

# 云南腾冲热泉极端嗜酸热硫化叶菌多样性研究\*

韩剑<sup>1</sup> 陈波<sup>1</sup> 戴欣<sup>2</sup> 洪伟<sup>1</sup> 季秀玲<sup>1</sup> 魏云林<sup>1\*\*</sup> 林连兵<sup>1\*\*</sup>

(<sup>1</sup>昆明理工大学生物工程技术研究中心 昆明 650224)

(<sup>2</sup>中国科学院微生物研究所, 微生物资源前期开发国家重点实验室 北京 100101)

**摘要** 硫化叶菌 (*Sulfolobus*) 是极端嗜热古菌遗传机制研究的重要模式菌株, 广泛分布于酸性热泉中. 对分离自云南腾冲酸性热泉的11株极端嗜酸热菌株进行16S rRNA基因序列测定, 并通过菌体形态观察、16S rRNA基因可变区序列比较、菌株16S rRNA基因相似性比较及系统发育分析, 研究腾冲热泉硫化叶菌的多样性. 结果表明, 分离自腾冲热泉的11株硫化叶菌的16S rRNA基因序列与分离自世界上其它地区的8个硫化叶菌的标准菌株的相似性为85.8%~94.9%, 与同样分离自腾冲热泉的*S. tengchongensis* 标准菌株的相似性为96.6%~97.5%, 在分类学上具有形成新种的可能. 在16S rRNA基因高可变区序列上, 与分离自世界上其它地区的8个硫化叶菌的标准菌株存在明显的差异. 系统发育分析表明, 分离自腾冲热泉的硫化叶菌在系统发育树上形成两个亲缘关系较为紧密的簇群, 可见腾冲热泉硫化叶菌不仅具有一定的多样性, 同时具有较明显的地域性特征. 图2 表3 参16

**关键词** 硫化叶菌; 嗜酸热古菌; 系统进化分析; 多样性; 腾冲  
CLC Q938

## Diversity of Thermoacidophilic *Sulfolobus* in Hot Springs in Tengchong of Yunnan, China \*

HAN Jian<sup>1</sup>, CHEN Bo<sup>1</sup>, DAI Xin<sup>2</sup>, HONG Wei<sup>1</sup>, JI Xiuling<sup>1</sup>, WEI Yunlin<sup>1\*\*</sup> & LIN Lianbing<sup>1\*\*</sup>

(<sup>1</sup>Biotechnology Research Center, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650224, Yunnan, China)

(<sup>2</sup>State Key Laboratory of Microbial Resource, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

**Abstract** The strains of *Sulfolobus* are regarded as model organisms for investigating the inheritance mechanism of thermophilic archaea. These strains are widely distributed in acidic hot springs around the world. In this research, eleven thermoacidophilic strains isolated from six acidic hot springs in Tengchong of Yunnan, China were identified by analysis of their 16S rRNA gene sequences. Besides, their morphological characteristics of cells, 16S rRNA gene hypervariable region sequences, 16S rRNA gene similarity and phylogene were compared to explore the diversity of *Sulfolobus* distributed in Tengchong. The results showed that the 16S rRNA gene sequences of the eleven *Sulfolobus* strains had 85.8%~94.9% similarity to those of the eight *Sulfolobus* type strains from other regions, and 96.6%~97.5% to that of *S. tengchongensis* type strains. Thus, the eleven strains should belong to the genus *Sulfolobus* and would represent one novel species of *Sulfolobus*. Hypervariable region sequences comparison indicated that the 16S rRNA gene from Tengchong geothermal area have unique characteristics. Phylogenetic analysis also showed that the 16S rRNA gene from Tengchong geothermal area formed two clusters of closer relationship on the phylogenetic tree. This research results revealed the diversity of *Sulfolobus* strains and their distribution in Tengchong geothermal area. Fig 2, Tab 3, Ref 16

