

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
50(4):438-443; 4 April 2010
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q
<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>

微生物生态系统代谢网络研究进展

许玫英^{1,2,3}, 孙国萍^{1,2,3}, 郭俊^{1,2,3*}

(¹ 广东省微生物研究所, 广州 510070)

(² 广东省菌种保藏与应用重点实验室, 广州 510070)

(³ 广东省微生物应用新技术公共实验室, 广州 510070)

摘要:微生物生态系统代谢网络是自然生态系统中微生物遗传分子发挥功能作用的主要形式。本文通过全面介绍微生物生态系统代谢网络的特点及其研究的重要意义,综述了基于共培养技术、免培养高通量技术和计算生物学模拟技术的微生物生态系统代谢网络研究进展和所取得的主要发现,以及近年来快速发展的微生物生态系统代谢网络研究技术和方法体系。在此基础上,提出目前微生物生态系统代谢网络研究中存在的主要问题和重点研究方向,并对其在环境污染治理和资源化利用方面的应用潜力进行了展望。

关键词:微生物生态系统代谢网络; 共培养技术; 高通量技术; 计算生物学

中图分类号: Q938 **文献标识码:** A **文章编号:** 0001-6209 (2010) 04-0438-06

1 微生物生态系统代谢网络及其研究的重要性

微生物的活动是一切生物地球化学循环的基础,在全球生态系统物质和能量循环中扮演着重要的角色^[1]。微生物生态系统代谢网络 (Microbial eco-systems metabolic networks, MEMNs) 是指以微生物细胞为节点有序组合而成的生物界的一种无尺度网络,是自然生态系统中微生物及其基因组发挥功能活性的主要形式。在该网络中,大部分的微生物只参加一种或两种反应,表现出一种或两种生理功能,但少数微生物则参与多种反应,表现出多种生理功能,形成代谢网络的核心微生物群系。在自然生态系统中,微生物的种类繁多、遗传背景复杂,而且在丰度和空间上呈不均匀分布,菌群结构和功能活性随着环境中生物、物理和化学因素的改变而演替。

大量的研究发现,当微生物以群落的形式组成代谢网络发挥作用时,其特定遗传组分得以协调表达,抵抗外来冲击的能力明显提高,其功能和活力是单一菌株或菌属所无法比拟的。

微生物生态系统代谢网络研究是客观全面认识微生物系统不可缺少的一部分,是全局系统微生物生态学 (Global ecosystems microbiology) 的重要基础,也是系统生物学 (Systems biology) 的一个重要组成部分。从基于分子水平的遗传学,以及生态学的角度系统地研究微生物群落代谢网络,将全面真实地揭示环境微生物群体生命活动的法则,阐明微生物之间能量和物质传递规律,从宏观上把握微生物的遗传代谢和生理表型的协同关系,进一步挖掘和发现微生物的潜力,为与微生物活动相关的底物的利用和产物的合成提供理论分析的依据和实际操作的指导,从而为正确处理微生物技术中人的主观愿

基金项目:广东省自然科学基金研究团队项目 (9351007002000001); 国家水体污染控制与治理科技重大专项 (2008ZX07211-007, 2009ZX07211-009); 国家“863 计划”项目 (2006AA06Z322); 国家自然科学基金 (30500009, 30670020); 广东省科学院优秀青年人才基金 (200902); 广东省教育部产学研合作引导项目 (2009B090300300299); 广东省科技计划项目 (2007A032400003); 粤港关键领域重点突破招标项目 (2007A020903001)

