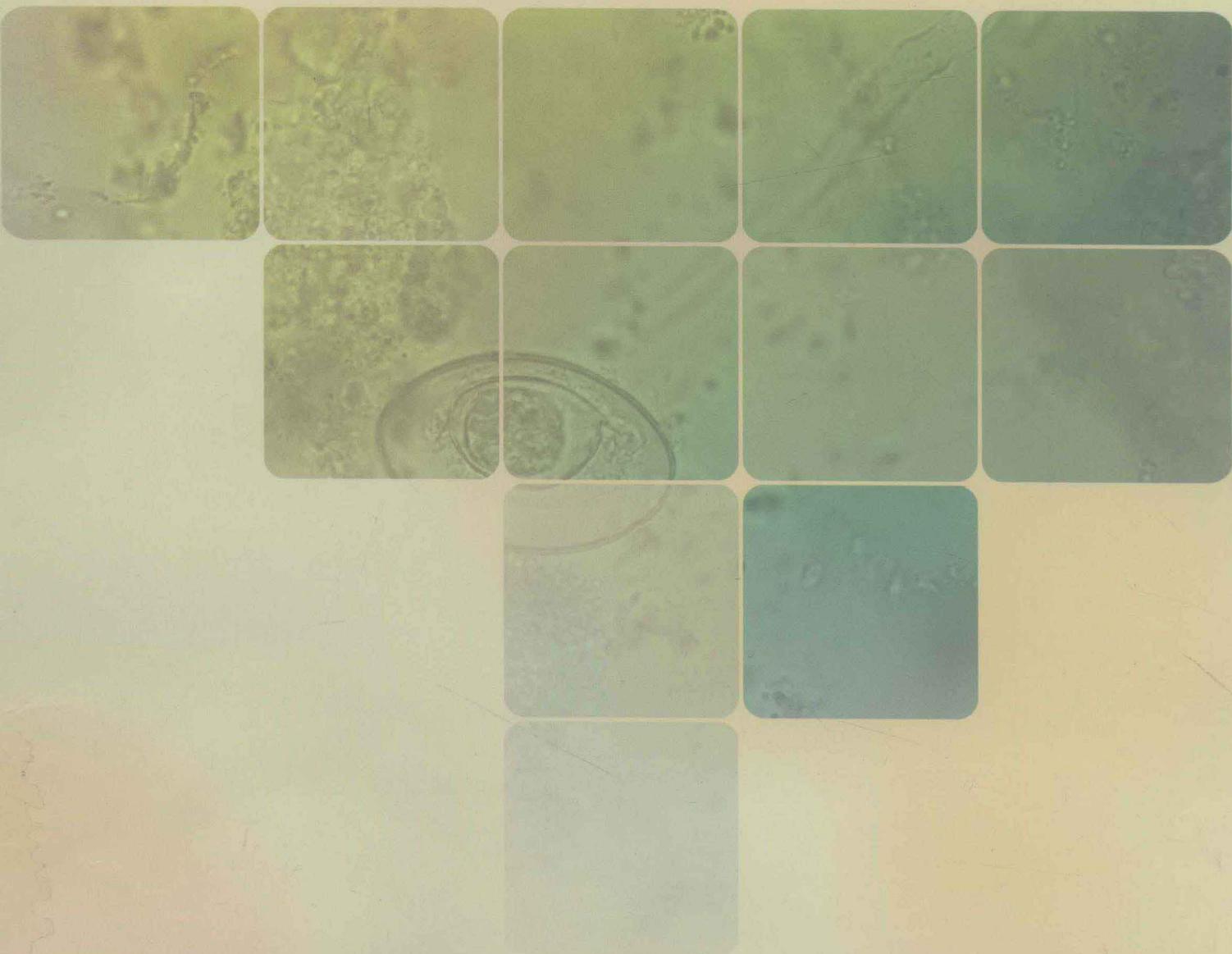


微生物脂肪酸生态学

◎ 刘波 著



中国农业科学技术出版社

微生物脂肪酸生态学

◎ 刘波 著



中国农业科学技术出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

微生物脂肪酸生态学 / 刘波著. —北京：中国农业科学技术出版社，2011.8

ISBN 978 - 7 - 5116 - 0360 - 9

I . ①微… II . ①刘… III. ①脂肪酸 - 微生物生态学 IV. ①Q547

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2010) 第 244722 号

责任编辑 杨玉文

责任校对 贾晓红

出版者 中国农业科学技术出版社
北京市中关村南大街 12 号 邮编：100081

电 话 (010) 82109704 (发行部) (010) 82106631 (编辑室)
(010) 82109709 (读者服务部)

