

---

# 研究者发现一株新型厌氧甲烷氧化细菌

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19598.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！

研究者发现一株新型厌氧甲烷氧化细菌。

中国科学院亚热带农业生态研究所研究员朱宝利和德国及瑞士的科研人员合作，在前期发现的基础上，基于微生物组学分析和代谢通路重建，从富含碘泉水的山洞内生物被膜（biofilm）宏基因组中，组装了一株新型厌氧甲烷氧化细菌——*Candidatus Methyloirabilis iodofontis*的基因组草图，并发现该菌具有利用碘酸盐驱动厌氧甲烷氧化的潜力。8月9日，该研究成果在线发表于《微生物》（mLife）上。

甲烷是重要的温室气体，以20年为尺度，其温室效应潜能约是二氧化碳的85倍，微生物厌氧甲烷氧化(AOM)是重要的甲烷汇。十多年前，首个利用亚硝酸盐驱动AOM的*Methyloirabilota*细菌：*Methyloirabilis oxyfera*被报道。虽然*M. oxyfera*是厌氧细菌，但是它却通过产氧反硝化过程产生氧气，并利用产生的氧气完成好氧甲烷氧化。目前，人们对*Methyloirabilota*甲烷氧化菌代谢多样性的了解还非常有限。

该团队发现一个富含碘（ $>20 \text{ mg I}^{-1}$ ）泉水积累的山洞，其空气甲烷浓度高达3000 ppm，在山洞顶部、侧壁以及水面下侧壁形成了大量的生物被膜。16S rRNA扩增子测序显示，生物被膜中含有多种好氧甲烷氧化菌，而在水面下侧壁生物被膜中还有较高丰度的*Methyloirabilota*细菌存在。

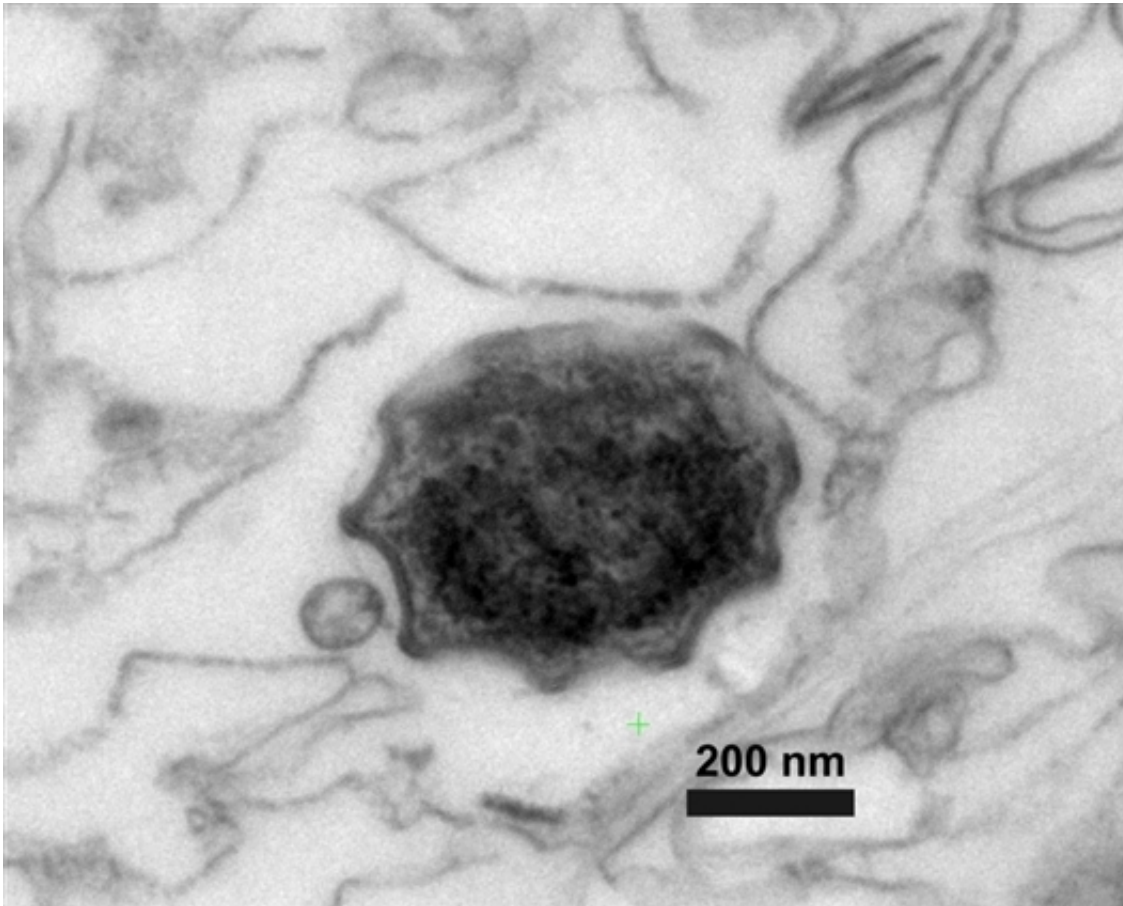
同时，透射电镜照片显示，水面下生物被膜中存在星型细胞，与*M. oxyfera*细胞形态相似。该团队对水下生物被膜进行了宏基因组测序，并成功组装了一个完整度大于70%的*Methyloirabilota*细菌基因组草图（bin48）。根据宏基因组中16S rRNA的reads数计算，*Methyloirabilota*细菌相对丰度高达14.3%，并且所有*Methyloirabilota*细菌的16S rRNA片段拼接成为一个完整的16S rRNA序列。该16S rRNA序列与*M. limnetica*的16S rRNA高度相似（ $>99\%$ ），但bin48与*M. limnetica*基因组间的相似度不高（AAI, 85.8%；ANI, 91.3%），因此该*Methyloirabilota*细菌被临时命名为*Ca. Methyloirabilis iodofontis*。

---

虽然山洞空气中甲烷浓度很高，但泉水中检测不到亚硝酸盐，并且硝酸盐浓度也很低（ $<0.2 \text{ mg l}^{-1}$ ），因此该团队对*M. iodofontis*主要代谢途径进行了分析。令人惊奇的是，除了好氧甲烷氧化以及产氧反硝化途径外，*M.iodofontis*基因组中还具有碘酸盐还原酶（*IdrA*和*IdrB*）编码基因簇。其基因簇中基因的排列顺序以及催化亚基基因序列与已知的碘酸盐还原酶一致且相似度较高，表明*M. iodofontis*菌可能同时具有甲烷氧化、产氧反硝化和碘酸盐还原的潜力。但是，其利用碘酸盐驱动AOM的活性和功能还需要进一步验证。



山洞内顶部形成的大量生物被膜。 受访者供图



星型微生物细胞电镜图片。受访者供图

据介绍，该研究结果扩展了Methylomirabilota甲烷氧化细菌代谢的多样性，并为一种新的潜在的甲烷氧化过程——碘酸盐驱动的AOM提供了基因组方面的证据。考虑到碘酸盐在海洋环境中的广泛分布，以碘酸为电子受体的厌氧甲烷氧化可能是一个被忽略但是重要的甲烷汇。（来源：中国科学报王昊昊）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1002/mlf2.12033>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：朱宝利等 来源：《微生物》

---

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](http://www.iikx.com)转发