

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*  
51(5):579-585; 4 May 2011  
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q  
<http://journals.im.ac.cn/actamicroen>

## 生物组学在污染环境微生物修复研究中的应用

吕意华<sup>1</sup>, 田蕴<sup>1\*</sup>, 郑天凌<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>厦门大学滨海湿地生态系统教育部重点实验室, 厦门大学生命科学学院, 厦门 361005

<sup>2</sup>厦门大学近海海洋环境国家重点实验室, 厦门 361005

**摘要:**随着分子生物学、生物信息学和各种理化检测技术的发展,特别是人类基因组计划成功实施以来,基因组学研究取得了重大突破与进展。而包括转录组学、蛋白组学和代谢组学在内的后基因组学也相继出现,并被广泛应用在环境微生物学的各个研究领域。本文主要概述了当前基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学在污染环境生物修复研究中的最新研究进展,分析比较了各组学的优势与不足,同时结合本课题组的主要研究方向探讨了各生物组学在赤潮生消过程和有机污染物降解机理等研究中的应用。

**关键词:** 基因组学, 转录组学, 蛋白组学, 代谢组学, 生物修复

**中图分类号:** X172      **文献标识码:** A      **文章编号:** 0001-6209 (2011)05-0579-07

由于地球上人口的骤增和工农业生产的迅速发展,大量有毒、有害废弃物被释放到土壤、水体和大气中,严重地破坏了人类的生存环境。在各种环境污染的治理技术中,生物修复技术以其高效安全而备受推崇。生物修复是指利用生物吸收、转化、清除或降解环境污染物,实现环境净化、生态恢复的生物措施,其中微生物的作用与研究最受关注。自1989年Exxon公司和美国环保局成功地实施“阿拉斯加计划”以来,微生物修复技术已被广泛应用于清除土壤、地下水、河流、湖泊和海洋等环境中的污染物,这些污染物主要包括多环芳烃(PAHs)、卤代芳烃、卤代烷烃、重金属以及引起水体富营养化等其它成分等<sup>[1]</sup>。但是,由于微生物修复是一个多种功能微生物协同作用,复杂而精细的生物过程,其中可能包括一些低丰度或不可培养的微生物的参与,因此传统的生物学分析方法难以全面而深入地了解其修复机制,并实施实时监控和评价。

至今人们对环境微生物的认识还非常有限,大量的环境微生物尚不能在实验室中培养和研究,而对已分离纯化的功能环境微生物的生理活性和代谢潜能的认识也还是相当欠缺的。在过去几十年中,随着分子生物学、生物信息学和相关理化检测技术的发展,尤其是人类基因组计划成功实施以来,基因组学研究进展迅速,从而带动了转录组学、蛋白组学和代谢组学的发展。于是人们在研究各种生命现象的过程如污染环境的微生物修复问题开始注重整体和全面的研究,研究思维也逐渐实现点面和动静的结合。

### 1 基因组学在污染环境微生物修复中的应用

#### 1.1 微生物全基因组测序

近几年,高通量、低成本和高质量的新一代测序

**基金项目:** 国家“863计划”(2008AA09Z408);国家自然科学基金(40976069, 40930847);深港创新圈项目(08Lh-04)

\* 通信作者。田蕴, E-mail: tianyun@xmu.edu.cn; 郑天凌, E-mail: wshwzh@xmu.edu.cn

**作者简介:** 吕意华(1985-), 男, 湖南郴州人, 硕士, 环境微生物。E-mail: lvyihua215@sina.com

**收稿日期:** 2010-09-27; **修回日期:** 2010-12-09

技术,正以日新月异的步伐发展,测定某一生物的基因组完整序列信息所需的时间已经压缩到了几天,各种微生物基因组的测序正如火如荼地进行。截止2010年7月,已有1305株原核微生物的基因组已被完全测序,并有192株古细菌、4626株细菌和1521株真核微生物的基因组测序正在进行中(<http://www.genomesonline.org>)。