**Keywords** *Sulfolobus*; thermoacidophilic archaea; phylogenetic analysis; diversity; Tengchong

CLC Q938

硫化叶菌 (*Sulfolobus*) 广泛分布于世界各地的酸性热泉中<sup>[1]</sup>, 其生长温度65~85 °C, pH值1~5.5, 好氧及兼性自养生活. 硫化叶菌参与遗传信息传递的酶和蛋白与真核生物同源<sup>[2]</sup>, 基因组相对于真核生物来说要小得多, 是研究古菌遗传机制的重要模式菌株. 随着硫矿硫化叶菌 (*S. solfataricus*) P<sub>2</sub><sup>[3]</sup>、东大硫化叶菌 (*S. tokodaii*) str. 7<sup>[4]</sup>、嗜酸热硫化叶菌 (*S.*

*acidocaldarius*) DSM639<sup>[5]</sup>以及冰岛硫化叶菌 (*S. islandicus*) M.16.4、M.14.25、M.16.27、Y.G.57.14、Y.N.15.51和L.S.2.15基因组测序的完成 (美国国家生物技术信息中心, NCBI, National Center for Biotechnology Information, 2010年1月数据), 硫化叶菌的研究日益受到重视. 腾冲是我国著名的地热区, 区内热泉温度最高可达96.6 °C, pH值1.5~10.0, 富含矿物质, 具有硫化叶菌分布的适合生境, 向晓宇、陈波等人从腾冲酸性热泉分离到硫化叶菌, 并对其特征进行了初步的研究<sup>[6-7]</sup>. 腾冲热泉分离得到的硫化叶菌与世界其他地区分离的硫化叶菌相比, 表现出一定差异, 为了解腾冲热泉复杂多变的地理环境对硫化叶菌菌株分布的影响, 我们对腾冲不同热泉硫化叶菌的多样性进行了研究.

本研究主要从腾冲6个酸性热泉中分离获得11株极端嗜

收稿日期: 2009-11-12 接受日期: 2009-12-31

\*国家自然科学基金项目 (Nos. 30660009, 30960022) 和中国科学院微生物研究所微生物资源前期开发国家重点实验室开放课题 (No. SKLMR-080605, 20100605) 资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (Nos. 30660009, 30960022) and the State Key Laboratory of Microbial Resource, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences (No. SKLMR-080605, 20100605)

\*\*通讯作者 Corresponding author (E-mail: linlb@sohu.com)

酸热硫化叶菌菌株, 通过菌体形态观察、16S rRNA基因可变区序列比较, 菌株16S rRNA基因相似性比较及系统发育分析, 探索腾冲热泉硫化叶菌的多样性及特征。

## 1 材料与方 法

### 1.1 培养基及菌株的分离纯化

DSM88培养基的组成如下:  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  1.3 g,  $\text{KH}_2\text{PO}_4$  0.28 g,  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  0.25 g,  $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$  0.02 g,  $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  0.025 mg,  $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  0.07 g,  $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  0.025 mg,  $\text{FeCl}_3$  0.28 mg,  $\text{CuSO}_4$  0.016 mg,  $\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$  2.2 mg,  $\text{H}_3\text{BO}_3$  0.5 mg,  $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  0.5 mg,  $\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$  0.046 mg,  $\text{CaSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$  60 mg, Tryptone 1 g, Yeast extract 1 g, 定容至1 L, pH 3.5。

将采集自黄瓜菁、大滚锅附近、体验区、小河边、热田科考区、蛤蟆嘴边等6个采样点的酸性热泉水样5 mL或者酸性泥土5 g, 接种至含有100 mL的DSM88液体培养基中, 于75 °C振荡培养5~7 d, 待培养基变浑浊 ( $D_{600\text{nm}} \geq 0.4$ ) 后取50  $\mu\text{L}$  涂布于以1%的Gelrite为凝固剂的DSM88培养基上<sup>[8]</sup>, 在75 °C恒温培养箱中培养5~7 d, 挑取单菌落, 重复纯化3次获得纯菌株。