传 真 (010) 82106624

网 址 <http://www.castp.cn>

经 销 者 各地新华书店

印 刷 者 北京富泰印刷有限责任公司

开 本 880 mm×1230 mm 1/16

印 张 52.25

字 数 1545 千字

版 次 2011 年 8 月第 1 版 2011 年 8 月第 1 次印刷

定 价 160.00 元

— 版权所有 · 翻印必究 —

微生物脂肪酸生态学

刘波著

研究贡献者名单（按姓氏拼音顺序排列）

车建美	博士生、助理研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
葛慈斌	硕士、副研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
官雪芳	硕士、助理研究员	福建省农业科学院农业工程技术研究所
胡桂萍	硕士生	福建省农业科学院农业生物资源研究所
黄素芳	副研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
蓝江林	博士、副研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
林抗美	研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
林营志	博士、副研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
刘 波	博士、研究员	福建省农业科学院农业微生物创新团队
刘国红	博士生	福建省农业科学院农业生物资源研究所
史 怀	硕士、助理研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
苏明星	硕士、助理研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
唐秋榕	硕士生	福建省农业科学院农业生物资源研究所
万方浩	博士、研究员	中国农业科学院植物保护研究所
王秋红	硕士生	福建省农业科学院农业生物资源研究所
翁伯琦	研究员	福建省农业科学院农业生态创新团队
肖荣凤	硕士、助理研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
谢华安	研究员、院士	福建省农业科学院水稻研究所
杨述省	硕士生	福建省农业科学院农业生物资源研究所
尤民生	博士、研究员	福建农林大学应用生态研究所
张建福	博士、副研究员	福建省农业科学院水稻研究所
张秋芳	博士生、副研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
郑雪芳	硕士、助理研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所
朱昌雄	博士、研究员	中国农业科学院农业环境与发展研究所
朱育菁	博士、研究员	福建省农业科学院农业生物资源研究所

致谢：本研究得到农业部984重点项目“高效新型微生物资源引进与创新”（项目编号2011-G25），国家支撑项目（2008BAD96B07），国家863计划（2006AA10A211、2006AA10A212），国家自然科学基金（30871667、30471175），福建省科技厅科技平台项目，福建省发改委科技项目，福建省财政厅科技专项，福建省农业科学院创新团队项目的资助，特此致谢。

内容提要

《微生物脂肪酸生态学》是利用脂肪酸生物标记研究微生物生态学的专著。作者收集了 150 多个属微生物 6 000 多个菌株，测定分析了 4 800 多株微生物菌株的脂肪酸生物标记特性，利用脂肪酸生物标记研究微生物个体、种群、群落在环境中的多态性。全书包含了 14 章。第一章微生物生态学及其脂肪酸生物标记，对微生物生态学的研究范畴、微生物生态学的研究方法、微生物脂肪酸分析的原理与方法等进行了阐述。第二章微生物脂肪酸的分析方法，对微生物脂肪酸检测系统、微生物脂肪酸萃取的前处理、微生物脂肪酸的样品分析、微生物脂肪酸分析仪的报告诠释等进行了描述。第三章微生物脂肪酸生态学的分析模型，对微生物脂肪酸数据来源与结构、微生物脂肪酸数据生态学模型、微生物脂肪酸生态学分析软件的设计、微生物脂肪酸生态学分析事例等进行了阐述。第四章微生物的生物学与分类学，阐述了自然界的微生物、微生物的种类、微生物与人类的关系、微生物学的分类等，对细菌的形态与结构、细菌的生理生化特性、细菌的新陈代谢与能量转换、细菌的分类方法和分类系统等进行了描述，综述了中国细菌分类学的研究进展。第五章常见微生物脂肪酸型的划分，对生态环境中常见微生物种属脂肪酸鉴定、微生物属种脂肪酸生物标记的分布特性、基于脂肪酸生物标记的微生物属种脂肪酸型的分析、基于脂肪酸和 16SrDNA 分析的细菌属亲缘关系的比较等进行了研究。第六章细菌脂肪酸型及其在环境中的作用，对脂肪酸 I 、 II 、 III 、 VI 型细菌 60 个属特征种的脂肪酸特性及其该菌在生态环境中的作用进行了研究综述。第七章微生物种类脂肪酸分类学特性，以芽胞杆菌为例，阐述了芽胞杆菌种类的脂肪酸鉴定、脂肪酸生物标记的分布特性，对芽胞杆菌种类的脂肪酸分类学特征进行了研究。第八章微生物种群个体脂肪酸生态学特性，以甲胺磷抗性细菌种群为例，研究了微生物种群个体脂肪酸生物标记的分布特性。第九章微生物群落总体脂肪酸生态学特性，以微生物发酵床分解猪粪过程微生物群落变化为例，研究了微生物群落脂肪酸生物标记的比较、微生物群落脂肪酸生物标记在基质垫层中的分布、微生物群落脂肪酸生物标记的聚类分析、微生物群落脂肪酸生物标记多样性指数、微生物群落脂肪酸生物标记特征指数 B 的分析、微生物群落脂肪酸生物标记发酵指数 F 的分析。第十章微生物亚群落分化脂肪酸生态学特性，以微生物发酵床分解猪粪过程微生物群落分化为例，研究了微生物亚群落分化的脂肪酸生态学特性。第十一章植物根系特征微生物脂肪酸生态学特性，以基于 PLFAs 分析的水稻根系微生物群落与水稻品种特性关系研究为例，分析了植物品种根系土壤微生物脂肪酸生物标记的异质性、不同品种水稻根系土壤微生物脂肪酸生物量总量与水稻品种特性相关性。第十二章施肥过程土壤微生物脂肪酸生态学特性的变化，以施肥技术对土壤微生物的影响研究为例，分析了土壤微生物群落 PLFAs 生物标记指纹图谱、数量和结构变化、生态学参数及其相关性、生物标记多样性指数的变化等。第十三章培养过程微生物脂肪酸生态学特性的变化，以青枯雷尔氏菌为例，青枯雷尔氏菌培养过程脂肪酸生物标记的变化。第十四章微生物种下分化脂肪酸生态学特性，以青枯雷尔氏菌为例，研究了青枯雷尔氏菌不同致病性菌株脂肪酸特性、特征图谱、脂肪酸多态性与致病性关系、青枯雷尔氏菌种下分化脂肪酸型的判别模型的建立。