Mattes等<sup>[2]</sup>测序和分析了极地单胞菌JS666的全基因(5.9 Mb),该菌株在烷烃、多环芳烃降解和抗金属污染方面具有很好的潜力。研究发现,该菌拥有编码烷烃、卤代烷烃和芳香族化合物降解蛋白的基因,并经实验证实该菌株可以降解儿茶酚、辛烷、卤烃和胆胆酸酯等多种有机污染物。Kim等<sup>[3]</sup>也做了类似的工作,将能高效降解高分子量多环芳烃的分支杆菌PYR-1的全基因组进行了测序,发现其6.5 Mb大小的基因组可编码194个芳烃降解的功能蛋白。Rabus等<sup>[4]</sup>发现了一株能降解芳烃的厌氧反硝化细菌EbN1,其基因组大小为4.7 Mb,包含一条染色体和两个质粒,该细菌基因组拥有十条厌氧和四条好氧的芳烃降解途径,该研究结果使得人们对于微生物所拥有的多通路、高适应性的芳烃降解能力有了更加深刻的认识,同时也为将来成功地设计和应用工程微生物修复污染环境提供有力的技术支撑。

## 1.2 环境基因组学在污染环境微生物修复中的应用

一般环境中可培养的微生物仅占自然界微生物总数的1%<sup>[5]</sup>,大量微生物的不可培养性成为经典微生物生态学揭示自然界微生物群落组成、结构、生态功能及种间关系的一大障碍。自1991年Pace等<sup>[6]</sup>首次提出环境基因组学的概念并构建了第一个环境样品的噬菌体文库以来,环境基因组学的研究已成了新的兴趣焦点。目前,已有130个生境的宏基因组已被完全测序(<http://www.genomesonline.org>)。环境基因组学(也称生态基因组学或宏基因组学)以评价一个生态系统中微生物遗传多样性为鲜明目的,从基因组水平上发现和筛选环境中降解污染物的功能基因。其基本流程为:从环境样品中提取微生物的基因组,构建环境基因组文库,筛选分析环境基因组文库<sup>[7-9]</sup>。环境基因组学的方法为人们在DNA水平上了解自然微生物群落结构和潜在功能提供了一个强有力的工具。同时,利用单基因测序(通常是16S或18S)和扩增DNA的片段分析手段对自然微生物群落结构及其

对环境压力的响应研究结果已向人类展示了一幅精彩的微生物画卷。

Loy等<sup>[10]</sup>利用一个含79个16S rDNA寡核苷酸探针的DNA微矩阵(DNA microarray),调查了工业废水处理的活性污泥中红环菌目的生物多样性,并成功监测到了在废水处理过程中起重要作用却不可培养分离的铁杆菌属、动胶菌属和脱氯单胞菌等微生物。Martin等<sup>[11]</sup>通过对生物强化除磷(EPBR)系统的活性污泥构建宏基因组文库,发现不可培养的*Candidatus phosphatis*在该生物处理具有重要作用。Suenaga等<sup>[12]</sup>通过构建活性污泥总DNA文库,以邻苯二酚为底物寻找双加氧酶活性克隆子,并获得了91株阳性克隆,经插入片段测序分析发现了新的芳烃降解双加氧酶亚族。

我课题组采用限制性片段长度多态性(RFLP)的方法对一株产毒塔玛亚力山大藻在不同生长时期藻际细菌群落多样性进行了分析,发现所有的细菌基因型分属2个细菌类群:变形细菌门和拟杆菌门,两者在延滞期、指数后期和稳定期所占比例不同,这些细菌可能在赤潮的消长过程中起着重要的调控作用<sup>[13-15]</sup>。另外,课题组通过16S rDNA可变区域PCR扩增和变形梯度凝胶电泳(DGGE)分析厦门西港油码头表层海水样品中高分子量多环芳烃——苯并芘的降解优势菌,并获得了苍白杆菌属、寡养单胞菌属和假单胞菌属中的三株优势降解菌,将三者混合培养两周后发现初始浓度10 mg/L的苯并芘降解率达44.07%,为目前相关报道的较高水平<sup>[16-17]</sup>。

显然,基因组学是寻找环境修复功能微生物、功能基因的重要方法,为揭示各种微生物修复过程中的生命现象提供重要的保障。但随着研究的不断深入,研究者发现微生物基因组具有均一性、完整性和稳定性,而基因组的表达是具有时空特异性的。微生物的生命活动遵循着最低消耗需求的原则,其基因组的具体表达情况会因环境的改变而改变,这就使得人们即使获知了微生物全基因组信息仍无法确定各基因的具体表达情况,从而阻碍人们揭示隐藏在基因组中的秘密,因此研究DNA直接的产物——mRNA就成为突破该瓶颈的关键。

