

南海北部神狐海域现代沉积物中硫酸盐 还原菌和硫氧化菌的检出: 脂肪酸生物标志物的指示

茅晟懿^{1,2}, 朱小畏^{2,3}, 孙永革⁴, 管红香^{1,2}, 邬黛黛^{1,2}, 吴能友^{1,2}

(1. 中国科学院 广州能源研究所, 广州 510640;

2. 中国科学院 广州天然气水合物研究中心, 广州 510640;

3. 中国科学院 广州地球化学研究所, 广州 510640;

4. 浙江大学 地球科学系, 杭州 310027)

摘要:对南海北部神狐海域 Site 4B 站位现代沉积物中脂肪酸组分进行了分离, 主要讨论了支链脂肪酸和单不饱和脂肪酸的来源, 认为 $i/a-C_{15:0}$ 、 $i/a-C_{17:0}$ 、 $16:1\omega5$ 和 $18:1\omega9$ 来自硫酸盐还原菌(SRB), 而 $16:1\omega7t/c$ 和 $18:1\omega7$ 来自硫氧化菌(SOB)。沉积物中 SRB 和 SOB 分布形式可能和硫酸盐还原作用生成硫化物、硫化物又被氧化生成硫酸盐和元素硫、元素硫歧化作用生成硫化物和硫酸盐有关, 并在整个硫循环系统中 SRB 起到主导作用; 而在 95~97 cm 层位剧增的 SRB 和 SOB 生物量与站位附近底辟构造活跃带来深部大量的营养流体有关。

关键词:硫酸盐还原菌; 硫氧化菌; 脂肪酸; 神狐海域

中图分类号:P744.4

文献标识码:A

文章编号:0256-1492(2015)02-0139-10

硫酸盐还原菌(SRB)在厌氧微生物中是常见且非常重要的一类种群, 在厌氧生态系统里有举足轻重的作用^[1], 同时在海洋沉积有机质的生物降解过程中也起到重要作用^[2]。已有研究发现海洋沉积物中 50% 的有机质矿化要归因于 SRB^[3], 并通过降解一系列不同的有机质基底如醋酸盐、丙酸盐、乳酸盐、 H_2 和 CO_2 来实现^[4], 在硫酸盐还原过程中, 丙酸盐甚至可以占到 50%^[5]。硫氧化菌(SOB)广泛分布在河口、大陆架、深海热液系统以及冷泉环境中^[6-8], 以自养、异养以及兼性自养异养的方式生存^[9-11]。SRB 和 SOB 在海洋沉积环境中对碳、硫、氮的循环起到重要的作用。

如此重要的两大种群在海洋沉积物中可以通过分子以及系统发育途径来对其定性定量^[12], 但在实际应用中却存在各种限制。实验室培养技术可以用选择性的媒介培养实验室现有条件下的菌种^[13], 但会低估实际海洋环境中的种群数量。显微镜分析可以提供种群分布的信息, 但是不能指示菌种的类型。放射性示踪实验可以提供被利用基底的信息, 但是

不能直观地反映细菌生存状况。而另外一种实验方法就是分离细菌, 由于细菌中特征的 C_{12} - C_{19} 链长的脂肪酸化合物可用来与真核生物区分^[14-15], 因此, 很多学者已将分离细菌脂肪酸广泛应用于细菌的鉴定实验中^[16-18]。细胞膜中含有的特征磷脂脂肪酸可作为生物标志物来示踪 SRB 和 SOB 来源。Boon 等^[19]分离了 *Desulfovibrio desulfuricans* 菌属, 发现主要脂肪酸组成是异构和反异构单不饱和脂肪酸以及支链 β -羟基酸。Vainshtein 等^[20]研究发现 $i-C_{17:1}$ 是 *Desulfovibrio* 菌属的典型生物标志物, 而 $i-C_{15:0}$ 在 *Desulfomicrobium* 和 *Desulfomonas* 菌属中显著存在。Zhang 等^[21]分离了来自墨西哥湾的 SOB 菌席 *Beggiatoa*, 并鉴定了此类菌种的特征脂肪酸标志物为 $16:1\omega7c$ 和 $16:1\omega7t$ 。

无论是 Boon 等^[19]分析的 SRB 还是 Zhang 等^[21]分离的 SOB 都是严格的厌氧微生物, 然而研究表明, 它们并不是严格厌氧菌。已有研究证明它们能够在氧应激环境中生存几个小时^[22-23], 甚至是进行有氧呼吸^[24]。也有学者从海洋和河口表层沉积物有氧层中分离出 SRB 和 SOB^[13,25], 并且发现在氧张力接近饱和时微生物活动还在进行^[26-27]。