* 通信作者。Tel/Fax: +86-20-87682700; E-mail: guojun@gzb.ac.cn

作者简介:许玫英 (1974-), 女, 广东饶平人, 研究员, 主要从事环境微生物生理生态学及环境污染治理研究。E-mail: xumy@gdim.cn

收稿日期: 2009-11-09; **修回日期:** 2010-01-18

望与微生物生命活动的客观规律之间的对立统一关系提供科学理论指导。

2 微生物生态系统代谢网络研究进展及其发现

2.1 基于共培养技术的微生物生态系统代谢网络研究

由于受微生物遗传信息和技术手段等条件的限制,早期的共培养研究主要是集中在对两种微生物之间的相互作用关系,很少涉及3种以上微生物的研究。近年来,越来越多的模式微生物菌种完成了全基因组测序工作,使单一菌种水平的系统生物学研究达到模拟和可控阶段,为发现和阐明微生物代谢特点或者微生物间的相互协同作用关系提供了宝贵的证据,有力地促进了微生物代谢理论的发展。去年,日本学者 Kato 与其合作者采用共培养技术,分析了所富集到一个由四种细菌组成的降解纤维素的稳定菌群中这些细菌的生长动力学特点及其代谢相关性,发现第三种细菌的存在将明显弱化前两个细菌之间的相互作用,从而维持了整个微生物菌群结构的稳定性^[2]。葡萄牙学者则对所富集到的一个能降解矿化杀草剂草达灭的稳定菌群中的五种细菌进行不同组合的共培养,研究这些细菌在不同组合中的代谢特点及其相互作用关系,发现尽管该菌群中 *Gulosibacter molinivorax* ON4 和 *Pseudomonas strain* ON1 这两株细菌共同存在时已足以对草达灭进行降解,但菌群中其它微生物的存在将明显增强群落的稳定性和降解效率^[3]。

尽管,基于共培养技术的微生物生态系统代谢网络研究在阐明微生物之间的相互作用关系方面取得了许多新的发现,但是,由于目前可实现人工培养

的微生物仅为自然界中实际存在微生物数量的 0.01% - 0.1%^[46],仅仅采用共培养方法研究微生物生态系统的代谢特点远远无法全面地反映代谢网络的真实状况。

2.2 基于高通量技术的微生物生态系统代谢网络研究

基于免培养条件的高通量技术的发展,在很大程度上推动了人们对自然生态系统中微生物群落结构及其功能特点的认识。2004年, Venter 及其合作者首次采用全基因组鸟枪测序技术分析位于西印度群岛东北部马尾藻海海水中的微生物群落组成特点^[7]。随后, Tringe 与其合作者再次采用高通量测序技术,分析比较了取自陆地和海洋多种环境样品的微生物群落结构组成的差异^[8]。对于较简单的生态系统,目前所建立的宏基因组测序技术已经足以完成生态系统中主要菌群的基因组测序任务,根据这些基因信息人们可以通过代谢重建分析生态系统中微生物菌群不同菌种的代谢特点及其协同作用关系。美国加州大学伯克利分校的 Tyson 及其合作者们对矿山酸性排水系统中生物膜的微生物群落组成进行分析及代谢重建就是一个成功的典范^[9]。近期,美国俄克拉荷马大学环境基因组学研究中心则采用自主开发的功能基因芯片 (GeoChip) 对铀污染地下水系统生物修复过程^[10]、海洋底泥^[11]和热液烟卤^[12]中的微生物功能特点进行监测,发现并鉴定了不同生态系统中影响微生物群落结构功能组成的主要因素。最近,该团队进一步利用该技术研究了全球变化条件下土壤微生物群落结构组成和代谢特点及其反馈机制。表1中列举了目前利用高通量技术研究微生物生态系统代谢网络的典型例子。

表1 列举了目前利用高通量技术研究微生物生态系统代谢网络的典型例子

Table 1 The examples for microbial eco-systems metabolic network studies using high throughput technologies

Samples	Objectives	High throughput technologies	References
Sea water	Oceanic microbial diversity	Whole-genome shotgun sequencing	[7]
Terrestrial and marine	The metabolic capabilities of terrestrial and marine microbial communities	Largely unassembled sequence data obtained by DNA shotgun sequencing	[8]
Acid mine drainage	Microbial activity in the acid mine drainage microbial biofilm	Random shotgun sequencing and reconstruction of multiple genomes	[9]
U(VI) contaminated groundwater	Microbial community and functional structures during bioremediation	DNA microarray and clone libraries	[10]
Deep-sea hydrothermal vent chimneys	Microbial community functional structure and metabolic diversity	GeoChip 2.0 and clone libraries	[12]
Soil	The structure, composition, activity and feedback response of the belowground microbial community to elevated CO ₂	GeoChip3.0 and 454 pyrosequencing	#

He Z, Xu M, Deng Y, et al., Metagenomic analysis reveals a marked divergence in the functional structure of belowground microbial communities at elevated CO₂, Ecology Letter, accepted.

