
细菌集群运动的涌现动力学研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14172.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

生物体在高密度下会发生集群运动，与单个生物体的运动状态有较大不同。这种运动在局域发生对称性破缺，在比个体大几个数量级的尺度上具有长程关联，并对所在体系的物理性质产生改变。例如，高浓度的细胞微管产生液晶取向序并伴随拓扑缺陷的产生与湮灭；而细菌会产生极向序，在低雷诺数的流体中产生湍流（图1），并让流体的等效粘滞系数降为零，即产生“超流”。因此，生物系统中集体运动的研究对于理解许多生物过程十分重要，是统计物理的热点研究前沿，并为仿生学和材料科学的发展提供新思路。

由于生物体系比较复杂，引起集群运动的可能因素较多。在一个均匀的环境中，形成细菌湍流的物理因素有细菌游动引起的长程流体力学相互作用和细菌无法重叠产生的短程空间位阻相互作用。Saintillan与Shelley和Subramanian与Koch的活性物质动力学理论均表明，流体力学相互作用导致活性流体的失稳从而引起细菌集体运动【Phys. Rev. Lett. 100, 178103 (2008), J. Fluid Mech. 632, 359 (2009)】，而不考虑流体力学相互作用的计算机模拟也可以发现细菌湍流态【J. Stat. Mech. 2010, P04019 (2010)】。之前实验工作多研究细菌在琼脂板表面准二维体系中的集群运动，近期有结果表明细菌间的位阻作用起主导作用【PNAS 116, 777 (2019)】。而三维流体中的细菌较难识别追踪，使实验研究面临挑战。

中国科学院物理研究所/北京凝聚态物理国家研究中心SM4组特聘研究员彭毅与美国明尼苏达大学博士研究生刘政阳、教授程翔合作，利用几种经过基因编辑的大肠杆菌菌株定量调节细菌浓度，游动速度和活性细菌比例，实验测得细菌运动在三维自由空间中的相图，并建立平均场唯象模型。实验结果与活性物质动力学模型定量吻合，且不需要额外的拟合参数，也与平均场唯象模型高度吻合，这说明仅有流体力学相互作用可以定量预测相图。加入失活细菌会增加位阻作用但减弱流体力学作用。研究发现，向活性湍流中加入失活细菌会阻碍集体运动的形成，这定性地说明流体力学相互作用起主导作用。

此外，该研究利用光控大肠杆菌改变细菌速度，触发细菌从无序态变为湍流态，实时观察湍流的涌现过程。单个细菌速度在几秒内即可响应光强变化，但高浓度的细菌需要更长的孵化时间才能变为稳定的新相。实验发现两种相变路径：在相变点附近，在小尺度出现一些高动能的有序流，这些有序流变大变多，整个过程中流体序参量和能量同时增长；在远离相变点处，流场先变得有序，而动能随后慢慢升高，最终形成高能量的有序流。

近日，相关研究成果发表在Science

Advances

上，彭毅为论文第一作者，程翔为论文通讯作者。研究工作得到物理所启动经费等的支持。

[论文链接](#)

