

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
55(1):1-11; 4 January 2015
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q
<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>
doi: 10.13343/j.cnki.wsxb.20140237

高温放线菌科最新研究进展

鲜文东¹, 明红¹, 李文均^{1,2*}

¹ 云南大学, 云南省微生物研究所, 西南微生物多样性教育部重点实验室, 云南 昆明 650091

² 中山大学生命科学大学院, 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广东 广州 510275

摘要: 高温放线菌科 (*Thermoactinomycetaceae*) 是一个古老而又年轻的微生物类群。目前其分类地位为: 细菌域 (Domain *Bacteria*), 厚壁菌门 (Phylum *Firmicutes*), 芽孢杆菌纲 (Class *Bacilli*), 芽孢杆菌目 (Order *Bacillales*), 高温放线菌科。经过一个多世纪, 尤其是近十年广泛而深入地研究, 该类群已拓展到 14 个属 25 个种。这些资源广泛分布在陆生性热泉、高温大曲、堆肥、稻草、甘蔗渣等高温场所, 同时在海洋沉积物和临床来源也有发现, 该类群微生物有抗性的内生孢子可在土壤、水或海洋基质中存活。高温放线菌科具有较大的药物开发和工业应用潜力, 因此得到学者的广泛关注。本文综述了高温放线菌科的分类学研究进展与生态多样性, 并介绍了其在药物开发和工业生产中的应用潜力。

关键词: 高温放线菌科, 分类, 生态多样性, 应用

中图分类号: Q939 文章编号: 0001-6209(2015)01-0001-11

高温放线菌科 (*Thermoactinomycetaceae*) 在形态学上接近放线菌, 但分子分类上更接近于细菌, 过去很多学者认为它是一个典型的介于细菌和放线菌之间的特殊类群。该类群的特征是除个别种为中温生长外, 多数在高温下生长, 能形成气生菌丝和基内菌丝, 或者只形成基内菌丝^[1]。气生菌丝生长丰富, 呈现白色或黄色; 基内菌丝成熟时表现为分枝状, 并形成隔膜; 在气生菌丝和基内菌丝上均形成单一的内生孢子, 这些内生孢子无柄, 或由简单、分枝的孢子柄支持^[1]。该科微生物为革兰氏阳性、化能异养、好氧菌^[2], 在自然界中广泛分布, 常见于高温环

境, 如陆生性热泉^[3]、高温大曲^[4]、堆肥、稻草、甘蔗渣等, 内生孢子具有抗性, 可在土壤、水或海洋基质中存活^[5-6]。另外, 在海洋沉积物、疑似肺结核病人唾液中也能够分离到高温放线菌科的相关菌株^[7-8]。

高温放线科产生的次级代谢产物种类与生物活性物质具有其独特的性质。如嗜中温皂硫-洛克菌 (*Mechercharimyces mesophilus*) 产生的 mechercharmycin A 有很强的抗肿瘤活性^[9]。但有些种又会给人类和动物带来危害, 例如 20 世纪 80、90 年代在我国沿两河流域, 气候温热、潮湿的地区

基金项目: 科技部国际合作专项 (2013DFA31980); 云南省自然科学基金重点项目 (2013FA004)

* 通信作者。Tel/Fax: +86-871-65033335; E-mail: wjli@ynu.edu.cn, liact@hotmail.com

作者简介: 鲜文东 (1987-), 男, 甘肃天水人, 硕士研究生, 研究方向为高温放线菌资源及其应用价值评估。E-mail: xianwendongwy@163.com

收稿日期: 2014-05-07; 修回日期: 2014-07-14

爆发的外源性过敏性肺炎类疾病:农民肺(Farmer's Lung Disease)^[10],其主要病原菌就是高温放线菌科的普通高温放线菌(*Thermoactinomyces vulgaris*)^[11-12]。另外,朱国东等^[13]还在 *Laceyella* RHA1 中分离到了具有高活性的 α -淀粉酶。由于高温放线菌科微生物分布广、耐高温、生长快,因此具有潜在的、重要的应用价值和理论意义^[14]。本文对高温放线菌科的最新研究进展进行了综述,并对一些仍未澄清的问题进行了初步探讨。

1 高温放线菌科的建立及有效发表的属

1.1 高温放线菌科的建立

高温放线菌最早由 Tsilinsky (1899) 作为一个属来描述。高温放线菌当时建属的主要依据是形态学特征和生理生化特征,2000 年以前有效发表的 8 个种也主要是依据这两个方面的特征分类。2002 年李文均等^[14]在深入分析前人工作的基础上,对该类群分类研究的成果和未澄清的问题做了有价值的探讨,提出仅依据形态学和生理生化分析对一个种或属进行分类地位的确定是不够的,必须综合其表型、基因型及系统进化分析等多相分类的结果来进行,并建议将该类群暂时定位于放线菌类群中的未定单元内。

2002 年韩国学者 Yoon 等将当时高温放线菌属内成员由之前的 8 个修正到 6 个,2005 年 Yoon 又对该属已发表的 6 个种做了分类地位的重新调整,次年日本学者 Matsuo 等建立高温放线菌科。目前该科已有 14 个属 25 个种有效发表。其分类地位的确定和所有微生物类群一样,经历了一个漫长的发展过程:由早期的根据形态学和生理学特征分类为主,到后来的化学分类,再到 20 世纪 80 年代末兴起的分子分类,分类越来越细致,越来越趋向合理^[15]。《伯杰氏系统细菌学手册》(第 2 版)第 3 卷(2009)^[1]定义高温放线菌科分类地位为:细菌域(Domain Bacteria),厚壁菌门(Phylum Firmicutes),芽胞杆菌纲(Class Bacilli),芽胞杆菌目(Order Bacillales),高温放线菌科(Family Thermoactinomycetaceae)。

该类群的特征是好氧,除嗜中温皂硫-洛克菌(*Mechercharimyces mesophilus*)、无孢子皂硫-洛克菌(*Mechercharimyces asporophorigenens*)、韩国生工岛津氏菌(*Shimazuella kribbensis*)、中温海洋丝状菌(*Marininema mesophilum*)和嗜脲高温放线菌(*Thermoactinomyces peptonophilus*) (后来被调整为 *Seinonella peptonophila*)^[16] 5 个种为中温菌外,其余种均为嗜热菌,大多最适生长温度范围在 45 - 55℃。而且,该类群的大多数成员在气生菌丝和基内菌丝上均有单个孢子形成,具有典型的内生孢子的结构和特性。细胞壁含 meso-DAP,无特征性糖^[1]。随着研究的深入,人们对高温放线菌科有了更全面的认识,如李洁等^[7]发现中温海洋丝状菌(*Marininema mesophilum*)不产生气生菌丝;嗜脲清野氏菌(*Seinonella peptonophila*)、嗜中温皂硫-洛克菌(*Mechercharimyces mesophilus*)、无孢子皂硫-洛克菌(*Mechercharimyces asporophorigenens*)、韩国生工岛津氏菌(*Shimazuella kribbensis*)只能在 45℃ 以下生长,属于中温菌^[2,17];克罗彭斯特菌属(*Kroppenstedtia*)海洋丝状菌属(*Marininema*)、迈勒吉尔霉菌属(*Melghirimyces*)的细胞壁含 LL-DAP 而不是 meso-DAP^[7,18-19]。