2.3 基于计算生物学代谢重建的微生物生态系统代谢网络研究

高通量、高信息量技术的应用为研究微生物群落结构及其代谢网络特点提供了大量的信息。如何准确地分析和处理这些数据,是研究微生物生态系统代谢网络特点的另一个挑战。过去几十年在大尺度生态学研究广泛应用的多元分析统计方法和近 20 年快速发展的计算生物学在微生物生态学研究中的成功应用,在很大程度上拓展了人们对微生物生态系统代谢网络的认识。

计算生物学家们采用大量的统计分析和计算方法结合代谢重建技术,研究了代谢网络的拓扑特点及其空间尺度^[13]、调控性^[14]、普遍性^[15]和适应性^[16-17]等功能特点。然而,由于缺乏微生物生态学研究理论的指导,早期所建立的数学模型往往只强调代谢网络本身的功能和动力学特点,而忽略了外界环境条件的影响作用。为了更真实地反映环境条件对微生物生态系统代谢网络的影响,英国东英格伦大学环境科学学院 Willian 和 Lenton 在实验室模拟条件下建立了一个研究环境高度调控条件下微生物生态系统进化机制的模型,发现微生物的环境调控机制与进化理论相一致^[18]。最近,以色列学者 Freilich 与其合作者们则采用大尺度计算方法研究了 113 株细菌的生长速率与生态环境的相关性,发现在复杂的竞争条件下,代谢多样性往往伴随着菌体的快速生长^[19]。美国斯坦福大学生物系的 Borenstein 和 Feldman 则通过重建包含有 569 株细菌和几种真核生物的代谢网络,采用生物合成为基础的新型成对拓朴分析方法研究不同细菌间及细菌与宿主间的相互作用关系,发现细菌选择了共生方式之后将丧失很多生物合成功能^[20]。

3 应用于微生物生态系统代谢网络研究的新技术

3.1 研究微生物群落结构特点的免培养技术

认识微生物生态系统代谢网络特点的首要条件是了解构成网络的微生物群落结构。建立在 PCR 技术基础上的变性梯度凝胶电泳(DGGE)、末端限制性酶切片长度多态性技术(T-RFLP)和单链构象多态性分析(SSCP)等免培养微生物分子生态学技术,在一定程度上促进了人们对微生物群落结构的认识^[21]。然而由于这些方法所提供的信息量很有限,很难反映复杂微生物生态系统的真实面貌。

近年来飞速发展的高通量测序技术为进一步了

解复杂微生物群落结构特征提供了很多便利。目前认识微生物菌群结构最常用方法是使用微生物特异性引物进行系统发育标记分子(phylogenetic marker,如 16S rDNA)的扩增,通过测定其序列来识别菌群的物种组成,并定量其相对丰度。混合菌群总 DNA 的宏基因组测序技术是研究菌群结构信息的另一个重要方法^[7-8]。这个技术手段与 16S rDNA 相结合,不仅能得到物种水平的信息,还能够对基因的结构功能水平进行解析与比较。随着该技术手段的应用,人们对复杂生态环境中重要微生物菌群结构和功能的认识取得了一系列的重大突破^[22-24]。

3.2 研究微生物群落功能特点的基因芯片技术

基因芯片技术通过高通量的 DNA-DNA 杂交来检测目标微生物基因的存在及其相对含量,并推断微生物菌群结构组成与功能。该技术在很多情况下可以简化基因测序的流程,降低实验费用。根据目标基因的不同,基因芯片可分为 16S rDNA 和功能基因两类。16S rDNA 基因芯片主要以美国加州大学 Berkeley 分校 Brodie 小组为代表^[25],而功能基因芯片则以美国俄克拉荷马大学环境基因组研究中心 Zhou 所带领的研究团队为代表^[26]。这些基因芯片技术在分析复杂生态系统的微生物菌群结构和功能特点方面体现出明显的优势。

目前,基因芯片在复杂微生物群落结构与功能分析的两个主要缺点是:(1)由于无法直接获取 DNA 序列,只能对目标 DNA 进行相对数量的比较;(2)只能用于检测已知的基因片断,而无法发现未知基因^[27]。随着可供参考的基因组信息的急剧增加,针对某一特定菌群设计的、低成本的基因芯片将得到迅速开发与应用。更重要的是,当基因芯片和高通量测序相结合时,将为分析复杂菌群结构和功能特点提供强有力的工具^[28]。

3.3 研究微生物群落代谢特点的稳定性同位素标记技术

稳定性同位素标记技术(Stable isotope probing, SIP)在微生物生态系统代谢网络研究中的应用是通过向微生物生态系统中引入标记上稳定性同位素的底物^[29]或电子供体^[30],同时结合高通量技术,跟踪监测这些元素在微生物脂肪酸或核酸等生物大分子中的迁移转化情况,从而鉴定出生态系统中参与所标记物质代谢或呼吸的主要微生物组成及其代谢特点。该技术与高通量技术相结合还在很大程度上促进了功能性微生物新菌株的发现和鉴定^[31-32]。尽