### 1.2 菌体形态观察

挑取对数生长期的纯菌株细胞, 采用2% (m/V) 的醋酸双氧铀染色, 然后将染好的铜网放置在透射电子显微镜 (JEM-1400) 下观察。

### 1.3 基因组DNA的提取、16S rRNA基因扩增及测序

上述菌株的基因组DNA采用提取试剂盒 (QIAamp DNA Mini Kit) 提取, 其16S rRNA基因采用古菌特异引物进行扩增。其引物如下: 正向引物F1: 5'- GTT CCG GTT GAT CCT GCC GGA-3'; 反向引物F2: 5'- GGC TCG AGC GCC CGG GTT ACC TTG TTA CGA CTT-3'。PCR反应条件: 94 °C预变性5 min; 94 °C变性45 s, 50 °C退火45 s, 72 °C延伸1.5 min, 30循环; 72 °C延伸10 min。采用胶回收试剂盒 (Gel Extraction System B) 对PCR产物进行回收。待回收后, 克隆到pMD18-T载体 (TaKaRa公司) 上, 利用化学法将重组质粒转入*E.coli* DH5 $\alpha$ 菌株, 挑取阳性克隆由Sangon Biotech 公司进行测序。

### 1.4 系统进化树的构建及分析

从GeneBank挑选出硫化叶菌属中9个种的标准菌株的

16S rRNA基因序列, 利用Mega4对标准菌株及测序的11株菌株的16S rRNA 基因序列进行序列相似性比较、高可变区序列对比及系统发育分析, 用邻接法 (Neighbor-Joining) 构建系统进化树, 用于检验支持率的重复抽样次数为100次。

## 2 结果与分析

### 2.1 菌株形态

从上述采样地点总共分离出11株极端嗜酸热菌株, 菌株在1% Gelrite的DSM88平板上形成边缘光滑的黄褐色菌落, 菌落直径为1~2 mm。经透射电子显微镜观察, 细胞直径约1.0~1.2  $\mu\text{m}$ , 为球状不规则多面体, 部分菌株有单生鞭毛 (图1)。

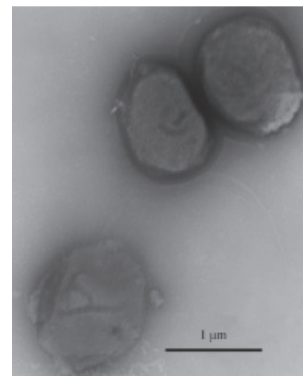


图1 HB5-2菌株的电子显微镜照片  
Fig. 1 Electron micrograph of strain HB5-2

### 2.2 16S rRNA基因测序及系统进化分析

将11株菌株的16S rRNA基因序列提交至GenBank, 获得基因登录号, 菌株的采样点特征、菌株编号及16S rRNA的登录号如表1所示。

由表2可见, 分离自腾冲酸性热泉的硫化叶菌菌株之间的16S rRNA基因序列同源性非常高, 高于98%。相比之下, 其与分离自世界上其它地区8个不同种的硫化叶菌标准菌株相似性在85%~95%之间, 相似性明显降低。本研究获得的11株硫化叶菌与同样分离自腾冲热泉的硫化叶菌*S. tengchongensis* 标准菌株的相似性在96.6%~97.5%之间, 这些菌株具有构成一个硫化叶菌新种的可能。

硫化叶菌16S rRNA基因的高变区序列对比结果如表3所示 (参考*Sulfolobus acidocaldarius* 对应位点为1378~1442), 分

表1 采样点特征、菌株编号及16S rRNA基因登录号

Table 1 The characteristics of sampling places, strains numbers and GenBank accession numbers

采样地点 Sampling site	样品形态 Sampling state	$\theta$ /°C	酸碱度 pH	菌株编号 Strain number	GenBank 序列号 GenBank accession number
黄瓜菁 Huangguajing	水	73	3.0	HG1-3	FJ489510
	水			HG1-2	FJ489509
	水			HG4	FJ489511
大滚锅 Dagunguo	水	69	2.0	DGG2-2	FJ489516
	水			DGGX2	FJ489508
体验区 Experience region	水	93	2.5	TYQ1-3	FJ489512
	酸性泥土				
小河边 Close to river	酸性泥土	71	5.5	HXB	FJ489515
	水				
热田科考区 Science investigation region	水	55~95	1.5~5.5	K4-1	EU729124
	水			HB5-2	FJ489507
	酸性泥土			HB5-9	FJ489513
蛤蟆嘴 Hamazui	酸性泥土	80~90	2.0~3.0	HB9-6	FJ489514
	酸性泥土				

