

焦化废水处理系统中喹啉降解菌的种群特征

柏耀辉,孙庆华,赵 翠,温东辉*,唐孝炎 (北京大学环境科学与工程学院,北京 100871)

摘要: 从首钢及武钢焦化废水处理系统中分离筛选出 10 株高效喹啉降解细菌,16S rRNA 鉴定表明它们分别属于假单胞菌及丛毛单胞菌 2 个属。对这些高效降解菌进行了降解基因片断的 PCR 扩增,发现所有假单胞菌属的喹啉降解菌均含有编码转化喹啉为 2-羟基喹啉和 2,8-二羟基喹啉的基因片断。16S rRNA 与降解基因系统发育树的对比分析,表明细菌进化过程中可能存在的基因突变和水平基因转移现象。根据假单胞菌属的喹啉降解菌降解基因的特异性,利用荧光原位杂交技术对该菌在首钢活性污泥中的种群空间分布进行了检测。另外,对高效降解菌的质粒分布做了初步的探讨,发现喹啉降解基因可能主要编码在细菌的染色体上。

关键词: 焦化废水; 喹啉降解菌; 降解基因; 种群空间分布; 质粒

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2008)05-0449-07

Community characteristics of quinoline-degrading bacteria in coking wastewater treatment system. BAI Yao-hui, SUN Qing-hua, ZHAO Cui, WEN Dong-hui*, TANG Xiao-yan (College of Environmental Sciences and Engineering, Peking University, Beijing 100871, China). *China Environmental Science*, 2008,28(5): 449~455

Abstract: Ten highly efficient quinoline-degrading bacteria strains were isolated and screened from the activated sludge in the coking wastewater treatment plants of the Capital Iron and Steel Group and the Wuhan Iron and Steel Group. 16S rRNA identification showed that the isolated bacteria belonged to two genera, *Pseudomonas* and *Comamonas*. Using polymerase chain reaction (PCR) amplification, the gene fragments encoding the transformation pathways from quinoline to 2-hydroxyquinoline, and then to 2,8-dihydroxyquinoline, were detected from all quinoline-degrading bacteria of *Pseudomonas*. Phylogenetic comparison between 16S rRNA and degradation gene indicated that certain kinds of gene mutation and horizontal gene transfer might have happened in the evolution of the bacteria. According to the specific characteristics of degradation genes of *Pseudomonas* quinoline-degrading strains, fluorescent in situ hybridization (FISH) technology was used to monitor the spacial distribution of the strains in the sludge community. In addition, plasmid distribution in the quinoline-degrading bacteria strains was primarily investigated. The result demonstrated that the degradation genes were possibly encoded in the chromosomes for most degrading bacteria strains.

Key words: coking wastewater; quinoline-degrading bacteria; degradation genes; spacial distribution of bacteria community; plasmid

喹啉及其衍生物广泛存在于煤焦油、石油、农药以及工业溶剂中,具有致癌、致畸等毒性作用^[1],属于生物难降解的有机物。很多细菌及真菌都被报道具有降解喹啉的功能,如 *Moraxella* sp.^[2] 及 *Pseudomonas* sp.^[1], *Rhodococcus* sp.^[3], *Burkholderia pickettii*^[4], *Comamonas* sp.^[5], 白腐菌^[6] 等。这其中,假单胞菌是发现最多、研究最广泛的菌属。以往的研究主要集中在喹啉的降解途径^[7~8] 及喹啉降解菌的生物强化作用^[9] 上,且主要关注的是单菌株对喹啉的降解,对喹啉降解菌的群落分析

却鲜见报道。

本研究将分子生物学研究手段及污染物监测分析方法相结合,探讨了焦化废水处理系统中喹啉降解细菌的分布及微生物特征,同时对喹啉降解细菌的降解基因及质粒分布进行了研究。旨在为含喹啉废水处理系统中的微生物信息的获取提供理论依据及技术支持。

收稿日期: 2007-08-24

基金项目: 国家“863”项目(2006AA06Z336)

* 责任作者, 副教授, dhwen@pku.edu.cn

1 材料与方法

1.1 试剂

喹啉标准样品购自 AccuStandard, Inc.(美国),胰蛋白胨及酵母提取物购自 Oxoid Ltd.(英国),去离子甲酰胺及 4',6-二脒基-2-苯基吲哚(DAPI)购自 Sigma-Aldrich 公司(美国).其余药品均为分析纯试剂.