Abstract

Abstract

Microorganism Fatty Acids Ecology was a book that described the microbial ecology using the diversity of microorganism fatty acids biomarkers. The book contained 14 chapters. The first chapter of microbial ecology and fatty acids biomarkers consisted of the research categories, e. g. microbial ecological research method, the principle and method of analysis of microbial fatty acids were discussed. The second chapter was analysis methods of microbial fatty acids, including the detection system of microbial fatty acids, the extraction processing of microbial fatty acids, the sample analysis of microbial fatty acids, the report interpretation of Microbial Identification System (MIS). The third chapter was analysis models of microbial fatty acids ecology, including data sources and structure of microbial fatty acids, software design of data analysis for microbial ecological model, software modules of ecological analysis for microbial fatty acids, analysis program operation were discussed. The fourth chapter microbial biology and taxonomy, expounding the nature of microbial species, relations between microorganism and human, classification of microorganism, form and structure of bacteria, bacterial physiological characteristics, metabolism of bacteria, bacterial energy conversion, classification system of bacteria, research progress on taxonomy of bacteria in China were summarized. The fifth chapter was division of microbial fatty acids types in common bacteria, including distribution characteristics of fatty acids biomarkers in microbial species, in which numbers statistics of microbial fatty acids biomarkers in microorganism species, frequency statistics of microbial fatty acids biomarkers in microorganism species, distribution characteristics of microbial fatty acids biomarkers in microorganism species, cluster analysis of microbial fatty acids biomarkers from microorganism species were discussed. The sixth chapter explained bacterium fatty acids types and its function in the ecological environment, including characteristics of microbial fatty acids in type I, II, III, IV of bacterium species. The seventh chapter discussed systematics characteristic of microbial fatty acids for microorganism species, in which, identification of *Bacillus* like species, distribution characteristics of *Bacillus* fatty acids biomarkers, taxonomy characteristics of *Bacillus* fatty acids were studied. The eighth chapter explained individual fatty acids ecology characteristics in microbial populations, in which results of microbial fatty acids in the bacterium species detected, identification of bacteria resistant to methamidophos by microbial fatty acids, distribution of fatty acids biomarkers in the resistant bacteria to methamidophos, special microbial fatty biomarkers in the resistant bacteria to methamidophos, no specific microbial fatty acids markers of the resistant bacteria, differences of fatty acids biomarkers among the same genus of bacteria resistant to methamidophos, clustering analysis based on the fatty acids biomarkers in the resistant bacteria to methamidophos were discussed. The ninth chapter involved total fatty acids ecology characteristic in microorganism communities, in which, comparison of microbial fatty acids biomarkers in the microbial community, distribution of microbial fatty acids biomarkers in the matrix cushion of microbial community, clustering analysis of microbial fatty acids biomarkers in the microbial community, diversity index of microbial fatty acids biomarkers for the microbial community, index B feature analysis of microbial fatty acids biomarkers for the microbial community, fermentation index F analysis of microbial fatty acids biomarkers in the microbial community were discussed. The tenth chapter was microbial fatty acids ecology characteristics in the differentiation of microbial sub communities, in which, microbial fatty

微生物脂肪酸生态学

acids biomarkers analysis in a matrix cushion in the pig house, distribution characteristics of microbial fatty acids biomarkers in the pig matrix cushion, differentiation of microbial sub communities based on microbial fatty acids biomarkers, cluster analysis of microbial fatty acids biomarkers for microbial sub communities in the pig matrix cushion were discussed. The eleventh chapter was special microbial fatty acids ecology characteristics in plant root microorganisms, in which, detection of microbial fatty acids biomarkers in the soil microorganism communities of rice varieties, distribution characteristics of microbial fatty acids biomarkers in the root soil of rice varieties, comparison of the type of microbial fatty acids biomarkers on the root soil of different rice varieties, comparison of the amount of microbial fatty acids biomarkers on the root soil of different rice varieties, comparison of microbial fatty acids biomarkers of sulfate-reducing and methane oxidation bacteria on the root soil of different rice varieties, correlation analysis between microbial fatty acids biomarkers and biological characteristic in rice varieties, cluster analysis of microbial fatty acids biomarkers in different rice varieties were discussed. The twelfth chapter was changes of ecology characteristics in microbial fatty acids during fertilizing, in which, fingerprint of microbial fatty acids biomarkers in soil microorganism, changes of quantity and structure of microbial fatty acids biomarkers in soil, ecology parameters and correlation of microbes fatty acids biomarkers in soil, diversity index of microbial fatty acids biomarkers in soil, cluster analysis of microbes fatty acids biomarkers in soil were discussed. The thirteenth chapter was changes of ecology characteristic in microbial fatty acids during microbe culture, in which, change of microbial fatty acids from Ralstonia strains under different culturing conditions, fingerprint characteristics of microbial fatty acids from Ralstonia strains, effect of culturing conditions on microbial fatty acids from Ralstonia strains, cluster analysis of microbial fatty acids polymorphism from Ralstonia strains at different culturing condition were discussed. The fourteenth chapter was microbial fatty acids ecology characteristic under microbial species differentiation, in which, feature mapping of microbial fatty acids for Ralstonia strains, pathogenic relationship between Ralstonia strains and pathogenicity polymorphism, step-wise away discriminant model for Ralstonia strains differentiation based on microbial fatty acids were discussed.