表2 分离自腾冲热泉的硫化叶菌菌株与硫化叶菌标准菌株16S rRNA基因序列相似性比对  
Table 2 Sequence similarity of 16S rRNA gene among the eleven *Sulfolobus* strains and the nine type strains

菌株 Strain	相似性 Similarity (P/%)																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	100	99.3	99.2	98.7	99.0	98.9	98.9	99.0	99.1	98.9	99.7	89.5	86.2	90.7	93.0	94.6	97.4	87.1	88.3	94.9
2		100	98.6	98.8	98.4	98.3	98.3	98.4	98.5	98.3	99.4	89.4	86.3	90.5	93.2	94.5	97.3	87.1	88.3	94.8
3			100	99.5	99.8	99.7	99.7	99.8	99.4	99.7	99.1	89.4	86.0	90.7	92.8	94.4	96.8	87.1	88.3	94.7
4				100	99.3	99.5	99.5	99.6	98.9	99.5	98.6	89.3	86.3	90.5	93.1	94.4	96.5	87.1	88.3	94.7
5					100	99.5	99.5	99.6	99.2	99.5	98.9	89.2	85.8	90.5	92.6	94.2	96.6	86.9	88.1	94.3
6						100	99.7	99.8	99.1	99.7	98.8	89.2	85.9	90.5	92.7	94.3	96.6	87.0	88.1	94.6
7							100	99.8	99.1	99.7	98.8	89.1	85.9	90.4	92.7	94.3	96.6	87.0	88.0	94.5
8								100	99.2	99.8	98.9	89.2	86.0	90.5	92.8	94.4	96.6	86.9	88.1	94.6
9									100	99.1	99.0	88.9	85.8	90.5	92.6	94.2	96.7	86.9	88.1	94.2
10										100	98.8	89.1	85.9	90.4	92.7	94.3	96.6	86.9	88.0	94.5
11											100	89.5	86.2	90.7	93.0	94.6	97.5	87.1	88.3	94.8
12												100	83.7	92.7	88.1	89.5	87.4	89.3	90.3	89.7
13													100	85.9	85.2	85.6	85.8	85.0	84.8	87.3
14														100	90.1	91.8	88.5	96.3	97.3	92.1
15															100	97.9	91.0	87.4	91.1	99.3
16																100	92.6	88.5	89.6	99.7
17																	100	88.5	86.6	94.8
18																		100	94.8	91.9
19																			100	91.5
20																				100

1~20: DGG2-2, DGGX2, HB5-9, HB5-2, HB9-6, HG1-2, HG1-3, HG4, HXB, K4-1, TYQ1-3 (分离菌株), 嗜酸热硫化叶菌, 金属硫化叶菌, 箱根硫化叶菌, 芝田硫化叶菌, 硫磺矿硫化叶菌, 腾冲硫化叶菌, 东大硫化叶菌, 阳明硫化叶菌和冰岛硫化叶菌 (模式菌株)  
1~20: DGG2-2, DGGX2, HB5-9, HB5-2, HB9-6, HG1-2, HG1-3, HG4, HXB, K4-1, TYQ1-3 (Isolated strains), *S. acidocaldarius*, *S. metallicus*, *S. ohwakuensis*, *S. shibatae*, *S. solfataricus*, *S. tengchongensis*, *S. tokodaii*, *S. yangmingensis* and *S. islandicus* (Type strains)

表3 硫化叶菌菌株16S rRNA基因高变区序列比对  
Table 3 Comparison of 16S rRNA gene hypervariable region sequences between the isolated strains from Tengchong and type strains of *Sulfolobus*