管稳定性同位素标记技术早已应用于生物圈的物质转化和循环研究中,并且表现出其特有的优势^[33],但由于所获得的已标记上稳定性同位素的生物大分子的量很难满足高通量技术的需求,因此在很大程度上限制了该技术在微生物生态系统代谢网络研究中的应用。为了克服这一难题,在进行高通量分析之前研究者们往往先对所获得的有限的核酸样品进行多级扩增提高样品量^[34-35],或者通过对所研究的微生物菌群进行富集培养后再提取待分析的目标样品^[29,36],以满足高通量分析的需要。

4 微生物生态系统代谢网络研究中的问题及展望

4.1 全局性微生物生态系统代谢网络研究方法亟待建立

由于自然生态系统中干扰生物代谢的因素相当多,目标底物通常与其它物质混杂在一起,目标底物的降解转化往往是包括土著微生物在内的多种微生物协同作用的结果,其复杂程度是实验室条件所难以模拟的,因此,在实验室模拟条件下所获得到的实验数据与实际情况通常存在较大的偏差^[24]。为了真实地反映微生物的作用和功能,必须将所研究的微生物与实际生态系统紧密结合,从微观的群落结构、生态功能、细胞间的相互作用,到宏观的与环境条件的相关性等多角度、多层面的研究^[37]。因此,结合微生物本身的特性,参考和借助宏观生态学研究中的成熟方法体系,进一步发展和完善能全面反映微生物代谢特点与环境条件变化相关性的全局性微生物生态系统代谢网络研究方法体系,是目前微生物生态系统代谢网络研究所面临的主要技术问题。

4.2 针对生态环境中持久性有机污染修复的微生物生态系统代谢网络研究尚未开展

伴随着经济的快速发展,持久性有机污染物在自然生态系统中大面积的迁移和积累,给生态环境安全造成很大的隐患。微生物以其高效的物质转化能力和活跃的环境适应性将在持久性有机污染修复中发挥着重要作用。然而,由于持久性有机污染物特殊的理化性质及其所处生态环境的复杂性,在很大程度上限制了这类污染环境修复中微生物生态系统代谢网络研究的开展。在挖掘和发现持久性有机污染物高效降解功能微生物的基础上,利用已建立的微生物生态系统代谢网络研究方法,将实验室模拟与现场试验结果相结合,研究持久性有机污染修复的微生物生态系统代谢网络特点,不仅是微生物学研究的重要组成部分,也将有效地解决当前严峻

的持久性有机污染问题。目前,研究者针对广东省典型的溴代阻燃剂污染问题,已分离富集到多个高效的溴代阻燃剂降解菌株和菌群,并且采用共培养技术开展了这些降解菌与重要环境微生物之间的协同作用关系研究,为下一步研究溴代阻燃剂的脱毒降解微生物生态系统代谢网络特点奠定了良好的基础。

4.3 基于微生物能量转化的厌氧微生物生态系统代谢网络研究是重要的发展方向

随着化石燃料价格的飙升和全球变暖的加剧,环境生物技术逐渐从传统的单纯消除污染转变为资源化利用的理念^[38]。当污染环境中存在 O_2 或 NO_3^- 等具有较高氧化还原电位的电子受体时,目标底物被彻底矿化的同时往往伴随着菌体细胞的快速生长而储存能量。当污染环境中不存在外来的电子受体时,微生物只能同时利用目标底物作为电子供体和受体进行厌氧发酵产生生物能源或者将目标底物转化成其它有利用价值的化合物。在低能耗的条件下对污染物进行有效治理的同时实现资源化利用将是今后污染治理的重要方向。利用已建立的微生物生态系统代谢网络研究方法分析微生物群落厌氧转化污染物的相互协同作用关系及其代谢和能量传递网络特点,进一步挖掘微生物在污染治理及产能方面的潜力,实现污染物的资源化利用,不仅是微生物生态系统代谢网络研究的重要发展方向,也将在解决当今迫在眉睫的环境污染和资源短缺问题上具有重要的理论和现实意义。

5 结语

微生物生态系统代谢网络作为微生物细胞之间、以及微生物与外部环境之间进行物质转化、能量传递和信息交流的主要形式而客观存在于自然生态系统中。只有充分地认识和掌握微生物生态系统代谢网络的分子基础和综合表型特征的特点和规律,才能真正有效地利用和发挥微生物的功能活性为人类服务。

参考文献

- [1] Morgan JA, Ecology: Looking beneath the surface. *Science*, 2002, 298:1903-1904.
- [2] Kato S, Haruta S, Cui ZJ, et al. Network relationships of bacteria in a stable mixed culture. *Microbial Ecology*, 2008, 56:403-411.
- [3] Barreiros L, Fernandes A, Ferreira ACS, et al. New insights into a bacterial metabolic and detoxifying association responsible for the mineralization of the thiocarbamate herbicide molinate. *Microbiology*, 2008, 154:1038-1046.