## 2 转录组学在污染环境微生物修复中的应用

转录组学(Transcriptomics)概念是 Velculescu

等<sup>[18]</sup>于1997年首先提出,指研究细胞在某一功能状态下所含 mRNA 的类型与拷贝数。转录组学研究打破了以往只对单个基因或少数几个基因零打碎敲式的研究模式,将基因组研究带入了一个高速发展时代。转录组学在功能基因鉴定、基因组表达水平的检测及环境修复过程中微生物群落结构和功能探讨等方面有着广泛的应用,在整个生物修复研究中具有承上启下的作用。

Jennings 等<sup>[19]</sup>通过 cDNA 微矩阵 (cDNA microarray) 对极地单胞菌 JS666 矿化二氯乙醚的过程进行了转录组学分析,经 cDNA 与全基因表达矩阵杂交发现有关抗氧化、ABC 转运及 Na<sup>+</sup> 同向转运的蛋白表达上调。并推测二氯乙醚的降解途径主要包括碳原子和氯原子的断裂及单加氧酶的环氧化作用。Kim 等<sup>[20]</sup>应用 cDNA 微阵列技术检测酿酒酵母基因组在不同环境胁迫下表达文库的差异,以此来衡量纺织厂废水的潜在毒性。研究表明,酿酒酵母这种基因组表达文库差异性变化可以作为检测环境污染物的潜在毒性的指标。

随着从古细菌、细菌和真核微生物中直接提取 mRNA 技术的发展使得研究者可以较快地获得整个微生物群落的基因转录谱,即宏转录组学。宏转录组学与基因测序或 cDNA 微矩阵相结合为检测天然微生物群落转录活性提供了切实可行的方法。Urich T 等<sup>[21]</sup>通过宏转录组学的方法同时获得了土壤微生物群落的结构和功能的信息。在该研究中,经总 RNA 提取后进行反转录合成 cDNA,然后测序获得了 193219 个确切的分类上的 rRNA 标签,其中有 21133 个 mRNA 标签在土壤微生物中具有功能。

虽然,转录组学方法的引入在一定程度上弥补基因组学研究方法的不足,但 mRNA 自身存在贮存、转运、降解、翻译调控,同时蛋白也存在翻译后加工、转运定位、功能结构形成、蛋白与蛋白或核酸的相互作用等一系列生命活动,而这些均不能从基因组和转录组水平获知。因此,为了能进一步地探索和认识微生物的奥秘,一门从整体水平上探讨细胞蛋白质的组成及其活动规律的新学科——蛋白质组学 (Proteomics) 应运而生。

### 3 蛋白质组学和宏蛋白质组学在污染环境微生物修复中的应用

#### 3.1 蛋白质组学在污染环境微生物修复中的应用

蛋白质组 (Proteome) 概念是澳大利亚学者

Wilkins 等<sup>[22]</sup>1994 年首先提出,指的是在特定的生理条件下,一个基因组、细胞或者组织表达的全部蛋白质。目前,蛋白质组学技术在污染环境的微生物修复过程中功能微生物鉴定、功能蛋白识别、生物修复环境污染物机理等方面的研究具有重要的作用。

Santos 等<sup>[23]</sup>研究发现在苯酚培养压力下会导致恶臭假单胞菌 KT 2440 一系列功能蛋白表达水平的上调,这些蛋白主要参与以下生命活动:应激反应、能量代谢、脂肪酸合成、细胞分裂抑制和转录调节等。Kim 等<sup>[24]</sup>采用双向电泳和质谱联用 (2-DE/MS) 分析该菌对安息香酸盐和香草醛等芳香族化合物的降解途径时发现约 80 种功能蛋白,其中包括双加氧酶、水解酶、硫解酶等。Kim 等<sup>[25]</sup>采用双向电泳技术 (2-DE) 研究了分支杆菌 PYR-1 在苾诱导下的蛋白谱图,发现了 27 个苾降解途径必需的酶蛋白,其中终端环羟基氧化酶、二氢二醇脱氢酶和环断裂双加氧酶是苾降解途径所特有的,另外该研究组还根据上述结果首次阐述了一条完整的苾降解途径。