1.2 培养基

试验所用培养基为无机盐培养基(MSM).培养基组成(g/L): Na_2HPO_4 4.26, KH_2PO_4 2.65, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.2, CaCl_2 0.02 及 1mL 微量元素溶液^[4].同时加入一定量的喹啉溶液(0.2μm 的滤膜过滤)作为细菌生长的碳氮源.

1.3 菌种的富集、分离与纯化

分别取 100mL 首钢驯化污泥和武钢焦化废水污水处理系统中的活性污泥 250mL 锥形瓶中,加入 2 滴 0.01% 的焦磷酸钠及数粒玻璃珠以解絮凝.在 30℃,180r/min 的摇床下振荡 30min 以充分混匀,在 4200r/min 下离心 10min (Eppendorf 5810R,德国).将沉淀混匀移至 100mL 含喹啉 200mg/L 的 MSM,在 30℃,180r/min 摆床下振荡培养 5d;移取 5mL 菌悬液至 100mL 含喹啉 300mg/L 的 MSM,在 30℃,180r/min 摆床下振荡培养 3d.转接 3 次后,经涂布稀释分离及平板划线纯化后得到不同的纯菌株.

1.4 高效降解菌株的筛选

将纯化后的焦化废水喹啉降解菌株在 LB 培养基^[10]上进行富集培养,当 OD₆₀₀=1 时,取各菌液 1mL 转移至含有 500mg/L 喹啉的 MSM 中进行培养,3d 后,在最佳吸收波长 OD₆₀₂ 下测定菌密度(Shimadzu UV2401,日本)及在 HPLC(岛津 LC10AD_VP, SPD10A_VP UV-Vis Detector; Diamonsil C₁₈ 色谱柱,250×4.6mm,5μm)测定喹啉浓度.流动相为甲醇与水体积比为 4:1,流速为 1mL/min;喹啉检测波长为 275nm(高浓度)和 230nm(低浓度),进样体积均为 10μL.综合考虑菌密度及喹啉终浓度的大小来确定所需的高效降解菌.

1.5 菌种的 16S rRNA 鉴定及系统发育树的构建

以 TianGen 细菌基因组 DNA 提取试剂盒提取各喹啉降解菌的总 DNA,根据文献[11]设计的引物及温度程序进行 PCR 片断基因扩增.PCR 产物在 0.8% 的琼脂糖凝胶下进行电泳分离,经切胶回收、纯化后,送 TianGen 公司测序.测序结果通过 GenBank 的 BLAST 进行同源性比对.将各序列与 GenBank 数据库中一些相近的相关菌株的 16S rRNA 序列一并导入到 Bioedit 软件中进行编辑.然后再导入到 MEGA 4.0 软件进行系统发育树的构建^[12],采用相邻连接法(NJ)及最大复合似然法(MCL)构建发育树及估算进化距离.采用自引导法(Bootstrap)1000 次重复取样来评估进化树.

1.6 *qorL*, *oxoO*, *oxoR* 片断基因的 PCR 扩增

根据文献[13]所报道的喹啉降解菌 *Pseudomonas putida* 86 的降解基因特性及 PCR 引物,由细菌总 DNA 中选取控制喹啉转化为 2-羟基喹啉(*qorMSL*)和 2,8-二羟基喹啉(*oxoO* 和 *oxoR*)的基因片断进行 PCR 扩增.引物序列如下所示:
qorL-f: GCTCTAGAAGGATTCCCCCTTCACCAAAC
qorL-r: GCTCTAGATGGATCACCATCGCTG
oxoO-f: GCTCTAGACTACCGACGAAGACCGC
oxoO-r: GCTCTAGAGCTTGAAGATCAGGCTGG
oxoR-f: GCTCTAGAAAGCGTTGTTCAGCCTGG
oxoR-r: GCTCTAGATCAGTGGCTGGCGACAA