1.2 高温放线菌科有效发表的属

从 Tsilinsky 等 1899 年首次描述高温放线菌属到 2005 年间的 100 多年时间,该类群的分类研究进展缓慢,只有 4 个属被确认。近年来,高温放线菌科的分类研究进展明显加快,相继又有 10 个新属有效发表,其中我国学者发表两个新属,分别是徐氏菌属(*Lihuaxuella*)和海洋丝状菌属(*Marininema*)。目前,高温放线菌科共有 14 个属有效发表(图 1),分别是高温放线菌属(*Thermoactinomyces*)、黄色高温微杆菌属(*Thermoflavimicrobium*)、清野氏菌属(*Seinonella*)、莱斯氏属(*Laceyella*)、直丝菌属(*Planifilum*)、迈勒吉尔霉菌属(*Melghirimyces*)、岛津氏菌属(*Shimazuella*)、链孢子菌属(*Desmospora*)、徐氏菌属(*Lihuaxuella*)、海洋丝状菌属(*Marininema*)、皂硫-洛克菌属(*Mechercharimyces*)、克罗彭斯特菌属(*Kroppenstedtia*)、多分枝霉菌属(*Polycladomyces*)和海森氏菌属(*Hazenella*)。

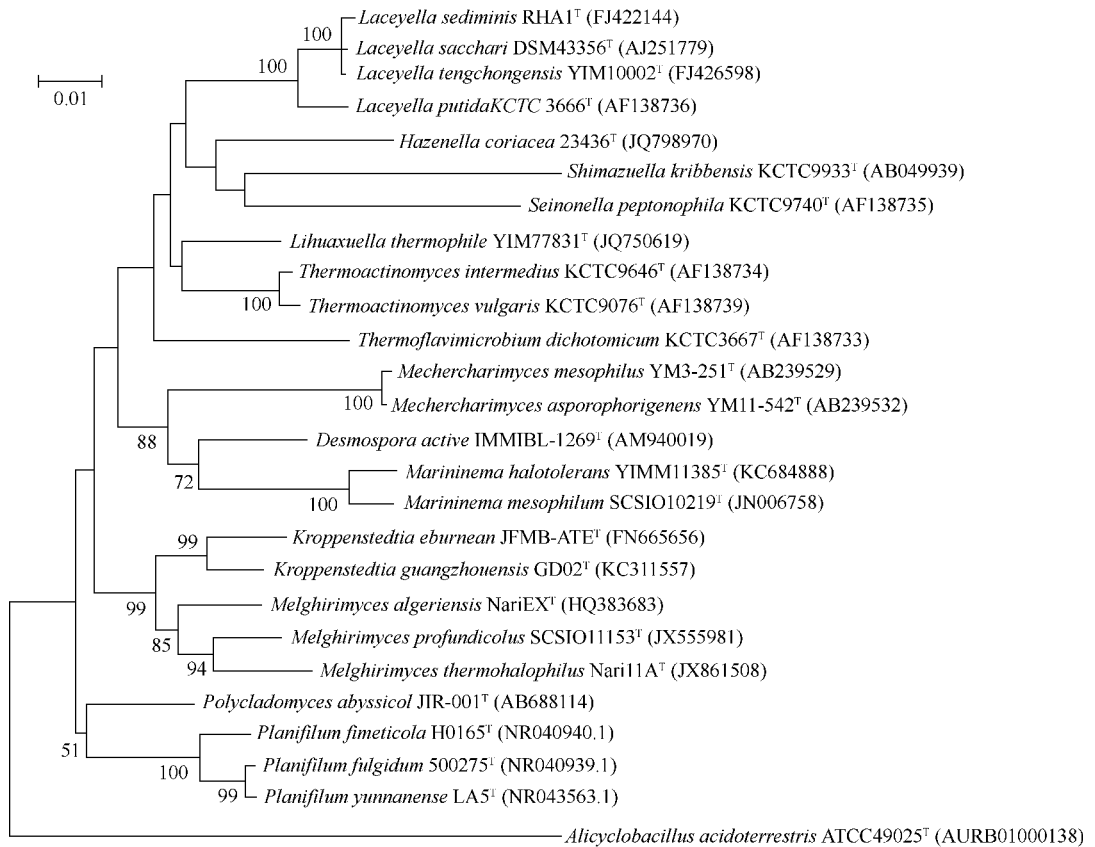


图 1. 基于 16SrRNA 基因序列构建的高温放线菌属各种及相关分类单元之间的系统进化树状图

Figure 1. Neighbour-joining phylogenetic dendrogram based on 16S rRNA gene sequences. *Alicyclobacillus acidoterrestris* ATCC 49025^T was used as outgroup. Numbers in parentheses represent the sequences' accession number in GenBank. Numbers at the nodes indicate the percentage of occurrence in 1000 boot-strapped trees, Bootstrap values greater than 50% are given at branch points. Bar, 0.01 substitutions per nucleotide position.

2 高温放线菌科物种分布的生态多样性

高温放线菌科是介于低 G + C 含量革兰氏阳性细菌和高 G + C 含量 (> 55 mol%) 革兰氏阳性放线菌之间的过渡微生物类群^[20], 在对生境、温度的适应和化学组成方面表现出广泛的生态多样性。

2.1 高温放线菌科的分布及生境多样性

高温放线菌科微生物在全球分布广泛(图 2), 研究人员已在北美洲、欧洲、非洲、亚洲和澳洲^[21] 的不同地区都分离到了相应的菌株。高温放线菌科是如何分布到全球范围的问题也值得考虑, 不过还没有这方面的专门研究。就已知的类群分布来看, 主要分布在东亚和东南亚, 而且大都是在一些高温场所, 这可能与其对高温的适应性有一定的关系。