本课题组采用蛋白质组学技术研究了一株筛选自海洋环境的、高效的菲降解菌——鞘氨醇单胞菌 H 在非诱导下的表达蛋白质组,获得了包括加氧酶类、醛缩酶类、醛脱氢酶类、GST 谷胱甘肽转移酶等在内的 54 个菲降解的相关蛋白,并对关键的降解酶基因——邻苯二酚双加氧酶基因进行了克隆与表达,最后结合鞘氨醇单胞菌 H 利用菲降解的关键中间代谢产物的情况,推导出了该菌株降解菲的代谢途径<sup>[26]</sup>。另外,有关新鞘氨醇菌降解苯并苾等高分子量多环芳 (HMW-PAHs) 的相关功能蛋白研究也在开展,经双向电泳的方法发现了新鞘氨醇菌 US6-1<sup>T</sup> 在苯并苾诱导下的部分差异蛋白,相关的数据分析和关键酶的表达研究也正在开展当中。

#### 3.2 宏蛋白质组学在污染环境微生物修复中的应用

近来,微生物研究者通过蛋白质组学方法直接研究某一个生态系统中微生物群落的全蛋白表达谱,以检测各微生物在生态系统中的功能。宏蛋白质组学技术目前在双向电泳-质谱联用、蛋白测序及数据库发展和完善下取得了长足的进步。Benndorf 等<sup>[27]</sup>研究了被 2,4-二氯苯乙酸 (2,4-D) 污染的土壤和被氯苯污染的地下水中微生物群落的宏蛋白质组。该研究利用石炭酸法从腐质泥中提取群落全蛋白,经双向电泳分离和 LC-ESI-MS 分析发现 2,4-二氯苯乙

酸双加氧酶、氯代邻苯二酚双加氧酶、分子伴侣和转录因子在微生物利用上述两种氯化芳香化合物中具有重要作用。Wilmes 等<sup>[28]</sup>利用双向电泳及 MALDI-TOF 和 (Q-TOF) MS/MS 联用分析 EPBR 系统中活性污泥中的高表达蛋白,通过与已知 EPBR 活性污泥全蛋白比较发现有 46 个蛋白与 *Candidatus phosphatis* 的蛋白系列相近,这也进一步验证了 Martin 等<sup>[11]</sup>对 *Candidatus phosphatis* 在 EPBR 系统中所起的作用。

从理论上,微生物蛋白质组学研究应包含微生物所表达的全部蛋白质,但是蛋白质组学也存在诸多不足<sup>[29]</sup>,如低丰度蛋白难以检测和分离;极酸、极碱性和难溶性蛋白质的分离和鉴定还比较困难;蛋白分离的稳定性、可重复性和特异性较低等,在一定程度上限制了蛋白组学的应用,使得单一的蛋白组学分析方法无法全面解释某一微生物修复过程,于是人们又将目光聚焦在微生物代谢产物上。

#### 4 代谢组学在污染环境微生物修复中的应用

代谢组学 (Metabolomics) 的概念是 Oliver<sup>[30]</sup> 在 1997 年首先提出的,它是继基因组学和蛋白质组学之后应运而生并得以发展起来的,同时进行定性和定量分析某一生物或细胞在某一特定生理时期内所有低分子量代谢产物 (MW < 1000) 的一门新学科<sup>[31]</sup>。基因组学、转录组学和蛋白质组学分别从 DNA、mRNA 和蛋白质层面探寻生命的活动,而实际上细胞内许多生命活动是发生在代谢物层面的,如细胞信号释放,能量传递,细胞间通信等都是受代谢物调控的<sup>[32]</sup>。因此有人认为,“基因组学和蛋白质组学告诉你什么可能会发生,而代谢组学则告诉你什么确实发生了”。与转录组学、蛋白组学相比,代谢组学具有得天独厚的优势<sup>[33]</sup>: (1) 基因和蛋白表达的有效的微小变化会在代谢物上得到放大,从而使检测更容易; (2) 不需要建立全基因组测序及大量表达标签 (EST) 的数据库; (3) 代谢物种类远小于基因和蛋白的数目,一般微生物的中间代谢物仅在  $10^3$  数量级,远低于前两者; (4) 因代谢产物在各种微生物中是类似的,所以代谢组学的研究技术更通用。