- [4] Curtis TP, Sloan WT. Prokaryotic diversity and its limits: microbial community structure in nature and implications for microbial ecology. *Current Opinion in Microbiology*, 2004,7:221-226.
- [5] Curtis TP, Sloan WT, Scannell JW. Estimating prokaryotic diversity and its limits. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2002, 99: 10494-10499.
- [6] Dykhuizen DE. Santa revisited: Why are there so many species of bacteria?. *Antonie van Leeuwenhoek*, 1998, 73: 25-33.
- [7] Venter JC, Remington K, Heidelberg JF, et al. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science*, 2004, 304: 66-74.
- [8] Tringe SG, von Mering C, Kobayashi A, et al. Comparative metagenomics of microbial communities. *Science*, 2005, 308: 554-557.
- [9] Tyson GW, Chapman J, Hugenholtz P, et al. Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment. *Nature*, 2004, 428: 25-26.
- [10] Waldron PJ, van Nostrand JD, Watson DB, et al. Functional gene array-based analysis of microbial community structure in groundwaters with a gradient of contaminant levels. *Environmental Science & Technology*, 2009, 43: 32529-3534.
- [11] Wu L, Kellogg L, Devol AH, et al. Microarray-based characterization of microbial community functional structure and heterogeneity in marine sediments from the gulf of Mexico. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74: 4516-4529.
- [12] Wang F, Zhou H, Meng J, et al. GeoChip-based analysis of metabolic diversity of microbial communities at the Juan de Fuca Ridge hydrothermal vent. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2009, 106: 4840-4845.
- [13] Jeong H, Tombor B, Albert R, et al. The large-scale organization of metabolic network. *Nature*, 2000, 407: 651-654.
- [14] Stelling J, Klamt S, Bettenbrock K, et al. Metabolic network structure determines key aspects of functionality and regulation. *Nature*, 2002, 420: 190-193.
- [15] Smith E, Morowitz H. Universality in intermediary metabolism. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2004, 101: 13168-13173.
- [16] Borrenstein E, Kupiec M, Feldman M, et al. Large-scale reconstruction and phylogenetic analysis of metabolic environments. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2008, 105: 14482-14487.
- [17] Kreimer A, Borenstein E, Gophna U, et al. The evolution of modularity in bacterial metabolic networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2008, 104: 19392-19397.
- [18] Willian H, Lenton T. Environmental regulation in a network of simulated microbial ecosystems. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 2008, 105: 10432-10437.
- [19] Freilich S, Kreimer A, Borenstein E, et al. Metabolic-network-driven analysis of bacterial ecological strategies. *Genome Biology*, 2009, 10: R61.
- [20] Borenstein E, Feldman MW, Topological signatures of species interactions in metabolic networks. *Journal of Computational Biology*, 2009, 16: 191-200.
- [21] Wallenstein MD, Myrold DD, Firestone M, et al. Environmental controls on denitrifying communities and denitrification rates: insights from molecular methods. *Ecological Application*, 2006, 16: 2143-2152.
- [22] Eisen JA, Environmental shotgun sequencing: its potential and challenges for studying the hidden world of microbes. *PLoS Biology*, 2007, 5: e82.
- [23] Raes J, Foerster KU, Bork P. Get the most out of your metagenome sequence data. *Current Opinion in Microbiology*, 2007, 10: 490-498.
- [24] Raes J, Bork P. Molecular eco-systems biology: towards and understanding of community function. *Nature Reviews Microbiology*, 2008, 6: 693-699.
- [25] Brodie EL, DeSantis TZ, Joyner DC, et al. Application of a high-density oligonucleotide microarray approach to study bacterial population dynamics during uranium reduction and reoxidation. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72: 6288-6298.
- [26] He Z, Gentry TJ, Schadt CW, et al. GeoChip: a comprehensive microarray for investigating biogeochemical, ecological and environmental processes. *The ISME Journal*, 2007, 1: 67-77.
- [27] Zhou J. Microarrays for bacterial detection and microbial community analysis. *Current Opinion in Microbiology*, 2003, 6: 288-294.
- [28] Mardis ER. The impact of next-generation sequencing technology on genetics. *Trends in Genetics*, 2008, 24: 133-41.
- [29] Sul WJ, Park J, Quensen III JF, et al. DNA-stable isotope probing integrated with metagenomics: retrieval of biphenyl dioxygenase genes from PCB-contaminated river sediment. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75: 5501-5506.
- [30] Kittelmann S, Friedrich MW. Identification of novel perchloroethene-respiring microorganisms in anoxic river sediment by RNA-based stable isotope probing. *Environmental Microbiology*, 2008, 10: 31-46.
- [31] Radajewski S, Ineson P, Parekh NR, et al. Stable-isotope probing as a tool in microbial ecology. *Nature*, 2000, 403: 646-649.
- [32] Radajewski S, Webster G, Reay DS, et al. Identification of active methyloph populations in an acidic forest soil by stable isotope probing. *Microbiology*, 2002, 148: 2331-2342.