高温放线菌科的分布十分多样, 目前不仅在高温堆肥、高温大曲、热泉等高温环境中发现其存在,

而且还发现在淡水、盐湖、土壤、海洋沉积物等环境广泛存在。值得注意的是, 在临床上, 如病人的痰液和病变肺叶中也分离到了高温放线菌科的一些类群^[8, 22]。

随着对海洋开发的日益重视, 研究人员把目光投向海洋和一些咸水环境, 并发现了新的高温放线菌科微生物资源。如 2013 年在日本下北半岛 (Shimokita Peninsula) 的深海沉积物中, 分离并命名的深海多支霉菌 (*Polycladomyces abyssicola*)^[23], 能在 55 - 70℃ 的环境温度范围内生长, 最适生长温度为 60℃, 属于极端嗜热菌^[24]。同年本课题组在收集自印度南湾小安达曼岛、盐度 35% 和 pH 值 8.5 的海洋沉积物样品中, 分离到了该科的一株中温菌, 命名为耐盐海洋丝状菌 (*Marininema halotolerans*)^[25], 其最适生长温度为 28℃, pH 值 7.0, 盐度为 0 - 5% (W/V), 属于中温轻度耐盐菌。与前者相比, 耐盐海洋丝状菌的最适生长温度有很

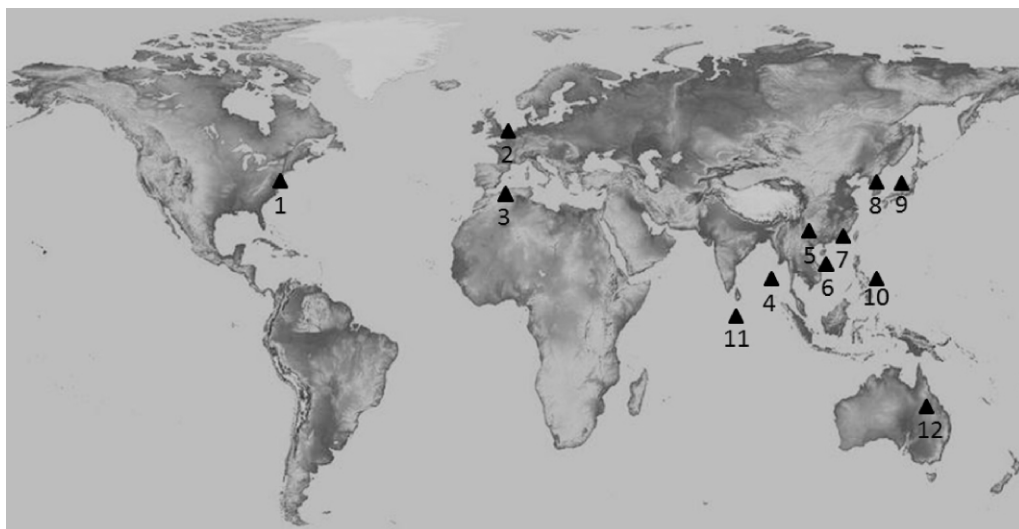


图 2. 高温放线菌科的全球分布

Figure 2. The global distribution of those members of the family *Thermoactinomycetaceae*. 1. New York, USA (*Hazenella coriacea*); 2. Germany (*Desmospora active*); 3. Chott Melghir salt lake, Algeria (*Melghirimyces algeriensis*, *Melghirimyces thermohalophilus*); 4. Little Andaman Island, India (*Marininema halotolerans*); 5. Yunnan, China (*Planifilum yunnanense*, *Laceyella sediminis*, *Lihuaxuella thermophila*, *Laceyella tengchongensis*); 6. South China Sea (*Marininema mesophilum*); 7. South China (*Kroppenstedtia guangzhouensis*); 8. Sobaek Mountain, South Korea (*Shimazuella kribbensis*); 9. Shimokita Peninsula, Okinawa prefecture, Japan (*lanifilum fulgidum*, *Planifilum fimeticola*, *Polycladomyces abyssicola*); 10. Republic of Palau (*Mechercharimyces mesophilus*, *Mechercharimyces asporophorigenens*); 11. Indian Ocean (*Melghirimyces profundicolus*); 12. Queensland, Australia (*Thermoactinomyces*).

大的不同,同时还表现出了一定的耐盐特征。嗜盐高温迈勒吉尔霉菌 (*Melghirimyces thermohalophilus*)^[26] 是 2013 在北非的阿尔及利亚迈勒吉尔盆地的一个盐湖里分离并命名,它能在氯化钠浓度 5% - 20% (W/V) 和培养温度 43 - 60℃ 的条件下生长,是中度嗜盐菌^[27],值得一提的是,其对 pH 值的适应范围较广泛 (pH 5.0 - 10.0)。

高温放线菌科不仅在咸水环境存在,在淡水环境中也有分布。如沉积物莱斯氏菌 (*Laceyella sediminis*)^[28] 就是近年于我国云南腾冲一个淡水热泉的沉积物样品中分离并命名的。另外,早期从土样中分离到的嗜脲高温放线菌 (*Thermoactinomyces peptonophilus*),后来在淡水中也有发现^[29],该种现在被重新分类为嗜脲清野氏菌 (*Seinonella peptonophila*)^[2]。

土样中分离到的高温放线菌科微生物种类最多,比如早期分离到的嗜脲莱斯氏菌 (*Seinonella peptonophila*) 和恶臭莱斯氏菌 (*Laceyella putida*); 还有近年发现的韩国生工岛津氏菌 (*Shimazuella kribbensis*)^[17]、腾冲莱斯氏菌 (*Laceyella tengchongensis*)^[30]、嗜热徐氏菌 (*Lihuaxuella*

thermophila)^[3]、广州科罗彭斯特菌 (*Kroppenstedtia guangzhouensis*)^[31] 等都是分离自不同土壤样品。

另外,高温放线菌科的一些类群在临床来源中也有发现。如普通高温放线菌 (*Thermoactinomyces vulgaris*) 等在农民肺患者的肺泡中被分离到^[11],活跃链孢子菌 (*Desmospora active*) 则是在病人的痰液中首次分离到^[8],同样革状海森氏菌 (*Hazenella coriacea*) 也是在临床来源中首次发现的^[22]。

2.2 高温放线菌科对温度适应的多样性

高温放线菌科对温度的适应也表现出丰富的多样性 (表 1)。如云南直丝菌 (*Planifilum yunnanense*)^[32] 是该科目前发现的对温度适应最高的种,可以在 50 - 75℃ 的培养温度范围内生长,最适生长温度为 60 - 70℃,因此是高温放线菌科中极端嗜热菌的代表。与云南直丝菌的极端嗜热相比,耐盐海洋丝状菌 (*Marininema mesophilum*)^[7] 最适生长温度仅有 28℃,是中温菌的代表,另外中度嗜热海洋丝状菌 (*Marininema halotolerans*)^[25] 的最适生长温度也仅为 30℃。