代谢组学主要技术手段包括核磁共振光谱

(NMR)、直接注射质谱 (DIMS)、气相色谱质谱联用 (GC-MS)、液相色谱质谱联用 (HPLC-MS)、毛细管与质谱联用 (CE-MS)、傅里叶红外光谱 (FI-IR)、拉曼光谱 (Raman) 等<sup>[34]</sup>。Moody 等<sup>[35]</sup>采用 HPLC 结合紫外-可见光检测器、质谱等技术,分析了分支杆菌 PYR-1 降解蒽和菲产生的中间代谢产物,在蒽的培养液中得到顺-1,2-二羟-1,2-二氢蒽,6,7-苯并香豆素,1-甲氧基-2-羟蒽,9,10-蒽醌等,并且根据所获得一种新的环裂解产物 3-(2-羧基乙烯基)-萘-2-羧酸,而发现了一条新的 PYR-1 降解蒽的途径。Boersma 等<sup>[36]</sup>采用代谢组学方法研究氟代酚的微生物降解途径,推测红球菌内羟化酶先在不同的取代位羟基化氟代酚,然后再经儿茶酚内位双加氧酶开环形成氟代粘糠酸的代谢过程。Keum 等<sup>[37]</sup>研究了中华根瘤菌 C4 在普通营养条件或以菲为底物下的代谢组,发现在以菲为碳源的情况下,除了海藻糖、支链氨基酸及三羧酸循环和糖酵解途径中的中间代谢物上升以外,其余代谢物的量均下降了,这无疑为中华根瘤菌 C4 降解菲的途径的推导指明了方向。

随着代谢组学的发展,研究人员为了获得更加直观的代谢通路以及实现微生物修复的实时监测和调控,正对动态、实时监测细胞代谢物变化的研究给予高度关注,即代谢流 (Fluxomics)<sup>[38]</sup>。Tang 等<sup>[39]</sup>综合运用 GC-MS 和统计学、生物化学及遗传学等方法对一株具有重金属转化、核污染及卤代化合物修复功能希瓦氏菌。在不同碳源生长条件下代谢流进行了研究,发现该希瓦氏菌拥有非常灵巧的物质代谢通路,这些研究结果表明代谢组学在生物修复研究中起着检验和修正的作用,在整个研究过程中具有举足轻重的地位。

虽然代谢组学的研究起步较晚,而生物的代谢网络精细而复杂,代谢物又具有瞬时性、低丰度等特点,目前的分析手段尚存在局限性,还难以实现准确的定性和定量分析。但是代谢组学研究方法的出现无疑为人们认识复杂的污染环境微生物修复过程开启了一个全新的视角。

#### 5 结语

众所周知,微生物的新陈代谢是受基因、基因转录及表达、代谢物反馈和环境变化等多水平实时调控的,单一采用某一种组学从单一水平上研究微生物

物对污染环境的修复过程和机理显然是不够的。笔者认为,要全面而深刻地认识和评价微生物修复污染环境的过程与机理,就必须综合运用以上各组学,对微生物修复的各个环节:基因(决策)—mRNA(传达)—蛋白质(执行)—代谢产物(检验)进行全面考察和研究,实现从微生物修复污染环境的功能菌群的发现—功能基因和蛋白的鉴定—代谢机理的揭示—基因工程菌的构建—代谢实时调控的微生物修复策略。

上述的各生物组学都是近来才形成和发展起来的,有的研究甚至才刚刚起步,如何完善和整合各大组学的研究无疑是摆在研究者面前的重大挑战。另外,生物组学的研究会形成大量的数据或信息,如何分析和储存如此庞大的数据也是生物组学发展中不得不解决的一大难题。我们相信随着生物组学和相关技术的日益完善,人类大规模应用微生物修复污染环境的目标与途径必将实现。当然,污染环境的微生物修复仅仅是解决日益严重的环境污染的手段,而不是目的,如何在社会发展的同时注重环境保护,实现人与自然和谐发展才是需要人类积极思考和不懈努力的。

## 参考文献

[ 1 ] Boopathy R. Factors limiting bioremediation technologies. *Bioresource Technology*, 2000, 74 ( 1 ): 63-67.

