

微生物是物质循环中的分解代谢类群，因此代谢类型的多样性也表现在物质的分解代谢方面，但其中也不乏合成代谢的类群。它们代谢所采用的能源有光能也有化学能；代谢中产生的电子受体可以是有机物也可以是无机物；代谢的环境可以有氧也可无氧，因而出现了如表 1.1 所示的各种代谢图谱。

表 1.1 细菌的营养代谢类型及代表

类 型	好 氧		厌 氧	
	无机营养	有机营养	无机营养	有机营养
光能营养	蓝细菌	无	绿硫杆菌	红细菌
化能营养	亚硝化单胞菌	假单胞菌	硫小杆菌	梭菌

除此之外，同一种微生物还会因环境的变化而改变代谢类型，如紫色硫细菌在白天利用光合作用获得能量，并氧化 H_2S 为元素硫，同时还还原 CO_2 为储存物质糖原；而在夜晚或阴天时进行化能营养，氧化糖原产生乙酸。

自养营养是细菌特有的生活类型，哪怕是地球上主要的基础生产者——植物的叶绿体也是起源于蓝细菌。但目前对细菌的自养营养方式也只肤浅地了解固氮作用和 CO_2 固定作用，而对铁代谢、氢代谢及硫代谢了解甚少。

所有自然的或生物合成的物质最终都由微生物降解，包括纤维素、半纤维素、木质素以及难降解的卤素苯环化合物等对于其他生物来说是营养极限的物质。

1.1.2 生境的广泛性

高等生物能够通过功能专一化和分化的细胞或器官适应逆境，而微生物使用的是适应性不同的单细胞群体，因而形成了具有耐受或适应于广泛的特殊环境的生物种群。它们能够耐

受沸水、冰冻、酸、碱、高盐、无氧、营养极限等使其他生物束手无策的极端环境，尤其是古菌，它们多生活在地球上开始出现生命的原始环境和极端环境。

已知古菌中的极端嗜热和超嗜热的类群，如热网菌 (*Pyrodictium*) 和热球菌 (*Pyrococcus*) 的最适生长温度是 105℃；极端嗜盐古菌的生长要求至少 1.5mol/L NaCl，其中盐杆菌属 (*Halobacterium*) 的成员要求 5.2mol/L NaCl。无细胞壁的古菌——嗜酸热原体 (*Thermoplasma acidophilum*) 的最适 pH 为 1.8；一些嗜盐碱古菌如盐碱红菌属 (*Natronobacterium*) 的最适 pH 达 11。但随着研究的深入和新研究方法的采用，微生物生存的环境条件极限正在不断被改写。最近，美国马萨诸塞州大学的科学家报道了一种能够在 121℃ 生长的极端嗜热古菌，命名为“菌株 121” (Science, 2003)。正是这些极端微生物界定了生物圈的边界，也提供了探索生命极限的途径。

只有微生物能在无氧环境中生活，尤其是产甲烷古菌要求氧分压低于 1.013×10^{-3} Pa (10^{-8} atm) 方能生长。在厌氧污水处理器、瘤胃等各种厌氧环境中的微生物进行着必要的物质转化。厌氧呼吸是细菌特有的功能，如将硝酸盐还原为大气氮、将硫酸盐还原为元素硫或 H_2S 、将 CO_2 还原为乙酸或甲烷，从而维持着自然生境的物质循环，其作用是其他生物无法替代的。

1.1.3 生活方式的多样性

微生物同其他生物间的关系也因种群而异，它们可通过代谢活动为其他生物提供营养，也可对它们的生命活动有所抑制甚至致死。根据微生物对其他生物的依赖关系可分为腐生、互生、共生和寄生。表 1.2 列出了不同生态体系中微生物的代表菌群与其他生物间的关系。

表 1.2 微生物与其他生物之间的相互关系

关系	微生物种群	其他生物体和(或)部位	功能作用
腐生	肠杆菌、芽孢菌	代谢物质或尸体	分解代谢
互生	拟杆菌、乳酸菌	动物肠道	抑制肠道病原, 提供酶、维生素
	成团肠杆菌	水稻体内	可能固氮
	厌氧产酸细菌	甲烷菌	互营降解脂肪酸, 产甲烷
共生	根瘤菌	豆科植物根瘤	共生固氮
	内共生体	舌蝇中肠表皮细胞	提供维生素 B, 保证寄主产卵能力
寄生	蛭弧菌	革兰阴性细菌	使寄主致死
	立克次体	人细胞内	寄主的斑疹伤寒
	黄单胞菌	植物体	多种植物病害

另外原核微生物可产生多种生物活性物质，如各种抗生素、细菌素及短肽等，从而抑制其他菌群，此即拮抗作用。

1.1.4 遗传多样性

与高等生物相比，原核微生物的多样性在基因水平更为突出，不同种群间的遗传物质和基因表达具有很大的差异。

1.1.4.1 基因组大小和基因数目的多样性

脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 方法及其他分子生物学手段为微生物基因组的分析提供了有力的工具。已知不同种群原核生物的基因组大小范围从 0.6Mb (分枝杆菌) 到 9.45Mb (黏细菌)，据估计低等真核生物如酵母菌同“高等”原核生物如链霉菌的基因组大小无大的