采用 Tiangen 2×HotStart Taq PCR Master Mix 以增强特异性扩增.PCR 温度程序设定为:94℃预变性 2min;94℃变性 40s,62℃退火 40s,72℃延伸 40s,共 30 个循环;72℃终延伸 7min,4℃保存.PCR 产物经 1% 的琼脂糖凝胶电泳分离,Goldview(北京赛百胜生物工程公司)染色,切胶回收纯化后测序.将测得序列输入到 GenBank 上进行同源性比对,并构建系统发育树进行分析.

1.7 荧光原位杂交(FISH)

FZSH 的具体流程参照文献[14-16].探针序列分别为杂交大多数细菌的 EUB338 探针^[16],序列为 GCTGCCTCCGTAGGAGT,标记 FAM 荧光素;杂交假单胞菌属的喹啉降解菌的 *qorL-f* 探针,序列如上,标记 HEX 荧光素.合

成的探针在 5' 端标记荧光染料。探针由北京赛百胜生物工程公司合成。试验采用 2 种方式，第 1 种方式是用 *qorL-f* 荧光探针与 DAPI 染料分别对活性污泥中假单胞菌属的喹啉降解菌及总细胞染色；第 2 种方式是用 *qorL-f* 荧光探针、EUB338 荧光探针及 DAPI 染料分别对活性污泥中假单胞菌属的喹啉降解菌、细菌及总细胞染色。

样品经预处理后在荧光显微镜(Leica microsystems,德国)下观察并拍照.同时观察样品的自荧光现象.

1.8 质粒提取

对高效降解菌株采用修改后的 Kado&Liu 方法^[17-18]提取质粒.取 1.5~3.0mL 过夜培养的 LB 菌液,在 13000r/min 下离心,弃上清液,加入 100μL 缓冲液,涡旋混匀,加入 200μL 裂解液,轻柔上下颠倒 4~6 次,在 68℃ 水浴 60min,然后加入 600μL 酚/氯仿,颠倒混匀,在 4℃, 13000r/min 下离心 15min,放置于 4℃ 冰箱过夜.取 10μL 上清液在 0.8% 琼脂糖凝胶进行电泳分离.选用灵敏度较高的 SYBR Gold(Molecular probe,美国)染料染色 30min 后,在凝胶成像系统(UVP GDS-8000, 美国)下观察及拍照.

2 结果与讨论

2.1 菌种的分离与筛选

经过一系列的分离、纯化,分别从首钢和武钢活性污泥中分离出 14 株和 10 株喹啉降解菌,这些菌株降解性能各有差异,部分菌株具有较强的降解能力,部分菌落只是耐受喹啉或降解性能较差.为了得到较强的能以喹啉作为唯一碳氮源及能源的降解菌,对各菌株在液体培养基的生长及喹啉被分解利用情况进行了检测.根据菌密度值的高低及喹啉浓度的大小挑选出 10 株高效喹啉降解菌作为研究对象,其中从武钢活性污泥中选出 BW003,BW004,BW005,BW006,BW009,BW012,从首钢活性污泥中选出 BC001,BC005, BC009,BC027.

2.2 降解菌的 16S rRNA 基因序列分析

选取各菌的 16S rRNA 片断序列导入到

GenBank 进行同源性比对,同时将 500 bp 16S rRNA 片断基因与相近的菌属的基因序列一起构建系统发育树(图 1).结果表明,首钢焦化废水中的 4 株喹啉降解菌都属于假单胞属,而武钢焦化废水的 6 株菌分属于 2 个属:3 株假单胞菌(*Pseudomonas*)及 3 株丛毛单胞菌属(*Comamonas*).所有菌株与 GeneBank 数据库中最相近的菌株同源性都在 99%以上.假单胞菌^[1,19]及丛毛单胞菌^[5]都已被证明具有降解喹啉的特性.同时,大多数的菌株都是从活性污泥或污水中分离出的.其中,假单胞菌株发现的最多,也研究的相对较为透彻.