2.3 高温放线菌科的化学组份多样性

研究表明,醌、脂肪酸、极性脂、DAP 类型等化

学组分在高温放线菌科中也表现得较为多样。比如之前人们一直认为高温放线菌科的 DAP 类型为 meso-DAP, 然而最近的研究表明迈勒吉尔霉菌属 (*Melghirimyces*)、克罗彭斯特菌属 (*Kroppenstedtia*)、海洋丝状菌属 (*Marininema*) 的 DAP 类型为 LL-

DAP。高温放线菌科中大多数类群的优势醜为 MK-7, 而莱斯氏属 (*Laceyella*)、皂硫-洛克菌属 (*Mechercharimyces*)、岛津氏菌属 (*Shimazuella*) 3 个属的优势醜为 MK-9。另外, 主要脂肪酸、极性脂和 (G + C) 含量在不同的类群中差别也较大, 具体见表 2。

表 1. 高温放线菌科各物种的生态学特征比较

Table 1. Ecological characteristics of the fourteen genera in the family *Thermoactinomycetaceae*

Species	Region	Sample	Growth temperature (optimal temperature) °C	Salinity tolerance (optimal level) /%	pH (optimal pH)
1	ND	ND	30 - 55	ND	ND
2	ND	ND	30 - 55	ND	ND
3	ND	fresh water, solid	25 - 45 (35)	ND	7.0 - 8.0
4	ND	Mould sugar cane bagasse	30 - 55	ND	ND
5	ND	ND	30 - 55	ND	ND
6	ND	soil, deep mud cores	30 - 55	1	ND
7	Okinawa-prefecture, Japan	composting process	50 - 65 (55 - 63)	ND	ND
8	Okinawa prefecture, Japan	composting process	50 - 67 (60 - 65)	ND	ND
9	Republic of Palau	marine lakes	20 - 37 (30)	ND	ND
10	Republic of Palau	marine lakes	20 - 37 (30)	ND	ND
11	Yunnan, China	hot spring	50 - 75 (60 - 70)	ND	6.0 - 10.0 (8.5)
12	Sobaek Mountain, South Korea	soil sample	25 - 50 (32)	ND	ND
13	Germany	sputum	30 - 55 (30 - 50)	ND	ND
14	Big Empty Volcano, Yunnan	soil	28 - 70 (55)	ND	ND
15	Tengchong, Yunnan	sediment of hot spring	35 - 65	0 - 5	ND
16	Rehai National Park, Yunnan	geothermal soil	28 - 65 (50)	0 - 1 (1)	6.0 - 8.0 (7.0)
17	Chott Melghir salt lake, Algeria	soil	37 - 60 (40 - 45)	≤21 (10)	5.0 - 9.5 (6.0 - 8.0)
18	South China Sea	sediment	25 - 35 (30)	ND	5.0 - 8.0 (6.0 - 7.0)
19	New York, USA	clinical specimens	22 - 45 (42 - 45)	≤6.5	ND
20	South China	soil	30 - 60	0 - 3	5.5 - 9.5
21	Chott Melghir salt lake, Algeria	soil	37 - 60	5 - 20	5.0 - 10.0
22	Shimokita Peninsula, Japan,	hemipelagic sediment	55 - 73 (60)	(1 - 2)	6.5 - 8.5 (7.0 - 8.0)
23	Little Andaman Island, India	marine sediment	(28)	0 - 5	7.0
24	<i>Melghirimyces profundicolus</i>	marine sediment	37 - 65 (50 - 55)	0 - 12 (3)	4 - 8 (7.0)
25	<i>Planifilum composti</i>	compost	50 - 75 (55)	ND	4 - 9 (6.5)

1. *Thermoactinomyces vulgaris*; 2. *Thermoflavimicrobium dichotomicum*; 3. *Seinonella peptonophila*; 4. *Laceyella sacchari*; 5. *Thermoactinomyces intermedius*; 6. *Laceyella putida*; 7. *Planifilum fulgidum*; 8. *Planifilum fimeticola*; 9. *Mechercharimyces mesophilus*; 10. *Mechercharimyces asporophorigenens*; 11. *Planifilum yunnanense*; 12. *Shimazuella kribbensis*; 13. *Desmospora activa*; 14. *Laceyella tengchongensis*; 15. *Laceyella sedimini*; 16. *Lihuaxuella thermophila*; 17. *Melghirimyces algeriensis*; 18. *Marininema mesophilum*; 19. *Hazenella coriacea*; 20. *Kroppenstedtia guangzhouensis*; 21. *Melghirimyces thermohalophilus*; 22. *Polycladomyces abyssicola*; 23. *Marininema halotolerans*; 24. *Melghirimyces profundicolus*; 25 *Planifilum composti*. ; ND, not determined.

3 高温放线菌科微生物的应用开发及潜力评估

由于高温放线菌科分布广、耐高温、生长快, 因此具有潜在的、重要应用价值。近年来正受到越来越多的重视, 与应用相关的研究也日益广泛和深入。

3.1 高温酶的开发研究

α -高温淀粉酶主要作用于淀粉的 α -1,4 糖苷键, 具有淀粉液化和糖化作用, 因此广泛应用于纺织

品的脱浆工艺和烘培工业等^[33]。早期 Heese 等^[34]在普通高温放线菌 (*Thermoactinomyces vulgaris*) 中分离到 α -淀粉酶 (5.3 kDa), 其最适催化条件为 62.5°C、pH 4.8 - 6.0。近年朱国东等^[13]又从一株莱斯氏属 RHA1 (*Laceyella* sp. RHA1) 中分离到一种新型 α -淀粉酶 (11.2 kDa), 其最适催化条件为 60°C、pH 6.0。与其他菌株来源的 α -淀粉酶相比, 具有分子量低、耐高温的特征, 值得进一步研究。Ke 等^[35]在将食物残渣转化为成熟堆肥的过程中发现,

表 2. 高温放线菌科的 14 个属的表型特征比较
Table 2. Comparison of the characteristic of the fourteen genera of the family *Thermoactinomyces*