作者简介

个人简历：刘波，男，汉族，1957年生，福建惠安人，中共党员。1987获福建农业大学博士学位，1992—1994年德国波恩大学博士后，1994—1995年美国密执根大学访问学者，1996—2006年德国波恩大学每年1~3个月短期合作研究访问学者。现任福建省农业科学院院长，研究员；中国农学会高新技术农业应用专业委员会副理事长、中国植物病理学会理事、福建省科协常委、福建省农学会副会长、福建省昆虫学会理事长、福建省生物化学及分子生物学学会副理事长；《中国农业科学》、《农业环境科学学报》、《中国生物防治》、《亚热带植物科学》、《福建农业学报》等学报的编委；德国波恩大学植物病理研究所博士生导师，浙江大学农业生物技术研究所博士生导师，福建农林大学、福州大学、福建师范大学硕士研究生导师，中德生防合作研究和中美柑橘黄龙病合作研究中方首席科学家。



研究经历：长期从事农业微生物生物技术、农业生物药物、昆虫生态学、微机测报网络等研究。主持或参加中德国际合作项目、中美国际合作项目、国家863项目、国家基金、国家支撑计划、省科技重大攻关项目等科研课题150多个。建立了福建省农业科学院农业微生物创新团队，（承担福建省生物农药工程研究中心（发改委），承担了福建省农业生物药物工程技术研究中心（科技厅），承担了国家外专局国家农业引智技术—生物防治技术推广示范基地。）以芽孢杆菌的采集、收集、保存、筛选、鉴定、分类、研究为主线，从事农业生物药物（农业微生物制剂）研究，研究目标涉及①动物健康养殖（饲用益生菌、粪便降解菌、动物病害生防菌）的农业生物药物；②植病生防生物肥药的农业生物药物；③植物免疫抗病植物疫苗的农业生物药物；④果蔬保鲜功能微生物的农业生物药物。围绕绿色农业中的种植业和养殖业农业生物药物的研发应用问题，研究用于生猪健康养殖的农业生物药物，包括饲用益生菌（SP1）、猪粪降解菌（SP2）和猪病抑制菌（SP3），建立微生物防治床的新型生猪养殖体系，饲用益生菌替代抗生素促进猪的生长，猪粪降解菌分解猪粪防止养殖污染和除去养殖臭味，猪病抑制菌接入生猪健康养殖的微生物防治床用于防控猪病，养猪过程采用原位发酵技术，使得猪粪成为优质的微生物肥料。利用养猪生成的微生物肥料，接入研究出的防病功能微生物，形成用于植物病害生物防治的生物肥药农业生物药物，如芽孢杆菌（SP4）防治作物青枯病、淡紫拟青霉菌（SP5）防治作物线虫病，木霉菌（SP6）防治作物根腐病、生防功能铜绿假单胞菌（SP7）防治香蕉苦枯萎病等土传病害。利用分子生物学方法，TN5插入方法构建青枯雷尔氏菌形成无致病力菌株（SP8）和克隆和导入尖孢镰刀菌无毒基因（已发现）构建无致病力菌株（SP9），研制用于植物免疫抗病的植物疫苗农业生物药物，对茄科、瓜类、香蕉等作物进行种苗接种和移栽接种，产生植物疫苗抗病作用，替代化学药剂和补充种苗的嫁接技术。筛选果品采后保鲜功能微生物（SP10）和蔬菜种苗调运保鲜功能微生物（SP11），研制果蔬保鲜功能微生物的农业生物药物，进行果蔬采后保鲜和种苗调运保鲜技术的研究，替代化学保鲜剂。农业生物药物的研究从产前、产中、产后环节考虑，为整个绿色农业中的产业链提供系统的农业生物药物（微生物制剂）研制与应用提

微生物脂肪酸生态学

供模式，紧密地结合农业龙头企业，如福建光华百斯特生态农牧发展有限公司（16万头养猪龙头企业）、福建福农生化有限公司（发改委定点生物农药生产企业）、厦门如意集团有限公司（种苗培育国家农业产业化龙头企业），将研究的农业微生物制剂（农业生物药物）成果，直接应用于农业生产。

1987—1991年：1987年底博士毕业，1988年来到福建省农业科学院植物保护研究所，创立了电脑测报研究室，作为生物防治研究的博士，从事的是害虫天敌的研究，应用昆虫生态知识，设计病虫微机测报网络，研究害虫和天敌的相互关系，达到保护天敌控制害虫的目的。结合留学德国的后续研究，作为第二作者，与德国波恩大学 Sengonca 教授一道，在德国用英文出版了《柑橘粉虱寄生蜂生物学》(ISBN 3-89873-983-X) 著作，在昆虫学研究上留下足迹。

1992—1994年：前往德国波恩大学从事博士后研究，起初从事昆虫天敌研究，后来接触到昆虫病理学的研究领域，开始了生物农药——苏云金芽孢杆菌的研究，提出了生物毒素生物耦合技术(bioconjugation technique)，利用基团偶联剂(conjugator)，将苏云金芽孢杆菌杀虫毒素与阿维菌素毒素进行体外生物耦合，形成单体双毒素结构的 BtA，以提高生物农药的杀虫谱和杀虫速率，降低害虫抗药性。作为第一作者与德国波恩大学 Sengonca 教授合作，在德国用英文出版了《新型生物农药 BtA 生物耦合技术的研究》(ISBN 3-86537-288-0) 著作，进入生物农药研究领域。

1994—2003年：1994年回国，随后前往美国作短期访问学者，1995年从美国返回。1996年调入福建省农业科学院生物技术中心工作，创立了农业环保技术研究室(LAEPTB)。建立了与德国波恩大学植物病理研究所十多年的合作关系(1996—2010)，在国内建立了《中德生防合作研究实验室》，联合申请到三轮的德国科学基金(DFG)和国际合作基金(GTZ)，并承担了国家自然科学基金、国家863项目、国家支撑项目等，在继续研究生物耦合技术的基础上，拓展了生物农药的研究领域，从芽孢杆菌作为生物杀虫剂的研究进入到芽孢杆菌作为生物杀菌剂的研究领域，在研究作物青枯病生物杀菌剂—蜡状芽孢杆菌 ANTI8098A 的过程中，发现了芽孢杆菌对青枯雷尔氏菌的致弱作用，进行了致弱机理和致弱物质的研究，出版了《青枯雷尔氏菌多态性研究》(ISBN 7-5335-2553-1) 著作，进入植病生防研究领域。