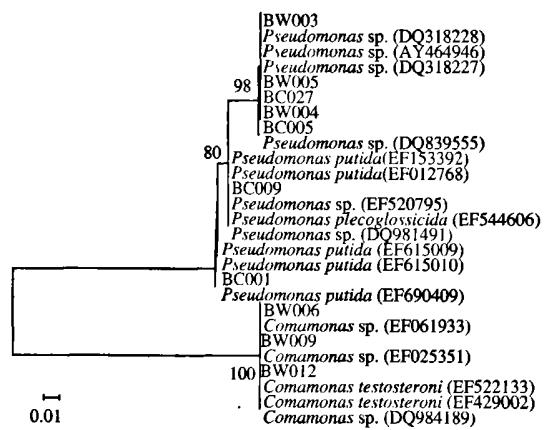


图 1 焦化废水中喹啉降解菌 16S rRNA 的系统发育树分析

Fig.1 Phylogenetic tree analysis of partial 16S rRNA gene sequence of quinoline-degraing bacteria in coking plant wastewater

括号里的数字为已发布的相似菌株的记录号,节点的数字为 Bootstrap 百分比支持率(仅显示 50%以上)

2.3 降解基因片断的 PCR 扩增及序列分析

GC/MS 分析假单胞菌 BC001 的中间代谢产物时,发现喹啉首先要转化为 2-羟基喹啉,然后进一步转化为 8-羟基香豆素并产生 NH₃,这与 *Pseudomonas putida* 86 的降解途径是相同的^[13]。根据以往对 *Pseudomonas putida* 86 的研究^[13,20-21]发现,控制喹啉转化为 2-羟基喹啉的基因是 *qorMSL* 基因,而产生 2,8-二羟基喹啉的基因是 *oxoO* 和 *oxoR* 基因,如图 2 所示。

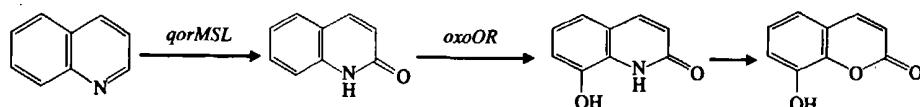


Fig.2 Metabolic pathway and their control genes of quinoline for *Pseudomonas putida* 86

对 10 株高效喹啉降解菌进行部分降解基因片断(*qorL*,*oxoO*, *oxoR*)的特异性 PCR 扩增,结果见图 3. 7 株假单胞菌都具有这 3 种基因,其中 *oxoO* 和 *oxoR* 基因片断长度约为 0.27kb, *qorL* 基因片断长度约为 0.37 kb(除去引物中附加修饰碱基的长度),与 *Pseudomonas putida* 86 在相同引物下 PCR 的基因片断长度保持基本一致. 将 7 株假单胞菌的 *qorL* 基因片断及 BC001 的 *oxoO* 和 *oxoR* 基因片断进行测序, 测序结果与 GenBank 数据库对比发现,所有菌的 *qorL* 基因片断序列都与 *Pseudomonas putida* 86 的 *qor* 基因序列有 97% 左右的相似度. 同时, BC001 的 *oxoO* 和 *oxoR* 基因片

断与 *Pseudomonas putida* 86 的 *oxoO* 和 *oxoR* 基因序列分别有 98% 及 99% 的相似度. 这些结果表明假单胞菌对喹啉的降解可能都是由 *qor* 及 *oxoOR* 基因所控制,也就是说,假单胞菌对喹啉的降解都要生成 2-羟基喹啉及 2,8-二羟基喹啉这两种中间产物.

PCR 试验结果同时表明,丛毛单胞菌并不具有与假单胞菌相同的代谢基因,3 株丛毛单胞菌都未发现有与假单胞菌相似的 *qorL* 及 *oxoOR* 基因,见图 3(A)(B)(C) 中泳道 8、9、10. 尽管文献[23]报道丛毛单胞菌能将喹啉首先转化为 2-羟基喹啉,但其控制基因可能有所不同.