菌株 Strain	起始点 Origin	序列长度 Length of sequence/ bp	序列 Sequence
<i>S. acidocaldarius</i>	1378	65	CGAGCGAGAAA-GGGGTGAGGTCCCTTGCATAAG-TGGGGATCGAACTCTTCCCGCAGGGGG
<i>S. ohwakuensis</i>	1039	65	CGAGAGAGGAA-GGGGTGAGGTCCCTTGCATGAG-TGGGGATCGAACTCTTCCCTCGAGGGGG
<i>S. tokodaii</i>	1350	65	CGAGAGAGGAAAGGGGTGAGGTCCCTTGCATGAG-TGGGGATCGAACTCTTCCCTCGAGGGGG
Type strains <i>S. yangmingensis</i>	1379	65	CGAAAGAGGAA-GGGGTGAGGTCCCTTGCATGAG-TGGGGATCGAACTCTTCCCTCGAGGGGG
<i>S. metallicus</i>	1338	64	CGAGC-GTAAGAGGCGTGAGGATCCCTGCGA-AAG-TGGGATTCGAACTCTTACGTGAGGGGG
<i>S. shibatae</i>	1379	66	CGAGT-AGGAGAGGGGTGAGGCCCTTGCCCTTAGGTGGGGGTCGAGCTTCTCTGCAAGGGGG
<i>S. solfataricus</i>	1386	66	CGAGT-AGGAGAGGGGTGAGGCCCTTGCCCTTAGGTGGGGGTCGAGCTTCTCTGCAAGGGGG
<i>S. tengchongensis</i>	1353	62	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCCATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAG---
<i>S. islandicus</i> L.S.2.15	1378	66	CGAGT-AGGAGAGGGGTGAGGCCCTTGCCCTTAGGTGGGGGTCGAGCTTCTCTGCAAGGGGG
TYQ1-3	1377	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCCATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
DGGX2	1375	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCCATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
DGG2-2	1377	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCCATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HXB	1381	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCCATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
Isolated strains HB5-9	1376	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HB9-6	1379	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HB5-2	1375	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HG1-2	1376	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HG1-3	1374	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
HG4	1376	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG
K4-1	1377	66	CGAGT-AGAAGAGGAGTGAGGCCCTTGCTATCTGGTGGGGGTCGAACTCTTCTGCAAGGGGG

离自腾冲热泉的所有硫化叶菌菌株16S rRNA基因在高可变区序列保持近乎100%的相似性, 具有明显的保守性. 而对应分离自世界上其它地区硫化叶菌的相应高可变区序列之间变化明显, 不同种之间存在明显的差异.

菌株的系统发育聚类分析进一步显示了分离自腾冲热泉的硫化叶菌菌株在系统演化上的一致性 (图2), 它们在系统发育树上形成一个独立的大分支, 大分支又可以分作2个簇群, 簇群A仅包括本研究获得的8个菌株, 簇群B包括

*tengchongensis* 标准菌株及本研究获得的3个菌株, 没有一个菌株聚类到分离自其它地区的硫化叶菌簇群中, 这与以上序列对比的结果是相一致的.

### 3 讨论

硫化叶菌是最早发现的嗜酸热微生物, 属于泉古菌门, 硫化叶菌属现有9个种, 分别为: 嗜酸热硫化叶菌 (*S. acidocaldarius*)、硫磺矿硫化叶菌 (*S. solfataricus*)、芝田硫化叶菌 (*S. shibatae*)<sup>[9]</sup>、金属硫化叶菌 (*S. metallicus*)、布氏