- [33] Little AEF, Robinson CJ, Peterson SB, et al. Rules of engagement; interspecies interactions that regulate microbial communities. *Annual Reviews -Microbiology*, 2008,62;375-401.
- [34] Chen Y, Dumont MG, Neufeld JD, et al. Revealing the uncultivated majority; combining DNA stable-isotope probing, multiple displacement amplification and metagenomic analyses of uncultivated *Methylocystis* in acidic peatlands. *Environmental Microbiology*, 2008, 10; 2609-2622.
- [35] Dumout MG, Radajewski SM, Miguez CB, et al. Identification of a complete methane monooxygenase operon from soil by combining stable isotope probing and metagenomic analysis. *Environmental Microbiology*, 2006,8; 1240-1250.
- [36] Kalyuzhnaya MG, Lapidus A, Ivanova N, et al. High-resolution metagenomics targets specific functional types in complex microbial communities. *Nature Biotechnology*, 2008,26; 1029-1034.
- [37] Hector A, Bagchi R. Biodiversity and ecosystem multifunctionality. *Nature*, 2007,448;188-190.
- [38] Rodriguez J, Lema JM, Kleerebezem R. Energy-based models for environmental biotechnology. *Trends in Biotechnology*, 2008,26; 366-374.
- [39] Lovley DR. Microbial fuel cells; novel microbial physiologies and engineering approaches. *Current Opinion in Biotechnology*, 2006,17; 327-332.

Advances in microbial eco-systems metabolic network study—A review

Meiying Xu^{1,2,3}, Guoping Sun^{1,2,3}, Jun Guo^{1,2,3*}

(¹Guangdong Institute of Microbiology, Guangzhou 510070, China)

(²Guangdong Provincial Key Laboratory of Microbial Culture Collection and Application, Guangzhou 510070, China)

(³Guangdong Open Laboratory of Applied Microbiology, Guangzhou 510070, China)

Abstract: Microbial eco-systems metabolic networks (MEMNs) are ubiquitous in nature and are the major drivers of biosphere processes. Here we try to define MEMNs and describe their significances in microbial ecology studies. We also review recent progresses and approaches of MEMNs including highlights of the major discoveries in these studies based on mixed-cultures, high-throughput sequencing and microarray data, computational approaches, and metabolic reconstruction. In addition, we discuss the potential shortcomings of current approaches and propose that the time is ripe to study the energy-based microbial metabolic networks in bioremediation systems, especially under the anaerobic conditions, which will reclaim the wastes to resources.

Keywords: Microbial eco-system metabolic network; mixed-culture; high-throughput techniques; computational biology

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the Teamwork Project of the Natural Science Foundation of Guangdong Province (9351007002000001), the National Major Projects on Control and Rectification of Water Body Pollution (2008ZX07211-007, 2009ZX07211-009), the Chinese National Programs for High Technology Research and Development (2006AA06Z322), the Chinese National Natural Science Foundation (3050009, 30670020), Outstanding Scholarship Foundation of Guangdong Academy of Sciences (200902), the Guangdong Provincial Programs for promoting the integration of production, teaching and research (2009B090300300299), the Guangdong Provincial Programs for Science and Technology development (2007A032400003), the Guangdong-Hongkong Technology Cooperation Funding (2007A020903001)

* Corresponding author. Tel/Fax: +86-20-87682700; E-mail: guojun@gzb.ac.cn

Received: 9 November 2009/ Revised: 18 January 2010