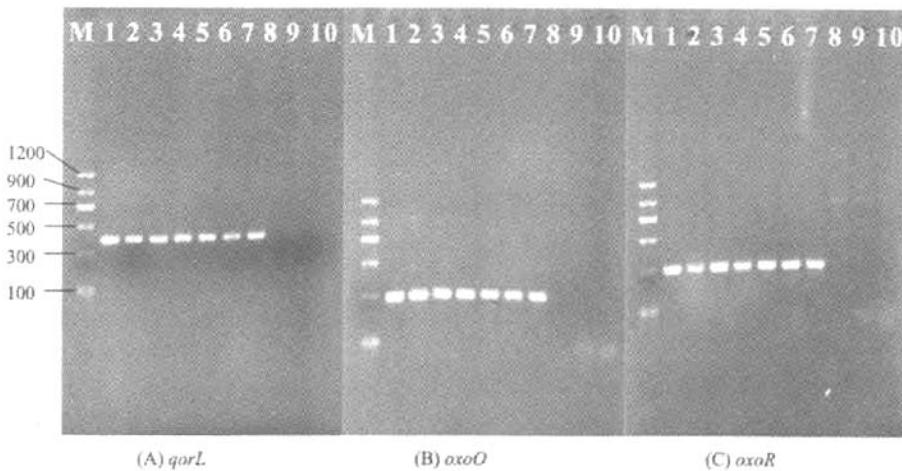


图 3 喹啉降解基因片断的 PCR 扩增

Fig.3 PCR amplification of gene fragments involved in quinoline degradation

M: Marker, 分子量从下到上分别为 100,300,500,700,900,1200; 泳道 1:BW003,

2:BW004,3:BW005,4:BC005,5:BC027,6:BC009,7:BC001,8:BW006,9:BW009,10:BW012

将 7 株假单胞菌的 320 bp *qorL* 基因片断序列与 16S rRNA 基因序列一起构建系统发育树, 见图 4. 对比结果表明, 2 个发育树有着较大的差别, 这可能是由于细菌在进化过程中的基因突变

及水平基因转移^[24-25] 所造成的. 如 BC001 及 BC009 与 BW003、BW004、BW005 的 16S rRNA 有较大的差别且在不同的地点分离出, 但它们的 *qorL* 基因片断却极其相似.

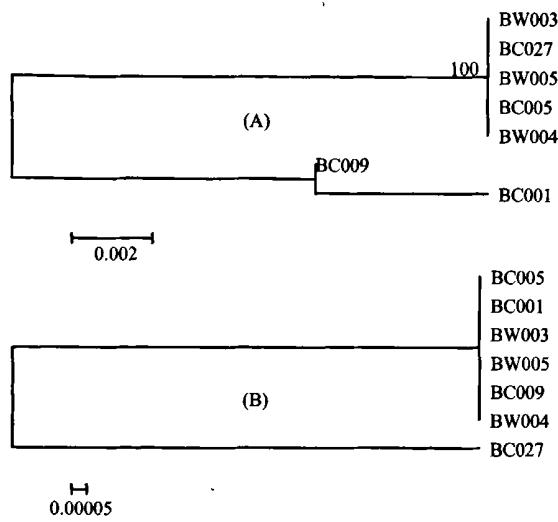


图 4 焦化废水中假单胞菌属的喹啉降解菌的系统发育树分析

Fig.4 Phylogenetic tree analysis of quinoline-degrading bacteria of *Pseudomonas* in coking plant wastewater

(A)16S rRNA (B)*qorL*

2.4 降解菌的群落分布

根据 2.3 节的结果,设计了以假单胞菌属的喹啉降解菌的基因 *qor* 及细菌的 16S rRNA 为靶点的荧光探针,使之与首钢焦化活性污泥中的微生物进行原位杂交,以期得到假单胞菌属的喹啉降解菌在首钢焦化活性污泥的空间分布及群落特征。将 *qorL-f* 基因序列输入到 GenBank 数据库进行序列比对,结果显示只有假单胞菌的 *qor* 基因与其有最大吻合,其他序列均与其有一定的差别。可以看出探针的特异性较强。图 5(A)是用 *qorL-f* 荧光探针(粉红色)与 DAPI 染料(蓝色)分别对活性污泥中假单胞菌属的喹啉降解菌及总细胞染色。图 5(B)是用 *qorL-f* 荧光探针、EUB338 荧光探针(绿色)及 DAPI 染料分别对活性污泥中假单胞菌属的喹啉降解菌、细菌及总细胞染色。图形结果为同一区域内不同颜色的原位叠加。其中,蓝绿色为细菌及总细胞的相互叠加。