2004—2007年：2004年，福建省农业科学院微生物、动物、植物生物技术三大学科合并，组建了院生物技术研究所，微生物生物技术领域成立了生物毒素研究室和生物发酵技术与生物反应器研究室，组合形成生物农药研究中心，承担了福建省生物农药工程研究中心的建设，在原有生物农药研究的基础上，拓展了芽孢杆菌作为饲用益生素的研究，利用绿色荧光蛋白基因标记致病大肠杆菌，通过感染小白鼠和服用益生素抗病的关系，建立益生素作用模型；进行了芽孢杆菌作为化学农药降污菌剂的研究；系统收集芽孢杆菌资源，对其进行保存、鉴定和利用，出版了380多万字的《芽孢杆菌文献研究》(ISBN7-80653-754-6) 著作；随着研究的深入，开始了植物免疫特性的研究，进行了青枯雷尔氏菌无致病力菌株免疫接种抗病特性的研究。与周涵韬博士一道出版了《基因克隆的研究与应用》(ISBN7-5023-4920-0) 著作，进入了农业微生物生物技术研究领域。

2008—2010年：根据福建省农业科学院研究所结构的调整，成立了福建省农业科学院农业生物资源研究所，生物农药研究中心改为农业微生物研究中心，转至农业生物资源研究所。2008年作为福建省农业科学院微生物学科的首席专家，组建了农业微生物学科创新团队，从事微生物基础生物学及农业生物药物的研究与应用。建立微生物资源的采集、筛选、保存、鉴定、分类平台，微生物形态、生理、生态、分子生物学、基因组学、脂肪酸生态学研究平台，微生物发酵技术、活性物质分析、功能微生物筛选研究平台。注重生物耦合技术、生物致弱机理、免疫抗病机理、植物内生菌、抗病物质分析、脂肪酸生态学等研究。开发生物农药、生物肥药、植物疫苗、生物饲料、微生物保鲜、微生物降污等农业生物药物（微生物制剂）。这个时期出版了《微生物发酵床零污染养猪技术的

作者简介

研究与应用》(ISBN978-7-80233-876-0)、《植物饮品原料文献学》(ISBN 978-7-122—07149-1) 著作, 进入了农业生物药物研究领域。

研究成果: 完成了“蚜茧蜂人工大量繁殖技术”、“稻飞虱综合治理”、“数据库自动编程系统”、“水稻病虫微机测报网络”、“生物杀虫剂 BtA 的研究与应用”、“生物杀菌剂 ANTI-8098A 的研究与应用”、“尖孢镰刀菌生物学及其生物防治”、“农业科技推广”互联网的建立与应用”、“茶叶病虫系统调控技术的研究”、“微生物发酵床健康养猪技术”、“微生物脂肪酸生态学”等课题。在德国博士后工作期间, 发明了新型昆虫嗅觉仪, 提高了昆虫利它素的测定精度和效率。研究成果“植物生长调节剂”、“苏云金芽孢杆菌培养基”、“气升式发酵反应器”“生物杀虫剂 BtA 的耦合技术”等获国家专利 10 项。获农业部丰收一等奖 1 项(中低产田改造, 参加), 国家科委星火科技三等奖 1 项(粮食集团承包, 参加), 省科技进步二等奖 3 项(水稻病虫微机测报、生物杀虫剂 BtA、生物杀菌剂 ANTI-8098A, 主持), 三等奖 2 项(数据库自动编程系统、蚜茧蜂人工繁殖技术, 主持)。获福建青年科技奖(1991)、中国青年科技奖(1992)、全国优秀留学回国人员奖(1996)、省级优秀专家(1997)、享受国务院政府津贴(1997)、入选国家“百千万”人才第一、第二层次管理(1997), 省“五一”劳动奖章(1999、2010)、福建省杰出科技人才(2009)。在国内外学报上发表论文 300 多篇, 其中, 在国际专业学报(SCI)上发表论文 25 篇; 出版专著 10 本, 其中, 在德国出版英文专著 2 本。目前, 作为中德合作项目、中美合作项目、国家 863 项目、国家支撑计划、国家基金、农业部行业科技专项、国家引智办项目、福建省农业重点项目等的主持人或子项目主持人, 从事农业微生物生物技术、芽孢杆菌分类、农业生物药物、环保农业技术、数字农业的研究和应用。

著者的话

按照微生物脂肪酸生物标记多态性的研究思路，历尽艰辛，好不容易把该书完成脱稿，作者开始考虑本书的题目，列出了不少题目，如《脂肪酸生物标记在微生物学研究中的应用》《脂肪酸生物标记在微生物生态学研究中的应用》《微生物脂肪酸生物标记的多态性》《微生物脂肪酸生物标记特性研究》《微生物脂肪酸生态学》等。按照《微生物分子生态学》思维逻辑，利用DNA分子，即可表述微生物的遗传稳定性，又可研究微生物个体、种群、群落在环境中的多态性。微生物脂肪酸生物标记也是个分子，它与DNA分子一样，具有微生物种类的遗传保守性和变异多样性，既可用于研究微生物种的稳定性，又可用于分析微生物群落的多样性。作者试图采用《微生物脂肪酸生态学》作为书名。尽管《微生物脂肪酸生态学》尚未被系统的称呼，我们采集了150多个属微生物6 000多个菌株，测定分析了4 800多株微生物种类的脂肪酸生物标记特性，利用脂肪酸生物标记研究微生物个体、种群、群落在环境中的多态性，总结出本书的内容，形成《微生物脂肪酸生态学》，作为一种尝试，提供给同行学者商榷。