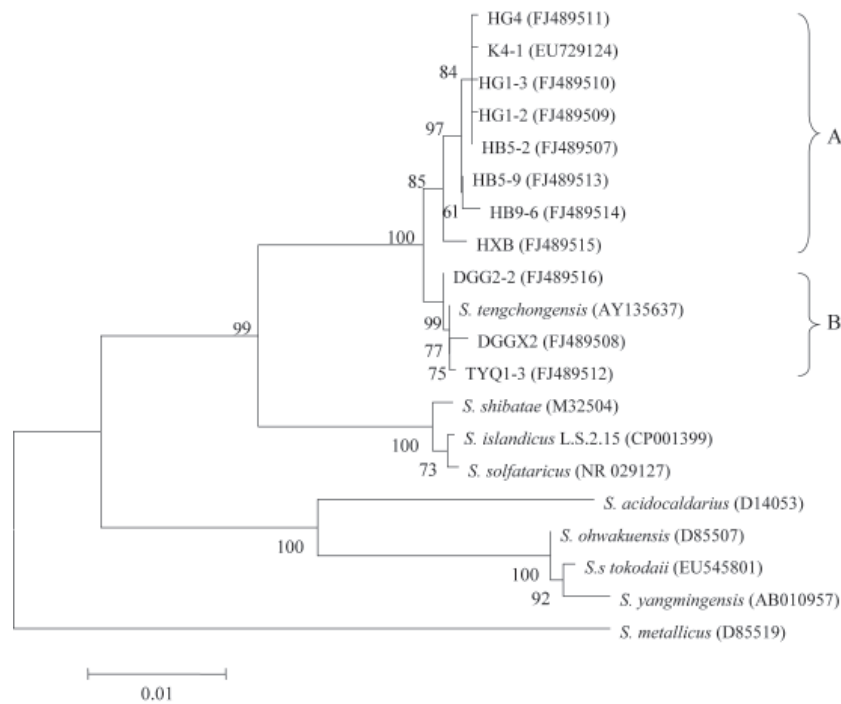


图2 分离自腾冲热泉的硫化叶菌菌株系统发育图

Fig. 2 Phylogenetic tree of the eleven *Sulfolobus* strains isolated from Tengchong and their relatives

硫化叶菌 (*S. brierleyi*)、阳明硫化叶菌 (*S. yangmingensis*)<sup>[10]</sup>、东大硫化叶菌 (*S. tokodaii*)<sup>[11]</sup>、冰岛硫化叶菌 (*S.s islandicus*) 和腾冲硫化叶菌 (*S. tengchongensis*)<sup>[6]</sup>。

从形态上看,分离自腾冲热泉的硫化叶菌大多带有鞭毛,其中RT8-4带有周生鞭毛<sup>[6]</sup>,K4-1<sup>[7]</sup>、HB5-2带有单生鞭毛;而分离自世界上其它地区的硫化叶菌,大多不带鞭毛,仅在硫磺矿硫化叶菌<sup>[12]</sup>和芝田硫化叶菌<sup>[13]</sup>中,有周生鞭毛的报道。从营养利用情况上看,已报道的腾冲热泉硫化叶菌K4-1菌株与其他硫化叶菌菌株有共性,同时存在一定的差异,与硫化叶菌属菌株的生理及代谢特征一致<sup>[7]</sup>。

16S rRNA基因序列相似性及系统进化分析表明,从腾冲不同酸性温泉分离得到的硫化叶菌之间的相似性很高,与其他地区分离得到的硫化叶菌差异性较大。腾冲热泉硫化叶菌可分为2大簇群,这2大簇群各自的菌株分别来自于不同的采样点,表明腾冲各个酸性温泉中的硫化叶菌在进化上也存在各自的特点,表现出一定的多样性,但从整体上看更明显的是,腾冲热泉的硫化叶菌在进化上具有显著的地域性,与分离自世界上其它地区的硫化叶菌的标准菌株在序列上有明显差异。基于形态及16S rRNA基因序列特征分析,这11株硫化叶菌菌株在分类学上具有种的特异性,存在鉴定为腾冲热泉地域性特征新种的可能。

腾冲热泉高温菌群落结构的多样性可能与腾冲酸性热泉的类型、温度、pH值、水化学性质的多样性密切相关。在研究腾冲热泉栖热菌多样性时,也发现腾冲热泉栖热菌 (*Thermus*) 有其特有的簇群,但也有些栖热菌菌株与分离自世界上其他国家热泉的栖热菌具有很高的相似性<sup>[14-15]</sup>,而对于分离自腾冲热泉的硫化叶菌,这一分布现象却没有出现。研究腾冲热泉硫化叶菌的多样性及特征,不但可以获得一批