Characteristics	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Colour of aerial mycelium	ND	w	w	y	ND	y	y	w	w	w	ND	w	w	ND
Degradation of: Gelatin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	ND	ND
Starch	-	-	+	-	+	ND	+	-	-	+	-	-	ND	ND
Optimal temperature for growth (°C)	50	50-55	48-55	55	55-70	37-60	30-50	30	45	32	30	35	55-73	42-45
DNA G + C content (mol%)	55.6	48.0	48.0-49.0	43.0	56.8-60.3	47.3	49.3	45.0	54.6	39.4	46.5	40.0	55.1	37.8
Predominant menaquinone	MK-7	MK-7	MK-9	MK-7	MK-7	MK-7	MK-7	MK-9	MK-7	MK-9	MK-7	MK-7	MK-7	MK-7
Other menaquinones detected	ND	MK-8 or MK-9	MK-7	ND	ND	MK-6, MK-8	ND	MK-8	ND	MK-10	ND	MK-8, MK-9, MK-10	MK-8	ND
Major cellular fatty acids	i-C15:0, ai-C17:0, ai-C17:0	i-C15:0, i-C17:0, ai-C15:0	i-C15:0, i-C16:0, ai-C15:0	i-C15:0, i-C16:0, ai-C15:0	i-C17:0, i-C15:0, i-C16:0, ai-C15:0	i-C15:0, i-C16:0, ai-C17:0, ai-C17:0	i-C15:0, i-C17:0, i-C16:0	i-C15:0, ai-C15:0	i-C15:0, ai-C15:0	i-C16:0, i-C16:0, i-C15:0, ai-C15:0, ai-C17:0	i-C15:0, i-C15:0, i-C15:0, ai-C15:0, ai-C15:0	i-C15:0, i-C14:0, i-C15:0, ai-C15:0, ai-C15:0	i-C15:0, i-C17:0, i-C16:0, i-C16:0	i-C15:0, ai-C15:0
DAP isomer	meso-DAP	meso-DAP	meso-DAP	meso-DAP	meso-DAP	LL-DAP	meso-DAP	meso-DAP	LL-DAP	meso-DAP	LL-DAP	meso-DAP	meso-DAP	meso-DAP
Polar lipids components	DPG, PG, PME, PE, ND, APL	DPG, PE, PG, PI, ND, PIM	DPG, PE, PG, PI, ND, PIM	ND	DPG, PG, PME, PE, ND	DPG, PG, PME, PE	DPG, PG, PME, PE	ND	DPG, PG, PE	meso-DAP	DPG, PG, PME, PE	DPG, PE, methyl-PE, ND	DPG, methyl-PE, PG, G.L, PS, PL, L1-2	DPG, DPG, PG, G.L, PS, PE

1, *Lithuaxuella thermophila* (Yu et al. 2012); 2, *Thermoactinomyces* (data from Lacey and Cross 1989; Yoon et al. 2005); 3, *Laceyella* (Lacey and Cross 1989; Yoon et al. 2005; Chen et al. 2011); 4, *Thermoflanimicrobium* (Lacey and Cross 1989; Yoon et al. 2005; Von Jan et al. 2012); 5, *Planifilum* (Hatayama et al. 2005; Zhang et al. 2007; Von Jan et al. 2012); 6, *Melghiniomyces* (Addou et al. 2012); 7, *Desmospora* (Yassin et al. 2009; Von Jan et al. 2012); 8, *Mecherchariomyces* (Matsuo et al. 2006); 9, *Kroppenstedtia* (Von Jan et al. 2012); 10, *Shimazuella* (Park et al. 2007); 11, *Marinimema* (Li et al. 2012); 12, *Seinonella* (Yoon et al. 2005); 13, *Polycycladomyces* (Tsubouchi et al. 2013); 14, *Hazenella* (Sarah et al. 2013). i, iso; ai, anteiso; +, Positive reaction; -, negative reaction; ND, not determined

普通高温放线菌 (*Thermoactinomyces vulgaris*) 具有较高的脱氢酶、多酚氧化酶和脲酶活性, 是食物残渣转化成成熟堆肥较为理想的菌种之一。

聚(L-乳酸) (PLA) 是脂肪族成员之一, 其存在于玉米、甘蔗、土豆等可再生资源, 它可被微生物完全降解, 是一种环境友好型材料, 广泛运用于包装材料、医学材料、农产品和纺织品等^[36]。由于 PLA 在垃圾填埋场的自然降解发生在高温条件下, 因此需要在高温条件下具有高活性的酶。Srisuda 等^[37] 在森林土壤中分离得到一株产 PLA 酶的高温放线糖莱斯菌 (*Laceyella sacchari* LP175), 最适催化条件为 60℃、pH9.0, 分子量为 28.0 kDa, 对 PLA 有很好的降解能力。

纤维素是地球上最丰富的可再生性碳源物质, 其降解是自然界碳素循环的中心环节^[38]。纤维素酶可以使构成植物细胞壁等不易被利用的植物纤维分解成葡萄糖, 从而提高玉米等秸秆的利用率, 推动纤维素酶乙醇工业的发展及推广^[39]。Yong 等^[40] 通过变性梯度凝胶电泳和定量 PCR 研究高温堆肥过程中微生物区系的变化时发现高温放线糖莱斯菌 (*Laceyella sacchari*) 有一定的降解纤维素的能力。

几丁质可由节肢动物、线虫、软体动物、真菌和其他生物合成。几丁质在结构上类似纤维素, 在自然界的含量仅次于纤维素, 几丁质酶可将其转化成低聚糖。低聚糖不仅溶解于水, 且拥有多种生物功能, 如抗肿瘤活性和抗真菌活性等^[41]。Hiroki 等^[42] 从 *Laceyella putide* 中成功分离到了一种热稳定性良好的几丁质酶 (chitinase), 其最适反应条件为 pH 4.0, 75℃, 在 pH 5.2, 70℃ 处理 1 小时后, 其半衰期仍能保持 3 天, 具有工业应用潜力。

阿洛酮糖 (psicose) 是一种稀有糖, 与蔗糖相比, 其热量仅为蔗糖的 3%, 而甜味却保持在 70% 以上, 被认为是理想的健康食物的来源之一。Zhang 等^[43] 人在一株链孢子菌 (*Desmospora* sp.) 中分离到了一种阿洛酮酶 DTEase, 最适反应条件为 pH7.5, 60℃, 底物转化率为 28.5%。

3.2 药物研究

一直以来, 微生物天然产物都是重要的药物来源。传统研究方法重复发现天然产物的机率不断增加, 研究者们逐渐将目光投向了研究相对较少的特异生境微生物, 如动物、植物等生物体内生菌、海洋微生物和极端环境微生物 (高盐碱、超高温、超低温