为了准确定义微生物脂肪酸生态学，我们先从两个概念出发，一是生态学，一是分子生态学。从生态学角度出发，我们可以发现生态学的概念在不断地扩大，如景观生态学、生理生态学、化学生态学、规划生态学、旅游生态学、网络生态学、水域生态学、信息生态学、纺织品生态学、深层生态学（思想领域）、媒介生态学、品牌生态学、出版生态学等。那么生态学怎样定义呢？生态学是研究生物（延伸到具有生命周期的实体）与环境（延伸至时空条件）、生物与生物之间的相互关系的一门生物学基础分支学科，是研究以个体、种群、群落和生态系统为中心的宏观生物学。生态学研究的重点在于生态系统和生物圈中各组成成分之间，尤其是生物与环境、生物与生物之间的相互作用。分子生态学是微生物学的一个研究领域，利用分子生物学方法研究微生物生态学。分子生态学研究生物与环境的相互影响，这种关系是地球上的生命出现以来就普遍存在的一种自然现象。由于所处的环境条件不同，微生物生理功能不相同；亲代外貌、形态和生理功能相同的生命有机体，子代却由于所处的环境条件变化而产生新的变异；因此，宏观生态现象的多样性需要用微观的实验分析来揭示其生态本质的一致性，也就成为生态学宏观与微观相结合发展的必然趋势。分子生物学在其迅速发展中越深刻地认识到基因与环境的相互作用，是产生基因突变和基因多态的源泉。因此，分子生物学对分子生态学最本质的贡献是阐明了外界环境对以中心法则为基础的基因突变、基因表达和蛋白质活性施以深刻的影响，生命有机体随着外界环境和内部生理状态的不同而表现出不同的基因突变、基因表达和蛋白质活性差异，这种差异存在着严格的时空特异性。

客观地说，分子生态学还是一门十分年轻的学科，它没有公认的学科创始人和标识性的学术论著，其发展主要通过跟踪精确的分子生物标记技术和分子检测技术来准确地鉴别生物大分子结构与功能的差异，借此来揭示生物与环境相互作用的分子机制。微生物分子生态学检测手段——分子生物标记有两个显著的特征：①生物标记是个分子，具有微生物种的遗传特征，能够鉴别出种的特性；②可以在分子水平上研究和揭示生命有机体和环境之间相互作用的机理。依据这一原理，脂肪酸生物标记是一个继DNA后很好的生物标记，它的种类的多样性和结构的复杂性，也具备了微生物分子生态学检测手段分子生物标记的两个特征。脂肪酸是生物体内不可缺少的能量和营养物质，是生物体的基本结构成分之一，在细胞中绝大部分脂肪酸以结合形式存在，构成具有重要生理功能的脂类，它是构成生物膜的重要信号物质，是有机体代谢所需燃料的储存形式。现代微生物学研究表明：微

生物细胞结构中普遍含有的脂肪酸成分与微生物 DNA 具有高度的同源性，具有微生物种的遗传稳定性。脂肪酸谱图（FAME）分析方法是在细胞组分水平上研究微生物的重要技术，对于分离提纯的微生物可以通过分析微生物细胞膜上磷脂脂肪酸（Phospholipid fatty acids, PLFA）的组分来鉴定微生物的种属，同时，根据各种微生物特征性的细胞脂肪酸指纹图谱，可作为细胞表面物质与细胞识别、种族特异性和细胞免疫等密切相关研究标识，具有复杂的结构多样性和很高的生物学特异性，是特别有效的生物标记物。对于微生物栖息基质如土壤、水、植物体、动物体等，可以直接测定微生物栖息基质的总体脂肪酸来表征微生物群落的脂肪酸生物标记多样性，为分析生态系统和生物圈中各组成成分之间的相互关系提供可靠基础，尤其是为微生物与环境、微生物与微生物之间的相互作用的研究，提供丰富的科学数据。

基于现代生物化学技术发展起来的脂肪酸谱图（FAME）分析方法和传统的基于培养基的微生物分离技术以及生理学方法、分子生物学方法相比，具有以下优点：①FAME 不用考虑培养体系的影响，亦能直接有效地提供微生物群落中的信息，适合跟踪研究微生物群落的动态变化；②对细胞生理活性没有特殊的要求，对样品保存时间也要求不高，获得的信息基本上由样品中所有微生物提供；③脂肪酸成分不受质粒损失或增加的影响，几乎也不受有机体变化的影响，实验结果更为客观、可靠；④试验条件要求低、操作难度小、检测精度高，重复性好，价格相对较低，并且测试功能多。因此，该方法在微生物多样性的研究中得到了越来越多的应用。利用脂肪酸生物标记鉴定微生物种类，必须首先培养提纯微生物。对于那些不能培养的微生物，通过对微生物栖息基质总体脂肪酸的分析，定量描述整个微生物群落，这种方法虽然不能在种属和株系的水平鉴别出微生物的种类，但是，能够准确地提供土壤微生物多样性状况基础信息，在描述环境微生物上提供了一种快捷、可靠的检测方法。基于生物化学技术发展起来的脂肪酸谱图（FAME）分析方法对土壤微生物多样性的研究产生了极大的促进作用。