[ 2 ] Mattes TE, Alexander AK, Richardson PM, Munk C, Han CS, Paul Stothard, Coleman NV. The genome of *Polaromonas* sp. strain JS666: insights into the evolution of a hydrocarbon and xenobiotic-degrading bacterium, and features of relevance to biotechnology. *Applied Environmental Microbiology*, 2008, 74: 6405-6416.

[ 3 ] Kim SJ, Jones RC, Cha CJ, Kweon O, Freeman JP, Edmondson RD, Cerniglia CE. Complete and Integrated Pyrene Degradation Pathway in *Mycobacterium vanbaalenii* PYR-1 Based on Systems Biology. *Bacteriology*, 2007, 1: 464-472.

[ 4 ] Rabus R. Functional genomics of an anaerobic aromatic-degrading denitrifying bacterium strain EbN1. *Applied Microbiology Biotechnology*, 2005, 68: 580-587.

[ 5 ] Woese CR. Bacterial evolution. *Microbiology Reviews*, 1987, 51: 221-271.

[ 6 ] Pace NR, TM Schimdt, EF Delong. Analysis of a marine picoplankton community by 16S rRNA gene cloning and

sequencing. *Bacteriology*, 1991, 173 ( 14 ): 4371-4378.

- [ 7 ] Knietzsch A, Bowien S, Whited G, Gottschalk G, Daniel R. Identification and characterization of coenzyme B12-dependent glycerol dehydratase and dioldehydratase-encoding genes from metagenomic DNA libraries derived from enrichment cultures. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69: 3048-3060.
- [ 8 ] Li Youwu, Dorotheak. Development and evaluation of microarray-based whole-genome hybridization for detection of microorganisms with in the context of environmental application. *Environmental Science & Technology*, 2004, 38: 6775-6782.
- [ 9 ] Uchiyama T, Abe T, Ikemura T, Ikemura T, Watanabe K. Substrate-induced gene-expression screening of environmental metagenome libraries for isolation of catabolic genes. *Nature Biotechnology*, 2005, 23: 88-93.
- [ 10 ] Loy A, Claudia Schulz, Sebastian Lucker, Wendels AS, Stoecher K, Wanger M. 16S rRNA Gene-Based Oligonucleotide Microarray for Environmental Monitoring of the Betaproteobacterial Order "Rhodocyclales". *Applied Environmental Microbiology*, 2005, 71: 1373-1386.
- [ 11 ] Martin HG, Ivanova N, Kunin V, Warnecke F, Barry KW, Mchardy AC, Yeastes C, Hugenholtz P. Metagenomic analysis of two enhanced biological phosphorus removal (EBPR) sludge communities. *Nature Biotechnology*, 2006, 24: 1263-1269.
- [ 12 ] Suenaga H, Tsutomu O, Kentaro M. Functional screening of a metagenomic library for genes involved in microbial degradation of aromatic compounds. *Environmental Microbiology*, 2007, 9: 2289-2297.
- [ 13 ] 杨小茹, 郑天凌, 田蕴, 苏建强. 基于分子技术的一株产毒藻际细菌多样性分析. *环境科学 (Environmental Sciences)*, 2009, 1: 271-279.
- [ 14 ] Su JQ, Yang XR, Zheng TL, Tian Y, Jiao NZ, Cai LZ, Hong HS. Isolation and characterization of a marine algicidal bacterium against a toxic algae. *Harmful Algae*, 2007, 6(6): 799-810.
- [ 15 ] Wang X, Tian Y, Zheng T. Lysis of a red-tide causing alga, *Alexandrium tamarense*, caused by bacteria from its phycosphere. *Biological Control*, 2009, 52 ( 2 ): 123-130.
- [ 16 ] Luo YR, Tian Y, Zheng TL, CL Yan, HS Hong. Analysis of community structure of a microbial consortium