等环境) 等。由于特异生境微生物的生长环境特殊, 其产生的次级代谢产物往往具有复杂多样的结构和多样的生理活性, 近年来受到越来越多研究者的青睐^[44]。Kanoh 等^[9] 在一株分离自海洋的高温放线菌 (*Thermoactinomyces* sp. YM3-251) 中, 筛选得到两种新型化合物 Mechercharmcyins A 和 MechercharmcyinsB, 两者组成相似, 但三维结构有很大的不同, X 射线晶体衍射分析显示前者是环状肽样化合物, 而后者为线性化合物。其中 Mechercharmcyins A 表现出了较强的细胞毒性。随后 Matsuo^[45] 在一株分离自海洋的无孢子皂硫-洛克菌 (*Mechercharimycetes asporophorigenens* YM11-542) 中分离到了化合物 Urukthapelstatin A, 这是一种新型的环状肽类化合物, 能强烈的抑制人类肺癌 A549 细胞的生长, 同时还对人类癌症细胞系表现出了有效了细胞毒性。

3.3 研究潜力评估

芽孢杆菌纲是一个被广泛研究的微生物类群, 不论从基础研究还是应用开发都有很多的报道。与高温放线菌科相比, 传统的芽孢杆菌在细胞毒性物质方面的报道较少, 而高温放线菌科因其生境特异性, 能产生结构特异的化合物, 使其在这方面表现出了很大药物开发潜力。但和芽孢杆菌目其他的科相比, 高温放线菌科的已知种还较少, 这要求我们有效的分离出该类群的新资源。另外可对未培养类群进行单细胞基因组提取^[46], 进而有效挖掘到新基因资源, 用以开发具有应用价值的新化合物, 这用构建宏基因组文库的方法不难实现。

另外, 在组学信息快速发展的今天, 高温放线菌科仅 *Laceyella sacchari* 1-1 (GenBank 登录号: ASZU00000000.1)^[47]、*Desmospora* sp. 8437 (GenBank 登录号: GCA_000213595.1) 和 *Shimazuella kribbensis* (GenBank 登录号: ATZF00000000.1) 有基因组测序数据, 但还没有对其展开系统的分析, 因此还有很多物种等待基因组水平进行相关研究。

4 结语

从 Tsilinsky 首次描述高温放线菌 (1899) 至今的 115 年中, 高温放线菌逐步被人们发现。直至目前, 高温放线菌科有 14 个属, 但仅有 25 个种被发表 (而且各个物种之间的 16S rRNA 基因序列同源

性较高),该类群大量的新物种还有待开发。因此,还需设计出更加有效的分离方法来分离未知菌种。如,在了解影响已知类群生长因素基础上设计更适合相似微生物生长的培养基、设计更加接近原生态环境条件的培养基、在培养基中添加微生物相互作用的信号分子等是分离未培养微生物的有效手段^[48]。

原核微生物分类学的历史经历了从形态分类到生理生化分类,再到化学分类直至分子分类,在此过程中,分类方法日趋完善和精确。尽管如此,对高温放线菌科分类地位还存在一些不同的看法,如徐丽华等^[20]认为高温放线菌科的位置应该是低G+C含量革兰氏阳性细菌和高G+C含量革兰氏阳性放线菌之间的界限微生物,因此对其研究有助于揭开原核生物细胞形态进化的奥秘。另一方面,已知高温放线菌科分类地位还需进一步研究,同时进一步完善已有的分类方法,如完善多相分类体系与探索新分类指征、组学信息应用及其与表型特征整合、分类系统的进一步合理化等都是系统学将来发展的必然趋势^[49]。另外,新菌种是医药和工业用酶的重要来源,但高温放线菌科在这些方面的研究还比较欠缺。因此,专门开展这一独特类群的药物开发和工业用酶的研究必将是未来研究的重点。

参考文献

- [1] Vos PD, Garrity GM, Jones D, Krieg NR, Ludwig W, Rainey FA, Schleifer K, Whitman WB. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. 2nd eds. Volume 3. New York: Springer-Verlag, 2009: 434-449.
- [2] Matsuo Y, Katsuta A, Matsuda S, Shizuri Y, Yokota A, Kasai H. *Mechercharimyces mesophilus* gen. nov., sp. nov. and *Mechercharimyces asporophorigenens* sp. nov., antitumour substance-producing marine bacteria, and description of *Thermoactinomycetaceae* fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2006, 56(12): 2837-2842.
- [3] Yu TT, Zhang BH, Yao JC, Tang SK, Zhou EM, Yin YR, Wei DQ, Ming H, Li WJ. *Lihuaxuella thermophila* gen. nov., sp. nov., isolated from a geothermal soil sample in Tengchong, Yunnan, south-west China. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2012, 102(4): 711-718.
- [4] Liu Y, Zhao T, Yao S, Ge Y, Xin C, Xu L, Cheng C. Identification on a *Thermoactinomyces* sp. separated from high temperature Daqu of sesame flavor liquor. *Biotechnology Bulletin*, 2012 (10): 210-216. (in Chinese)
- [5] 刘洋, 赵婷, 姚粟, 葛媛媛, 信春晖, 许玲, 程池. 一株芝麻香型白酒高温大曲嗜热放线菌的分离与鉴定. *生物技术通报*, 2012(10): 210-216.
- [5] McVITTIE A, Wildermuth H, Hopwood D. Fine structure and surface topography of endospores of *Thermoactinomyces vulgaris*. *Journal of General Microbiology*, 1972, 71(2): 367-381.
- [6] Li W, Xu P, Xu L, Jiang C. Actinomycetes resources in the environment. *Microbiology China*, 2003, 30(4): 125-127. (in Chinese)
- [6] 李文均, 徐平, 徐丽华, 姜成林. 环境中的放线菌资源. *微生物学通报*, 2003, 30(4): 125-127.
- [7] Li J, Zhang GT, Yang J, Tian XP, Wang FZ, Zhang CS, Zhang S, Li WJ. *Marininema mesophilum* gen. nov., sp. nov., a thermoactinomycete isolated from deep sea sediment, and emended description of the family *Thermoactinomycetaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62(Pt 6): 1383-1388.
- [8] Yassin AF, Hupfer H, Klenk HP, Siering C. *Desmospora activa* gen. nov., sp. nov., a thermoactinomycete isolated from sputum of a patient with suspected pulmonary tuberculosis, and emended description of the family *Thermoactinomycetaceae* Matsuo et al. 2006. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59(Pt 3): 454-459.
- [9] Kanoh K, Matsuo Y, Adachi K, Imagawa H, Nishizawa M, Shizuri Y. Mechercharmycins A and B, cytotoxic substances from marine-derived *Thermoactinomyces* sp. YM3-251. *The Journal of Antibiotics*, 2005, 58(4): 289-292.
- [10] Zhang Y, Cheng G, Shu H. The discuss of preventive measures for farmer lung. *Shanghai Journal of Preventive Medicine*, 1994, 6(5): 12-13. (in chinese)
- [10] 张云昌, 陈果行, 束华源. 农民肺预防措施的探讨. *上海预防医学*, 1994, 6(5): 12-13.
- [11] Liu J, Liu S, Liu D, Ma L, Zhao M, Wang X. Meta-analysis of thermophilic actinomycetes and lung disease of farmers in China. *Modern Preventive Medicine*, 2012, 39(023): 6093-6096. (in chinese)
- [11] 刘君, 刘朔, 刘丹, 马列, 赵明静, 王笑歌. 嗜热放线菌类群与中国农民肺发病的 Meta 分析. *现代预防医学*, 2012, 39(023): 6093-6096.
- [12] Ma L, Zhang L, Zhao M, Wang Q, Wang X, Zhang X.