在微生物脂肪酸生态学研究过程，与许多专家进行了合作研究。与谢华安院士在水稻品种及其根系土壤微生物脂肪酸相互关系方面进行了合作研究。与尤民生教授在水稻内生物菌脂肪酸生态学特性方面进行了合作研究，与朱昌雄研究员在零污染猪场基质垫层微生物群落脂肪酸生物标记多样性分析方面进行了合作研究，与万方浩研究员在入侵生物紫荆泽兰根系土壤微生物脂肪酸生态学特性方面进行了合作研究，与翁伯琦研究员在牧草内生菌脂肪酸生态学特性方面进行了合作研究，参加微生物脂肪酸生态学特性研究的还有朱育菁博士、林营志博士、蓝江林博士、林抗美研究员、张秋芳博士生、张建福博士、牟建美博士生、刘国红博士生、郑雪芳硕士、肖荣凤硕士、黄素芳副研、史怀硕士、苏明星助研、葛慈斌硕士、胡桂萍硕士、唐秋榕硕士、王秋红硕士、杨述省硕士、官雪芳硕士以及在读的硕士研究生等，特此致谢。

微生物脂肪酸生态学研究的开展，使微生物生态学研究又展现出新的曙光，使得人们能够更容易在微观的、更真实直接的水平上了解微生物与环境之间的联系和差异。以脂肪酸生物标记信息提取与分析和以作为生物信息的收集、存储、管理、分析，必然使微生物生态学的研究进入一个阐明生态现象机理机制的快速发展期。《微生物脂肪酸生态学》作为一个新的研究领域，本书每个章节都列出了参考文献，在书的结尾编制了关键词索引，方便读者查阅。尽管《微生物脂肪酸生态学》在学科定义、研究范畴、研究方法、实际应用的方面论述还很欠缺，能否成为《微生物脂肪酸生态学》都还值得商榷，写作该书的目的是提供大家讨论，希望能对《微生物脂肪酸生态学》的建立提供更多的建议。由于作者在这个领域的研究时间不长，经验有限，书中难免存在一些问题和错误，衷心希望研究同行提出宝贵意见，以便更好地把研究做好。

刘波

2010 年 8 月 3 日于福州

序

微生物顾名思义是个体微小的生命体，是一类生物的统称并不是生物分类单元的专有名词。根据目前对生命世界的认知，人们所说的微生物应该是生命世界三大域中的细菌、真菌和真核生物中的一部分个体微小或至少生命过程中一段时间内微小的成员，具体说大致包括了古菌、细菌、放线菌、病毒（及相关的如类病毒、朊病毒等）和部分霉菌及原生动物等，对这一部分生命的认知是在显微镜问世后才逐渐明晰起来。但是，从地球生成之初开始有生命之后的 20 亿年中，细菌却是地球上唯一的居民！它所历经的时空应是人类的 2 000 倍，而在一个人口腔里的细菌数要比地球上曾经生活的总人口数还要多！它无时不有、无处不在。在大洋最深的海沟、在高原最高的山巅甚至在包围地球的高端云层。随着人们认知生命世界的手段不断更新，人们与微生物共存、共处、斗争中，微生物都须臾不可离去，在更深或说更高层次上得到了新的知识，因此也愈发重要！正因为微生物是生命世界大家庭中的重要成员，那它与其他成员之间、在与承载它的栖息地间尤其是在自然界中种类繁多的微生物本身的各种代谢过程中及它对整个生命世界发挥的作用都成为人们探究的兴奋点。由此 20 世纪 60 年代初诞生了微生物生态学这门学科。

微生物生态学是在 19 世纪下半叶生态学形成之后从代谢过程的相互关系研究开始的，以其特有的对生命科学的贡献而迅速发展起来。人们越来越感到在生态学的研究中，忽视了微生物几乎等于忽视了整个地球的生物。面对人口膨胀、环境污染和越来越严峻的生存压力，微生物生态学也越来越受到重视，其研究方法如测定、培养、代谢活力评价和数学分析等一些传统研究法的发展中新方法如分子生物学方法也随之不断出现并创新，微生物脂肪酸生物标记与 DNA 分子一样具有其种类遗传保守性和多样性，正是由于脂肪酸是生物体内不可或缺的能量物质和营养物质，是生命的基本结构成分，在细胞中绝大部分以结合的形式存在，构成具有重要生理功能的脂类，是构成生物膜的重要信号物质，是有机体代谢所需燃能的储存形式，因此分析脂肪酸是在细胞组分水平上研究微生物的重要技术，对于分离纯化后的微生物可以通过分析其细胞膜上的磷脂肪酸（PLFA）来鉴定种属，可根据其生物特征性的脂肪酸指纹图谱识别细胞及其表面物质，种特异性和细胞免疫等，对于其栖息基质可直接通过测定表征微生物群落的脂肪酸标记多样性可为分析生态系统和生物圈中各组分间的关系提供依据。更为微生物与环境及微生物之间的相互作用研究提供科学支撑。作为脂肪酸图谱（FAME）与传统方法相比不需要考虑培养体系的影响，可以直接有效地提供微生物群的信息，更适于跟踪研究群落动态变化，同时对细胞生理活性无特殊要求，对其样品的保存时间要求不高，脂肪酸成分不受质粒增减的影响，也几乎不受有机体变化的影响，因此实验结果也更为客观可信。尤其是这一方法的实验条件要求不高，操作简单易行却精确度高，重复性好，测试功能多，价格低廉基于上述原因这一方法也得到了越来越多的应用。

《微生物脂肪酸生态学》全书含 14 章，包括了利用脂肪酸生物标记研究微生物生态学的科学问题、理论体系和研究技术，特别是作者通过收集 150 多个属 6 000 多菌株，分析 4 500 多株菌株作为实验支撑不仅有理论而且有实践，是一本真正意义上的脂肪酸生态学的奠基之作。