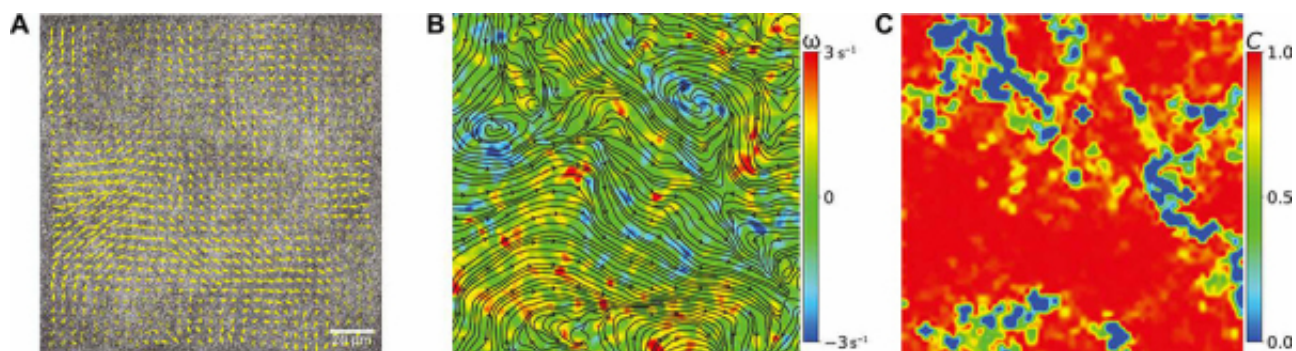


图1.细菌湍流的原始图像 (A)、流体速度旋度 (B) 和流场序参量 (C)。

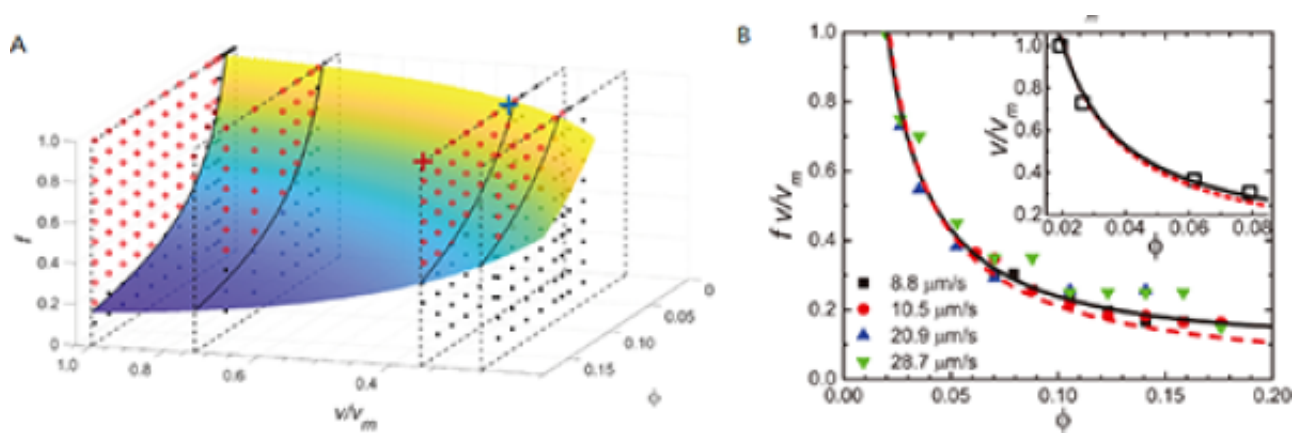


图2.细菌运动相图 (A) 和相变点 (B)。曲面和曲线为模型预测相变点。

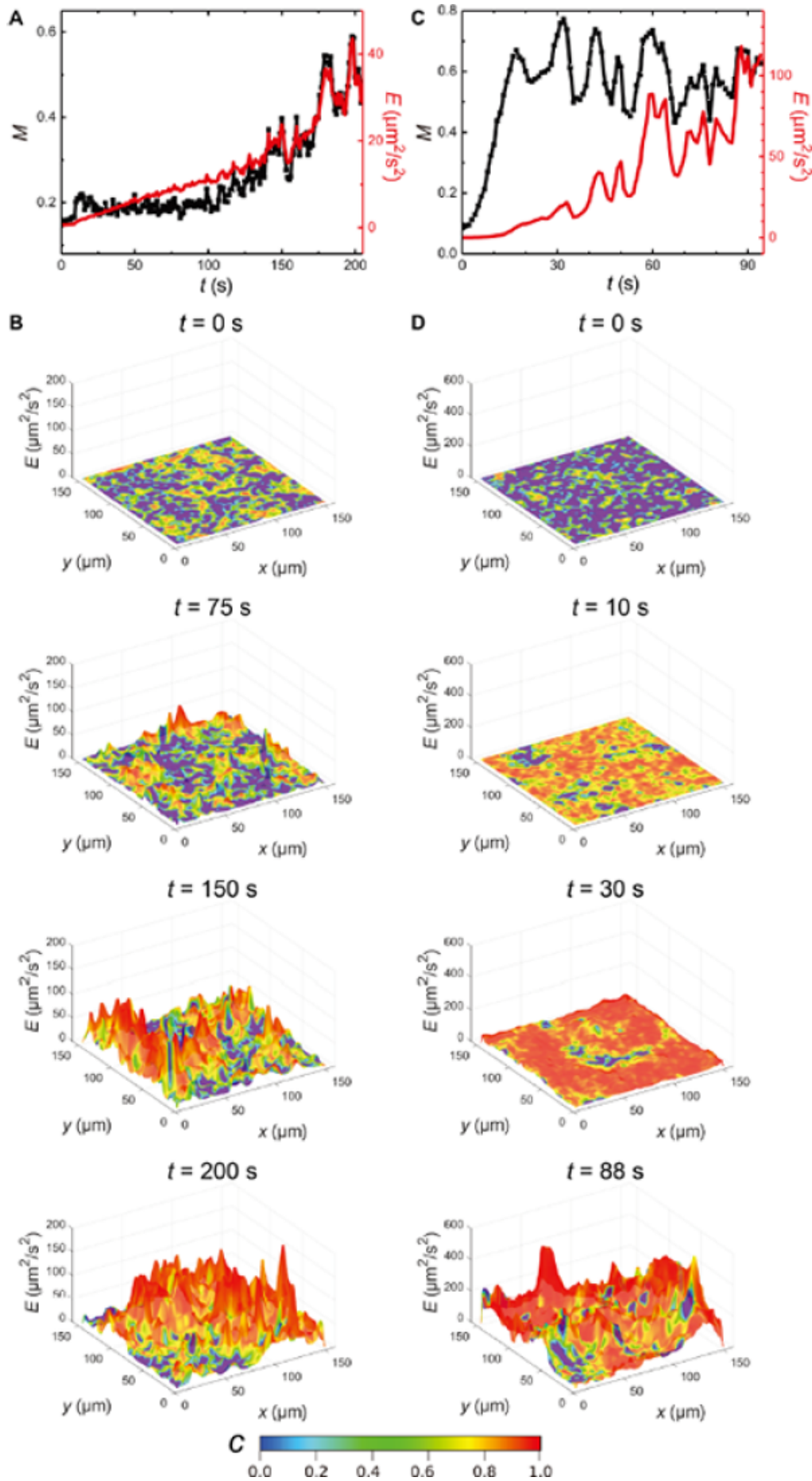


图3.细菌湍流在近相变点（A、B）和湍流态深处（C、D）的相变路径

研究团队单位：物理研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发