高温古菌资源,进一步探索热泉的水化学特征与菌株分布的关系、菌株16S rRNA基因序列特征与其地理分布的相关性<sup>[16]</sup>,还将有助于理解地理隔离条件下微生物进化的历程,值得深入进行。

**致谢** 本研究部分工作在中国科学院微生物研究所微生物资源前期开发国家重点实验室完成,感谢黄力研究员的指导。

## References

- 1 Brock TD, Brock KM, Belly RT, Weiss RL. *Sulfolobus*: A new genus of sulphur-oxidizing bacteria living at low pH and high temperature. *Arch Microbiol*, 1972, **84**: 54-68
- 2 Cannio R, Contersi P, Rossi M, Bartolucci S. An Autonomously Replicating Transforming Vector for *Sulfolobus solfataricus*. *J Bacteriol*, 1998, **180**: 3237-3240
- 3 She Q, Singh RK, Confalonieri F, Zivanovic Y, Allard G, Awayez MJ, Chan-Weiher CC, Clausen IG, Curtis BA, Moors DA, Erauso G, Fletcher C, Gordon PM, Heikamp-de JI, Jeffries AC, Kozera CJ, Medina N, Peng X, Thi-Ngoc HP, Redder P, Schenk ME, Theriault C, Tolstrup N, Charlebois RL, Doolittle WF, Duguet M, Gaasterland T, Garrett RA, Ragan MA, Sensen CW, Vander OJ. The complete genome of the crenarchaeon *Sulfolobus solfataricus* P2. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2001, **98** (14): 7835-7840
- 4 Kawarabayasi Y, Hino Y, Horikawa H, Jin-no K, Takahashi M, Sekine M, Baba S, Anka A, Kosugi H, Hosoyama A, Fukui S, Nagai Y, Nishijima K, Otsuka R, Nakazawa H, Takamiya M, Kato Y, Yoshizawa T, Tanaka T, Kudoh Y, Yamazaki J, Kushida N, Oguchi A, Aoki K, Masuda S, Yanagii M, Nishimura M, Yamagishi A, Oshima T, Kikuchi H. Complete genome sequence of an aerobic thermoacidophilic crenarchaeon, *Sulfolobus tokodaii* strain7. *DNA Res*, 2001, **8** (4): 123-140

- 5 Chen L, Brügger K, Skovgaard M, Redder P, She Q, Torarinsson E, Greve B, Awayez M, Zibat A, Klenk HP, Garrett RA. The genome of *Sulfolobus acidocaldarius*, a model organism of the *Crenarchaeota*. *J Bacteriol*, 2005, **187** (14): 4992~4999
- 6 Xiang XY, Dong X, Huang L. *Sulfolobus tengchongensis* sp. Nov., a novel thermoacidophilic archaeon isolated from a hot spring in Tengchong, China. *Extremophiles*, 2003, **7**: 943~948
- 7 Chen B (陈波), Wei YL (魏云林), Jing SR (井申荣), Ji XL (季秀玲), Lu YQ (陆月情), Lin LB (林连兵). Identification of a thermoacidophilic *Sulfolobus* sp. isolated from a hot spring in Tengchong Rehai. *Microbiology* (微生物学通报), 2008, **35** (12): 1868~1872
- 8 Robb FT, Place AR. *Archaea A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995
- 9 Grogan D, Palm P, Zillig W. Isolate B12, which harbors a virus-like element, represents a new species of the archaeobacterial genus *Sulfolobus*, *Sulfolobus shibatae*, sp. nov. *Arch Microbiol*, 1990, **154**: 594~599
- 10 Jan RL, Wu J, Chaw SM, Tsai CW, Tsen SD. A novel species of thermoacidophilic archaeon, *Sulfolobus yangmingensis* sp. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 1999, **49**: 1809~1816
- 11 Suzuki T, Iwasaki T, Uzawa T, Hara K, Nemoto N, Kon T, Ueki T, Yamagishi A, Oshima T. *Sulfolobus tokodaii* sp. nov. (f. *sulfolobus* sp. strain7), a new member of the genus *Sulfolobus* isolated from Beppu Hot Spring, Japan. *Extremophiles*, 2002, **6**: 39~44
- 12 Szabo Z, Sani M, Groeneveld M, Zolghadr B, Schelert J, Albers SV, Blum P, Boekema EJ, Driessen AJM. Flagellar motility and structure in the hyperthermoacidophilic archaeon *Sulfolobus solfataricus*. *J Bacteriol*, 2007, **189** (11): 4305~4309
- 13 Grogan DW. Phenotypic characterization of the archaeobacterial genus *Sulfolobus*: comparison of five wild-type strains. *J Bacteriol*, 1989, **171** (12): 6710~6719
- 14 Lin LB, Zhang J, Wei YL, Chen CY, Peng Q. Phylogenetic analysis of several *Thermus* strains from Rehai of Tengchong, Yunnan, China. *Can J Microbiol*, 2005, **51** (10): 881~886
- 15 Williams RAD, Smith KE, Welch SG, Micallef J. *Thermus oshimai* sp. Nov., isolated from hot springs in Portugal, Iceland and the Azores, and comment on the concept of a limited geographical distribution of *Thermus* species. *Int J Syst Bacteriol*, 1996, **46**: 403~408
- 16 Forschner SR, Sheffer R, Rowley DC, Smith DC. Microbial diversity in Cenozoic sediments recovered from the Lomonosov Ridge in the Central Arctic basin. *Environ Microbiol*, 2009, **11** (3): 630~639