- Meta analysis of risk factors between farmer's lung disease and geographical factors. *Clinical Focus*, 2011, 26 (8) : 689-692. (in chinese)
- 马列, 张丽娇, 赵明静, 王群, 王笑歌, 张旭华. 农民肺的危险因素与地理因素的相关性 Meta 分析. 临床荟萃, 2011, 26 (8) :689-692.
- [13] Zhu G, Cheng B, Zhang L, Ji X, Wei Y, Ling L. Purification and characterization of a novel low molecular weight α -amylase from thermophilic actinomycete strain *Laceyella* sp. RHA1. *Biotechnology Bulletin*, 2011(10) : 199-205. (in Chinese)
- 朱国东, 陈波, 张兰兰, 季秀玲, 魏云林, 林连兵. 高温放线菌莱斯氏属 RHA1 菌株产低分子量 α -淀粉酶的初步研究. 生物技术通报, 2011(10) :199-205.
- [14] Li W, Zhang Z, Jiang C. The advance on taxonomic of genus *Thermoactinomyces*. *Acta Microbiologica Sinica*, 2002, 42 (6) : 759-763. (in Chinese)
- 李文均, 张忠泽, 姜成林. 高温放线菌属分类研究进展. 微生物学报, 2002, 42 (6) : 759-763.
- [15] Zhang X, Wu Y, Zhang J, Zhang Y, Sheng B. The advance on genus *Thermoactinomyces*. *Journal of Microbiology*, 2007, 1: 015. (in chinese)
- 张燕新, 吴莹, 张迹, 赵印, 沈标. 高温放线菌分类的研究进展. 微生物学杂志, 2007, 1: 015.
- [16] Yoon JH, Kim IG, Shin YK, Park YH. Proposal of the genus *Thermoactinomyces sensu stricto* and three new genera, *Laceyella*, *Thermoflavimicrobium* and *Seinonella*, on the basis of phenotypic, phylogenetic and chemotaxonomic analyses. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2005, 55 (Pt 1) : 395-400.
- [17] Park DJ, Dastager SG, Lee JC, Yeo SH, Yoon JH, Kim CJ. *Shimazuella kribbensis* gen. nov., sp. nov., a mesophilic representative of the family *Thermoactinomycetaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2007, 57 (Pt 11) : 2660-2664.
- [18] Addou AN, Schumann P, Spröer C, Hacene H, Cayol JL, Fardeau ML. *Melghirimyces algeriensis* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Thermoactinomycetaceae*, isolated from a salt lake. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62 (Pt 7) : 1491-1498.
- [19] von Jan M, Riegger N, Potter G, Schumann P, Verburg S, Spröer C, Rohde M, Lauer B, Labeda DP, Klenk HP. *Kroppenstedtia eburnea* gen. nov., sp. nov., a thermoactinomycete isolated by environmental screening, and emended description of the family *Thermoactinomycetaceae* Matsuo et al. 2006 emend. Yassin et al. 2009. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2011, 61 (Pt 9) : 2304-2310.
- [20] 徐丽华, 姜成林, 李文均. 放线菌系统学: 原理, 方法及实践. 北京: 科学出版社, 2007.
- [21] Brinkmann C, Neuman C, Katouli M, Kurtböke D. Detection of thermoactinomyces species in selected agricultural substrates from Queensland. *Microbial Ecology*, 2014, 67 (4) : 804-809.
- [22] Buss SN, Cole JA, Hannett GE, Nazarian EJ, Nazarian L, Coorevits A, Van Landschoot A, De Vos P, Schumann P, Musser KA, Wolfgang WJ. *Hazenella coriacea* gen. nov., sp. nov., isolated from clinical specimens. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63 (Pt 11) : 4087-4093.
- [23] Tsubouchi T, Shimane Y, Mori K, Usui K, Hiraki T, Tame A, Uematsu K, Maruyama T, Hatada Y. *Polycladomyces abyssicola* gen. nov., sp. nov., a thermophilic filamentous bacterium isolated from hemipelagic sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63 (Pt 6) : 1972-1981.
- [24] 和致中, 彭谦, 陈俊英. 高温菌生物学. 北京: 科学出版社, 2000.
- [25] Zhang X-M, He J, Zhang D-F, Chen W, Jiang Z, Sahu MK, Sivakumar K, Li W-J. *Marininema halotolerans* sp. nov., a novel thermoactinomycete isolated from a sediment sample of Little Andaman Island, India, and emended description of the genus *Marininema* Li et al. 2012. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, DO: ijs. 0.052142-052140.
- [26] Addou AN, Schumann P, Spröer C, Bouanane-Darenfed A, Amarouche-Yala S, Hacene H, Cayol J-L, Fardeau M-L. *Melghirimyces thermohalophilus* sp. nov., a thermoactinomycete isolated from an Algerian salt lake. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63 (Pt 5) : 1717-1722.
- [27] Ren P, Zhou P. Research progress of moderately halophilic eubacteria. *Acta Microbiologica Sinica*, 2003, 43 (3) : 427-431. (in Chinese)
- 任培根, 周培瑾. 中度嗜盐菌的研究进展. 微生物学报, 2003, 43 (3) :427-431.
- [28] Chen JJ, Lin LB, Zhang LL, Zhang J, Tang SK, Wei