- capable of degrading benzo (a) pyrene by DGGE. *Marine Pollution Bulletin*, 2009, 58: 1159-1163.
- [17] Tian Y, Liu HJ, Zheng TL, KK Kwon, SJ Kim. PAHs contamination and bacterial communities in mangrove surface sediments of the Jiulong River Estuary, China. *Marine Pollution Bulletin*, 2008, 57: 707-715.
- [18] Velculescu VE, Vogelstein B, Kinzler K. Characterization of the yeast transcriptome. *Cell*, 1997, 88: 243-251.
- [19] Jennings LK, Chartrand MM, Lacrampe-Couloume G, Lollar BS, Spain JC, Gpssett J M. Proteomic and transcriptomic analyses reveal genes upregulated by cis-dichloroethene in *Polaromonas* JS666. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 11: 3733-3744.
- [20] Hyun-Ju Kim, Randeep Rakwal, Junko Shibato, Iwahashi H, Choi JS, Kim DH. Effect of textile wastewaters on *Saccharomyces cerevisiae* using cDNA microarray as a tool for genome-wide transcriptomics analysis. *Water Research*, 2006, 40: 1773-1782.
- [21] Urich T, Lanzen A, Qi J, Huson DH, Schleper C, Schuster FSC. Simultaneous assessment of soil microbial community structure and function through analysis of the meta-transcriptome. *PLoS ONE*, 2008, 3 (e2527): 1-13.
- [22] Wilkins MR, Sanchez JC, Gooley AA, Appel RD, Humphery SI, Hochstrasser DF, Williams KL. Progress with proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. *Biotechnology Genetic Engineering Reviews*, 1995, 13: 19-50.
- [23] Santos PM., Benndorf D, Sa-Correia I, Insights into *Pseudomonas putida* KT2440 response to phenol-induced stress by quantitative proteomics. *Proteomics*, 2004, 4: 2640-2652.
- [24] Kim YH, Cho K, Yun SH, Kim JY, Kwon KH, Yoo JS, Kim SI. Analysis of aromatic catabolic pathways in *Pseudomonas putida* KT 2440 using a combined proteomic approach: 2DE/MS and cleavable isotope-coded affinity tag analysis. *Proteomics*, 2006, 6: 1301-1318.
- [25] Kim SJ, Kweon O, Jones RC, Ricky DE, Cerniglia CE. Genomic analysis of polycyclic aromatic hydrocarbon degradation in *Mycobacterium vanbaalenii* PYR-1. *Biodegradation*, 2008, 19: 859-881.
- [26] 雷欢. 一株鞘氨醇单胞菌对多环芳烃的降解特性及非降解途径研究. 厦门大学硕士学位论文, 2008.
- [27] Benndorf D, Balcke GU, Harms H, von Bergen. Functional metaproteome analysis of protein extracts from contaminated soil and groundwater. *International Society for Microbial Ecology*, 2007, 1: 224-234.
- [28] Wilmes P, Wexler M, Bond PL. Metaproteomics provides functional insight into activated sludge wastewater treatment. *PLoS ONE*, 2008, 3(3): e1778.
- [29] 龙娟, 杨晓红, 于桂宝. 微生物蛋白组学的发展及前景. *生物技术通报 (Biotechnology Bulletin)*, 2006, 12: 91-94.
- [30] Oliver S. Yeast as a navigational aid in genome analysis. *Microbiology*, 1997, 143: 1483-1487.
- [31] Goodacre R, Vaidyanathan S, Warwick B, Dunn, Harrigan GG, Kell DB. Metabolomics by numbers: acquiring and understanding global metabolite data. *Trends in Biotechnology*, 2004, 22: 245-252.
- [32] Qing-zhao Wang, Chan-yuan Wu, Tao Chen, Xun Chen, Xue-ming Zhao. Integrating metabolomics into systems biology framework to exploit metabolic complexity: strategies and applications in microorganisms. *Applied Microbiology Biotechnology*, 2006, 70: 151-161.
- [33] Taylor J, King RD, Altmann T, Fiehn O. Application of metabolomics to plant genotype discrimination using statistics and machine learning. *Bioinformatics*, 2002, 18: 241-248.
- [34] 董玲玲, 柴逸峰, 曹颖瑛, 朱臻宇. 微生物代谢组学的前处理及分析技术. *微生物学通报 (Microbiology)*, 2009, 36: 1882-1887.
- [35] Moody JD, Freeman JP, Doerge DR, Cerniglia CE. Degradation of Phenanthrene and Anthracene by Cell Suspensions of *Mycobacterium* sp. Strain PYR-1. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67: 1476-1483.
- [36] Boersma MG, Solyanikova I, Van Beakel WJH, Vervoort J, Golovleva L, Rietjens IMCM. 19F NMR metabolomics for the elucidation of microbial degradation pathways of fluorophenols. *Industrial Microbiology and Biotechnology*, 2001, 26: 22-34.
- [37] Keum YS, Seo JS, Qing XL, Kim JH. Comparative metabolomic analysis of *Sinorhizobium* sp. C4 during the degradation of phenanthrene. *Applied Microbiology Biotechnology*, 2009, 80: 863-872.
- [38] Wiechert W, Schweissgut O, Takanaga H, Wolf B, Frommer WB. Fluxomics: mass spectrometry versus quantitative imaging. *Current Opinion Plant Biology*, 2007, 10: 323-330.
- [39] Tang YJ, Martin HG, Dehal PS, Deutschbauer A, Llorca