## 欢迎订阅2011年《基因组学与应用生物学》

《基因组学与应用生物学》是由广西大学主管和主办,公开发行的双月刊科学期刊。广西大学聘请中国农业大学李宁院士任主编,北京大学教授朱玉贤博士和海南省热带农业资源研究所所长方宣钧博士任执行主编,国内众多的著名学者出任编委。

《基因组学与应用生物学》主要刊登现代生物技术的前沿学科和基础学科如基因组学、分子细胞遗传学、生化与分子生物学、应用生物学等相关的原始研究成果。刊登植物、动物及微生物领域的生物在组织、器官、细胞、染色体、蛋白质、基因、酶、发酵工程等不同水平上的现代生物技术等基础与应用基础研究的成果。本刊按国际标准编排,题目摘要、图表、引用文献等均实行中英文对照,实现网上领先发表模式。

《基因组学与应用生物学》,前身是原《广西农业大学学报》,创刊于1982年。广西农业大学合并入广西大学以后更名为《广西农业生物科学》。《广西农业生物科学》已入编《中文核心期刊要目总览》2008年版(即第五版)之综合性农业科学类的核心期刊,是中国科学引文数据库(CSCD)来源期刊,也是中国科技核心期刊即中国科技论文统计源期刊。2001年入选国家新闻出版总署“中国期刊方阵”,先后被国际知名检索系统——英国国际农业与生物科学研究中心(CABI)、美国《化学文摘》(CA)、美国《剑桥科学文摘:自然科学》(CSA: NS)、英国《动物学记录》(ZR)、俄罗斯《文摘杂志》(AJ)等收录。

承载着《广西农业生物科学》的历史与荣誉,《基因组学与应用生物学》将在新的高度开拓奋进,为现代生命科学和应用生物学的研究与发展提供学术交流的平台,使之成为中国科学家走向世界的桥梁。

《基因组学与应用生物学》《Genomics and Applied Biology》, ISSN1674-568X, CN45-1369/Q, 双月刊, 双月28日出版, 国内定价: 人民币¥40.00/期, 人民币¥240.00/年; 国际定价: 美元\$40.00/期, 美元\$240.00/年。

邮局汇款

地址: 广西南宁市大学东路100号 广西大学西校园榕江路《基因组学与应用生物学》编辑部

收款单位: 《基因组学与应用生物学》编辑部 邮编: 530004

联系电话: 0771-3239102, 0771-3232621 传真: 0771-3232621

E-mail: gab@hibio.org; gab@genoapplbiol.org 网址: www.genoapplbiol.org