- YL, Li WJ. *Laceyella sediminis* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from a hot spring. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62 (1): 38-42.
- [29] Athalye M, Lacey J, Goodfellow M. Selective isolation and enumeration of actinomycetes using rifampicin. *Journal of Applied Microbiology*, 1981, 51 (2): 289-297.
- [30] Zhang J, Tang SK, Zhang YQ, Yu LY, Klenk HP, Li WJ. *Laceyella tengchongensis* sp. nov., a thermophile isolated from soil of a volcano. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2010, 60 (9): 2226-2230.
- [31] Yang G, Qin D, Wu C, Yuan Y, Zhou S, Cai Y. *Kroppenstedtia guangzhouensis* sp. nov., a thermoactinomycete isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63 (Pt 11): 4077-4080.
- [32] Zhang YX, Dong C, Biao S. *Planifilum yunnanense* sp. nov., a thermophilic thermoactinomycete isolated from a hot spring. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2007, 57 (8): 1851-1854.
- [33] Ling Y, Lu R. The extreme enzyme and its industrial application. *Industrial Microbiology*, 2000, 30 (2): 51-53. (in Chinese)
林影, 卢荣德. 极端酶及其工业应用. *工业微生物*, 2000, 30 (2): 51-53.
- [34] Heese O, Hansen G, Höhne W, Körner D. A thermostable alpha-amylase from *Thermoactinomyces vulgaris*: purification and characterization]. *Biomedica Biochimica Acta*, 1991, 50 (3): 225.
- [35] Ke GR, Lai CM, Liu YY, Yang SS. Inoculation of food waste with the thermo-tolerant lipolytic actinomycete *Thermoactinomyces vulgaris* A31 and maturity evaluation of the compost. *Bioresource Technology*, 2010, 101 (19): 7424-7431.
- [36] Gross RA, Kalra B. Biodegradable polymers for the environment. *Science*, 2002, 297 (5582): 803-807.
- [37] Hanphakphoom S, Maneewong N, Sukkhum S, Tokuyama S, Kitpreechavanich V. Characterization of poly (L-lactide)-degrading enzyme produced by thermophilic filamentous bacteria *Laceyella sacchari* LP175. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 2014, 60 (1): 13-22.
- [38] Chang Y, Hou H. Research progress in the separation and the purification of cellulase. *Liquor-making Science & Technology*, 2012, 4: 102-104. (in Chinese)
常彦, 侯红萍. 纤维素酶分离纯化方法的研究进展. *酿酒科技 (Liquor-making Science & Technology)*, 2012, 4: 102-104.
- [39] Liu X, Li T, Zhai Z. The status and application prospect of Cellulase. *Journal of Anhui Agricultural*, 2011, 39 (4): 1920-1921. (in Chinese)
刘晓晶, 李田, 翟增强. 纤维素酶的研究现状及应用前景. *安徽农业科学*, 2011, 39 (4): 1920-1921.
- [40] Xiao Y, Zeng GM, Yang ZH, Ma YH, Huang C, Xu ZY, Huang J, Fan CZ. Changes in the actinomycetal communities during continuous thermophilic composting as revealed by denaturing gradient gel electrophoresis and quantitative PCR. *Bioresource Technology*, 2011, 102 (2): 1383-1388.
- [41] Yang X, Li L, Liu H. Research progress of Chitinases produced by marine microorganisms. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2011, 39 (16): 9481-9485. (in Chinese)
杨雪松, 李丽, 刘红全. 海洋微生物几丁质酶的研究进展. *安徽农业科学*, 2011, 39 (16): 9481-9485.
- [42] Shibasaki H, Uchimura K, Miura T, Kobayashi T, Usami R, Horikoshi K. Highly thermostable and surfactant-activated chitinase from a subseafloor bacterium, *Laceyella putida*. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014: 1-9.
- [43] Zhang W, Fang D, Zhang T, Zhou L, Jiang B, Mu W. Characterization of a metal-dependent d-psicose 3-epimerase from a novel strain, *Desmospora* sp. 8437. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2013, 61 (47): 11468-11476.
- [44] Subramani R, Aalbersberg W. Marine actinomycetes: an ongoing source of novel bioactive metabolites. *Microbiological Research*, 2012, 167 (10): 571-580.
- [45] Matsuo Y, Kanoh K, Yamori T, Kasai H, Katsuta A, Adachi K, Shin-Ya K, Shizuri Y. Urukthapelstatin A, a novel cytotoxic substance from marine-derived *Mechercharimyces asporophorigenens* YM11-542. *The Journal of Antibiotics*, 2007, 60 (4): 251-255.
- [46] Zhang K, Martiny AC, Reppas NB, Barry KW, Malek J, Chisholm SW, Church GM. Sequencing genomes from single cells by polymerase cloning. *Nature Biotechnology*, 2006, 24 (6): 680-686.
- [47] Kaur N, Arora A, Kumar N, Mayilraj S. Genome sequencing and annotation of *Laceyella sacchari* strain GS 1-1, isolated from hot spring, Chumathang, Leh, India. *Genomics Data*, 2013.

[48] Wang B, Liu S. Perspectives on the cultivability of environmental microorganisms. *Microbiology China*, 2013, 40(1): 6-17. (in Chinese)

王保军, 刘双江. 环境微生物培养新技术的研究进展. 微生物学通报, 2013, 40(1): 6-17.

[49] Li W, Zhi X, Tang S. Actinobacterial systematics in

China: past, present and future. *Microbiology China*, 2013 (10): 1860-1873. (in Chinese)

李文均, 职晓阳, 唐蜀昆. 我国放线菌系统学研究历史、现状及未来发展趋势. 微生物学通报, 2013 (10): 1860-1873.

The family *Thermoactinomycetaceae* – A review

Wendong Xian¹, Hong Ming¹, Wenjun Li^{1,2*}

¹Key Laboratory of Microbial Diversity in Southwest China, Ministry of Education, Yunnan Institute of Microbiology, Yunnan University, Kunming 650091, Yunnan Province, China

²State Key Laboratory of Biocontrol, School of Life Sciences, Sun Yat – Sen University, Guangzhou 510275, Guangdong Province, China

Abstract: *Thermoactinomycetaceae* is a new and old prokaryotic group. The present taxonomic status is: Domain Bacteria, Phylum *Firmicutes*, Class *Bacilli*, Order *Bacillales*, Family *Thermoactinomycetaceae*. Study on this family is going on more than a century. Until now, this family comprises of 14 genera and 25 species. Members of the family *Thermoactinomycetaceae* are widely distributed in the terrestrial hot springs, high-temperature Daqu (a starter culture for Chinese alcohol fermentation), compost, straw, bagasse and other places of high temperature, and marine sediments. The drug-resistance spores can survive in soil, water for long time. They also have great potential in both industrial and drug development. So they got a wide attention by scholars. This paper reviews the research progress of taxonomical studies and ecological diversity of the family *Thermoactinomycetaceae*, also introduces their potential applications in drug development and industrial production.

Keywords: *Thermoactinomycetaceae*, taxonomy, ecological diversity, application

(本文责编:王晋芳)

Supported by the Key Project of International Cooperation of Ministry of Science & Technology (MOST) (2013DFA31980) and by the Key Project of Yunnan Provincial Natural Science Foundation (2013FA004)

* Corresponding author. Tel/Fax: +86-871-65033335; E-mail: wjli@ynu.edu.cn, liact@hotmail.com

Received: 7 May 2014 / Revised: 14 July 2014