图 5(A)中假单胞菌属的喹啉降解菌数量占总细胞的比例较高,而图 5(B)中假单胞菌属的喹啉降解菌占的比例相对较少,这是由于不同观察区域所引起的。但通过对整个区域的显微镜观察,发现红色荧光面积相比蓝色及绿色荧

光面积小很多,一些观察区域甚至看不到红色荧光。也就是说,假单胞菌属的喹啉降解菌只占了活性污泥中细菌的一小部分。这主要是由于焦化废水中污染物的复杂性从而造成微生物的多样性所引起的。

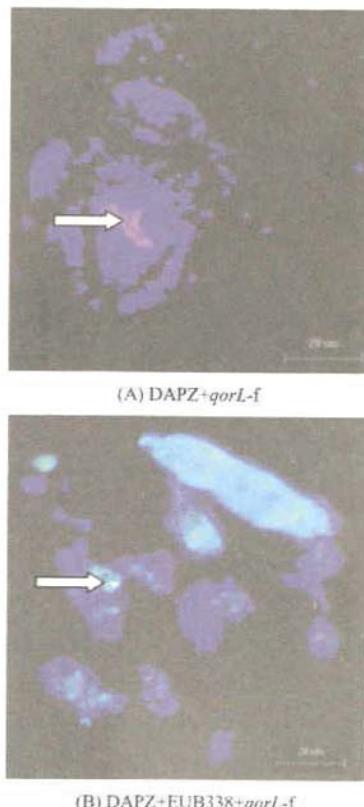


图 5 假单胞菌属的喹啉降解菌的 FISH 照片

Fig.5 FISH photos of quinoline-degrading bacteria of *Pseudomonas*

箭头所指的粉红色区域为假单胞菌属的喹啉降解菌

2.5 降解菌的质粒分布

为了确定降解基因是否编码在染色体上,考察了 10 株焦化废水中喹啉降解菌的质粒分布状况(图 6)。结果显示,首钢焦化废水中的 4 株假单胞菌都不含有质粒。武钢焦化废水中,BW006 不含有质粒,BW009 中含有 1 个 2.0~3.0kb 的小质粒,BW012 含有 1 个中等大小的质粒。而假单胞菌 BW003、BW004、BW005 均含有 1 个较大的质粒。其中 BW003、BW004、BW005 所含的质粒

大小基本相同,根据条带的亮度显示其拷贝数可能较低。通常降解基因都被会编码在大质粒上。文献报道编码喹啉转化为2-羟基喹啉及2,8-二羟基喹啉的基因长度在十几kb以上^[13],如果加上从2,8-二羟基喹啉转化为8-羟基香豆素及氨基的基因序列长度,降解基因的长度应该在几十kb以上。因此,可能含有降解基因的质粒主要集中在BW003、BW004、BW005这3株菌中,其他菌的降解基因可能都被编码在细菌染色体上。BW003、BW004、BW005的质粒是否编码降解基因,仍需要进一步的试验确定,如质粒消除,质粒转化或接合等。

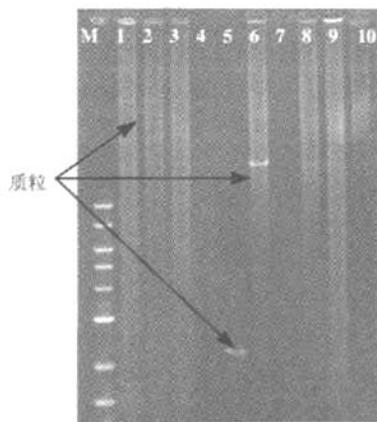


图6 喹啉降解菌质粒分布

Fig.6 Distribution of plasmids in the quinoline-degrading bacteria

M: Marker, 分子量从下到上分别为1.5,2.0,3.0,4.0,5.0,6.0,8.0,10.0 kb;泳道1:BW003,2:BW004,3:BW005,4:BW006,5:BW009,6:BW012,7:BC005 8:BC009,9:BC027,10:BC001