X, Meadows X, Arkin A, Keasling JD. Metabolic flux analysis of *Shewanella* spp. Reveals evolutionary

robustness in central carbon metabolism. *Biotechnology & Bioengineering*, 2009, 102: 1161-1169.

## Application of “omics” in bioremediation – A review

Yihua Lv<sup>1</sup>, Yun Tian<sup>1\*</sup>, Tianling Zheng<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Key Laboratory of the Ministry of Education for Coastal and Wetland Ecosystems, School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China

<sup>2</sup>State Key Laboratory of Marine Environmental Science, Xiamen University, Xiamen 361005, China

**Abstract:** Environmental pollutants are a major concern worldwide. Bioremediation mediated by microorganisms is a highly promising technology that is environmentally friendly, safe and effective. However, successful execution of these bioremediation strategies requires a complete understanding of factors governing the growth, metabolism, dynamics and functions of indigenous microbial communities at contaminated sites. The combination of genomics, transcriptomics, proteomics and metabolomics has provided a crucial insight into microbial communities and their mechanisms in bioremediation of polluted environment. This current review is focused on application of these technologies in bioremediation at contaminated sites. Limitations of each “-omics” analysis are briefly discussed and integration of these “-omics” technologies in study the processes of harmful algal bloom and the microbial degradation metabolism of organic pollutants are presented.

**Keywords:** genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, bioremediation

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the National Programs for High Technology Research and Development of China (2008AA09Z408), by the National Natural Science Foundation of China (40976069, 40930847), and by the program of innovation research of Shenzhen and Hong Kong (08Lh-04)

\* Corresponding authors. Tel: +86-592-2184866; Fax: +86-592-2184528, E-mail: tianyun@xmu.edu.cn (Tian Y); Tel: +86-592-2183217; Fax: +86-592-2184528, wshwzh@xmu.edu.cn (Zheng TL)

Received: 27 Septembr 2010/Revised: 9 December 2010

### 《微生物学报》审稿程序

问: 贵刊的审稿程序是怎样的? 一般多长时间可以知道稿件是否被录用?

答: 本刊严格遵守“三审制”, 即: 编辑部内审, 专家外审, 主编总审。从投稿日期开始, 争取在 2 个月之内给出审稿结果, 5-7 个月之内发表。

- (1) 收到来稿后, 首先将请 2 位专家进行初审, 再送主编进行最后的总审, 这个过程一般不会超过 2 个月。如果初审 2 位专家的意见分歧较大, 编辑部将再请第 3 位专家进行初审, 之后再送主编总审, 那么此稿的审理时间可能会超过 2 个月。
- (2) 完成审稿后(即主编给出总审意见), 编辑会给作者发出 E-mail 告知修改意见(包括学术上的和写作格式上的)。作者在返回修改稿后, 经本刊审核合格后方可被录用。

在此提醒作者, 在没有完成全部审稿之前, 不要在远程系统中看到初审意见时就急于返回修改稿件。