作者刘波供职于福建省农业科学院，有着良好的学术背景，长期从事农业微生物领域研究工作，著作等身，成果不菲！在出成果的同时所组建、带领的团队也是人才辈出，欣欣向荣。在他走到领导岗位后并没有因为事务缠身对科研带来些许影响而是焕发了更大的热情，包括研究机构的调整，

微生物脂肪酸生态学

研究平台的建设，研究方向的拓展，研究内容的深入特别是 IT 技术向各领域的渗透，艺术与科学的结合，文化氛围的构建无不彰显着这个研究群体蓬勃向上的活力。《微生物脂肪酸生态学》一书更从一个侧面映照出这个群体学术上另辟蹊径的勇气、决心和能力！在分子生物学大行其道，人们担心不为之而会“被”落伍，被时代抛弃纷纷趋之若鹜的当今，可以从另一个角度思考问题找准切入点并付诸实践，单就这一选择已令人肃然起敬，更何况亲历亲为用翔实的实践结果支撑着这一理论并形成体系就更加难能可贵。

刘波与我相识多年，与其相知却是随着岁月沧桑而渐入佳境！参加其指导研究生的答辩体味他作为导师的良苦用心；评估项目感受着他为事业发展精心设计的殚精竭虑；成果鉴定感叹他的艰辛付出和不曾懈怠的向上动力，已远不只是为其精神所折服和其成绩而喝彩，在本书成稿前他力邀我参与，从内心而论学习这一新领域新技术的精彩足矣，何敢有摘桃而坐享的非分之想！但让我为其付梓之前写上几句又真的感到担子的沉重，可又实难辞其诚！辗转反侧总觉难以用数语概括此书“一声横玉静穿云，响振疏林叶空委”的气势。但是，反之想来面对千人一面的 PCR，千军万马 Sequencing的局面，顿觉刘波此举确有“梅花竹里无人见”的意境！因之更相信会“一夜吹香过石桥”。聊以为序！

中国工程院院士 李玉 谨识
于辛卯仲夏夜

目 录

第一章 微生物生态学及其脂肪酸生物标记	(1)
第一节 微生物生态学的研究范畴	(1)
一、关于微生物生态学	(1)
二、微生物间的相互作用	(1)
三、自然界微生物的分布	(1)
四、自然界的微生物种类	(2)
五、土壤中的微生物群落	(2)
六、微生物与物质循环	(2)
七、微生物的生态进化	(2)
八、污染环境中的微生物	(3)
第二节 微生物生态学的研究方法	(3)
一、微生物的分离培养	(3)
二、土壤酶活性的微生物指标	(4)
三、微生物群落的总代谢活性指标	(4)
四、微生物的生物量指标	(5)
五、微生物的成分生物标记物	(5)
六、微生物的分子生态学指标	(6)
七、微生物的多样性指标	(7)
第三节 微生物脂肪酸的分析原理	(8)
一、微生物脂肪酸生物标记	(8)
二、微生物脂肪酸的分析原理	(8)
三、微生物脂肪酸生物标记的研究进展	(13)
参考文献	(19)
第二章 微生物脂肪酸的分析方法	(25)
第一节 微生物脂肪酸检测系统	(25)
一、概述	(25)
二、微生物脂肪酸分析仪硬件和软件的安装	(26)
三、微生物脂肪酸分析仪标准数据库	(26)
四、微生物脂肪酸分析仪的应用范围	(27)
五、微生物脂肪酸分析仪用户自建数据库	(27)
六、讨论	(27)
第二节 微生物脂肪酸样品的前处理	(28)
一、概述	(28)
二、微生物培养基的选择	(29)
三、真菌的培养技术	(30)

微生物脂肪酸生态学

四、玻璃制品的清洁	(30)
五、试剂的准备	(30)
六、微生物标准培养方法	(31)
七、微生物脂肪酸提取的方法	(32)
第三节 微生物脂肪酸的样品分析	(34)
一、概述	(34)
二、洗涤瓶及废液瓶的放置	(34)
三、标准液校正	(34)
四、样品加样	(35)
五、程序设置	(35)
六、实验结果	(35)
七、数据储存	(36)
八、报告参数	(36)
第四节 微生物脂肪酸分析仪的报告诠释	(37)
一、概述	(37)
二、色谱分析报告	(37)
三、微生物脂肪酸成分报告	(37)
第三章 微生物脂肪酸生态学的分析模型	(42)
第一节 概述	(42)
一、微生物群落的多样性	(42)
二、微生物群落的总体脂肪酸	(42)
三、微生物群落总体脂肪酸的特异性	(42)
四、微生物脂肪酸的数理统计分析	(43)
第二节 微生物脂肪酸数据的来源与结构	(43)
一、微生物脂肪酸的数据来源	(43)
二、微生物脂肪酸的数据结构	(44)
第三节 微生物脂肪酸数据分析的生态学模型	(45)
一、生态学指数	(45)
二、多元统计方法	(46)
第四节 微生物脂肪酸生态学分析的软件设计	(47)
一、总体架构	(47)
二、数据结构	(47)
三、功能模块划分	(50)
第五节 微生物脂肪酸生态学分析的软件开发	(50)
一、计算机硬件要求和软件环境	(50)
二、开发环境	(50)
第六节 微生物脂肪酸生态学分析的软件模块	(50)
一、系统功能模块	(50)
二、脂肪酸数据读取与初步分析模块	(51)
三、脂肪酸数据矩阵构建模块	(52)
四、脂肪酸数据生态学分析模块	(52)