3 结论

3.1 16S rRNA 菌种鉴定结果表明,首钢焦化废水中的4株喹啉降解菌都属于假单胞属,而武钢焦化废水的6株菌分属于2个属:3株假单胞菌(*Pseudomonas*)及3株丛毛单胞菌属(*Comamonas*)。

3.2 喹啉降解基因的PCR试验结果显示,所有的假单胞菌属的喹啉降解菌可能都含有分别控制喹啉转化为2-羟基喹啉及进一步转化2,8-二羟基喹啉的qorMSL及oxoOR降解基因。因此,假

单胞菌属的喹啉降解菌可能对喹啉的代谢途径是一致的,而丛毛单胞菌都未发现有这些基因。

3.3 通过对假单胞菌属的喹啉降解菌的qorL基因片断序列与16S rRNA基因序列的系统发育树分析发现,2个发育树有着较大的差别,这可能是由于细菌在进化过程中的基因突变及水平基因转移所造成。

3.4 通过FISH试验对假单胞菌属的喹啉降解菌在首钢活性污泥的分布进行了空间定位,结果显示其在首钢活性污泥中的分布数量较少。

3.5 质粒提取结果表明,大多数喹啉降解基因可能都编码在细菌的染色体上。

参考文献:

- Shukla O P. Microbial transformation of quinoline by a *Pseudomonas* sp. [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1986,51(6):1332-1442.
- Grant D J, Al-Najjar T R. Degradation of quinoline by a soil bacterium [J]. Microbios, 1976,15(61/62):177-189.
- O'Loughlin E J, Kehrmeyer S R, Sims G K. Isolation, characterization, and substrate utilization of a quinoline-degrading bacterium [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 1996,38(2):107-118.
- Wang J L, Wu W Z, Zhao X. Microbial degradation of quinoline: Kinetics study with *Burkholderia picketti* [J]. Biomedical and Environmental Sciences, 2004,17(1):21-26.
- 崔明超,李丽,陈繁忠,等.革兰阴丛毛单胞菌对喹啉的微生物降解途径的研究 [J]. 环境科学学报, 2004,24(1):171-173.
- 任大军,张晓昱,颜克亮,等.白腐菌对焦化废水中喹啉的降解及机理研究 [J]. 环境保护科学, 2006,32(1):20-23.
- Kaiser J P, Feng Y C, Bollag J M. Microbial metabolism of pyridine, quinoline, acridine, and their derivatives under aerobic and anaerobic conditions [J]. Microbiological Reviews, 1996,60(3):483-498.
- Fetzner S. Bacterial degradation of pyridine, indole, quinoline, and their derivatives under different redox conditions [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 1998,49(3):237-250.
- Wang J L, Quan X C, Han L P, et al. Microbial degradation of quinoline by immobilized cells of *Burkholderia picketti* [J]. Water Research, 2002,36(9):2288-2296.
- 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 分子克隆实验指南[M]. 3版. 北京:科学出版社, 2002.
- Devereux R, Wilkinson S S. Amplification of ribosomal RNA sequences, microbial ecology manual [M]. 2nd Edition. Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2004:509-522.

- [12] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(8):1596–1599.
- [13] Carl B, Arnold A, Hauer B, et al. Sequence and transcriptional analysis of a gene cluster of *Pseudomonas putida* 86 involved in quinoline degradation [J]. *Gene*, 2004, 331:177–188.
- [14] 温沁雪. 生物流化床同步硝化反硝化及硝化微生物分子生物学研究 [D]. 北京: 清华大学环境科学与工程系, 2006: 100–102.
- [15] Amann R, Snaidr J, Wagner M, et al. In situ visualization of high genetic diversity in a natural microbial community [J]. *Journal of Bacteriology*, 1996, 178(12):3496–3500.
- [16] Ravenschlag K, Sahm K, Amann R. Quantitative molecular analysis of the microbial community in marine Arctic sediments (Svalbard) [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(1):387–395.
- [17] Kado C I, Liu S T. Rapid procedure for detection and isolation of large and small plasmids [J]. *Journal of Bacteriology*, 1981, 145(3):1365–1373.
- [18] Top E, Mergeay M, Springael D, et al. Gene escape model: transfer of heavy metal resistance genes from *Escherichia coli* to *Alcaligenes eutrophus* on agar plates and in soil samples [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1990, 56(8):2471–2479.
- [19] Kilbane J J, Ranganathan R, Cleveland L, et al. Selective removal of nitrogen from quinoline and petroleum by *Pseudomonas ayucida* IGTN9m [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(2):688–693.
- [20] Carl B, Fetzner S. Transcriptional activation of quinoline degradation operons of *Pseudomonas putida* 86 by the AraC/XylS-type regulator OxoS and cross-regulation of the *PqorM* promoter by XylS [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(12):8618–8626.
- [21] Bläse M, Bruntner C, Tshisuaka B, et al. Cloning, expression, and sequence analysis of the three genes encoding quinoline 2-oxidoreductase, a molybdenum-containing hydroxylase from *Pseudomonas putida* 86 [J]. *Journal of Biological Chemistry*, 1996, 271(38):23068–23079.
- [22] Rosche B, Tshisuaka B, Hauer B, et al. 2-oxo-1,2-dihydroquinoline 8-monooxygenase: Phylogenetic relationship to other multicomponent nonheme iron oxygenases [J]. *Journal of Bacteriology*, 1997, 179(11):3549–3554.
- [23] Cui M C, Chen F Z, Fu J M, et al. Microbial metabolism of quinoline by *Comamonas* sp. [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2004, 20(6):539–543.
- [24] van der Meer J R. Environmental pollution promotes selection of microbial degradation pathways [J]. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2006, 4(1):35–42.
- [25] Ma Y F, Wang L, Shao Z Z. *Pseudomonas*, the dominant polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacteria isolated from Antarctic soils and the role of large plasmids in horizontal gene transfer [J]. *Environmental Microbiology*, 2006, 8(3):455–465.

作者简介: 柏耀辉(1977-),男,四川达县人,北京大学博士研究生,主要从事水污染控制及环境生物技术研究,发表论文5篇。

美国科学促进协会召开 Abelson 学术研讨会讨论气候变化的“转折点”

2007年10月30日众多研究人员聚集美国科学促进协会(AAAS),讨论极地地区发生的变化,那里冰层在消融、一些动物如企鹅在减少并改变其活动范围等。

过去10000年人类享受了相对稳定而温和的气候,但现在有一些信号表明这一良好机遇可能走到尽头, H John Heinz科学、经济和环境中心的全球变化项目主任 Rolert W Corell作主题发言说,这些变化可能主要是由人类自身活动造成的。

Corell说在极地地区已经看到了一些麻烦的信号,一旦这些麻烦变成事实,人类再要回到过去实际上不可能,至少在我们知道的时间尺度内。

该学术讨论会题为“极地科学的新水平”,是为了纪念国际极地年和“科学”杂志前主编 Philip Abelson,Abelson后任AAAS高级顾问,直至91岁逝世。

芝加哥大学天文学和天文物理学教授 John R Carlstrom说,随着气候研究步伐加速,极地地区已成为人类进行前所未有的实验的实验室。例如,南极是地球上收集早期宇宙数据的最好的地方。又如英国探险家 Robert Falcon Scott 曾称南极的 Bonney 湖地区为“死亡谷”,但最近探险发现那里冰层下有一个生命的小区域,蒙大拿州立大学生态学教授 Priscu 用 DNA 测定认为那里有一个微生物社会,可能是“古 DNA 的博物馆。”

江刚 摘自《Science》November 30, 1396(2007)