关于 SRB 和 SOB 的研究在微生物席^[26-27], 生物膜^[28]、咸水体^[29]以及湖沼沉积物^[30]中都有报道, 甚至在全球范围内的很多海洋沉积物^[13,25]中也有大量的研究报道。在南海东沙和神狐海域已有较多研究涉及到 SRB, 但主要与甲烷氧化古菌有关, 涉及到甲烷缺氧

基金项目:国家自然科学基金项目(41303067, 41103043); 中国科学院广州能源研究所所长基金项目(y107r71001); 有机地球化学国家重点实验室开放基金项目(OGL-201209)

作者简介:茅晟懿(1983—), 女, 副研究员, 主要从事有机地球化学研究, E-mail: maoshengyi@gmail.com

通讯作者:朱小畏, E-mail: miseraboy@126.com

收稿日期:2014-07-11; **改回日期:**2014-10-09. 周立君编辑

化过程^[31-32],关于 SRB 和 SOB 群落相互关系的研究还是一个空白。本次研究报道了该海域 Site4B 站位柱状样的脂肪酸组分,结合沉积物中已有的无机地球化学研究背景以及该处底辟构造的地质背景,着重讨论了支链脂肪酸以及单不饱和脂肪酸中 SRB 和 SOB 来源,及其群落分布对沉积环境的指示意义。

1 样品与方法

1.1 样品采集与基本地球化学特征

Site 4B 站位构造上位于珠江口盆地珠二坳陷的白云凹陷,落在珠江口盆地中央泥底劈带^[33];地理上位于神狐暗沙东南部陆坡,经纬度为 20°08.4374'N、116°31.0455'E (图 1)。Site 4B 站位沉积物岩心于 2009 年 5—6 月由广州海洋地质调查局“海洋四号”船利用大型重力活塞取样器采集,岩心长 3 m,站位水深约 970 m。沉积物岩心采集过程中,沉积物的原始结构及其沉积构造未破坏。在岩心库,沉积物岩心沿轴心劈开,一半岩心冷藏保存,另一半岩心以 3~5 cm 间距连续取样,并立即用锡箔纸包裹、塑胶袋密封保存。带回实验室后,沉积物样品置于-50℃冷冻干燥,后用玛瑙研磨至 80 目,储存于-20℃下以供后续分析测试。

沉积物剖面中 0~95 cm 层位为未固结、低黏性的灰黄色中细粒砂;95~300 cm 层位为较致密、强黏性的灰色黏土质粉砂和粉砂质黏土(图 1)。沉积物的含水量在 95 cm 层位左右发生突变,上部沉积物含水量较大,下部沉积物则明显变干变硬^[34],存在 95 cm 的沉积界面。

1.2 实验分析

称取 80~160 g 的粉末样放入索氏抽提器中,加入内标十七酸,然后用约 300 mL 二氯甲烷/甲醇(9:1 V/V)混合索氏抽提 72 h。抽提完成后,将接收瓶中抽提物旋转蒸发浓缩,得到样品中有机质的游离态部分。向游离态有机质加入 KOH/CH₃OH(1 mol/L)溶液在 70℃下涡旋回流 2 h,加入正己烷萃取得中性组分,然后在剩余溶液中加入稀 HCl 将 pH 值调为 1,再用正己烷萃取其中的酸性组分。将所得酸性组分进行衍生化处理,加入三氟化硼甲醇溶液,放入 60℃烘箱 2 h。衍生化后,用正己烷萃取,然后氮气吹干浓缩以待仪器分析测定。

色谱质谱(GC-MS)分析在有机地球化学国家重点实验室 Thermo Trace GC Ultra-DSQ 色谱质谱仪上完成,离子源为电子轰击源(70eV),色谱柱型号为 DB-1 毛细管色谱柱(60 m×0.32 mm, i. d. ×0.25 μm 涂层)。升温程序为:初始温度为 60℃,30℃/min 升至 110℃后,然后以 2℃/min 升至 220℃,最后以 10℃/min 升至 315℃恒温保持 25 min。采用无分流模式进样,载气为高纯氮气,流速 1.1 mL/min。脂肪酸甲酯的定性按照以往文献中相对保留时间和质谱图来鉴定^[35]。

单体碳同位素测试用安捷伦公司生产的 6890N 气相色谱仪,联用 GV(GC5 MK1) IsoPrime 同位素质谱仪完成,使用 DB-5MS 毛细管色谱柱(30 m×0.25 mm, i. d. ×0.25 μm 涂层)。升温程序为:初始温度为 100℃,20℃/min 升至 160℃后,1.5℃/min 升至 220℃,最后以 10℃/min 升至 295℃

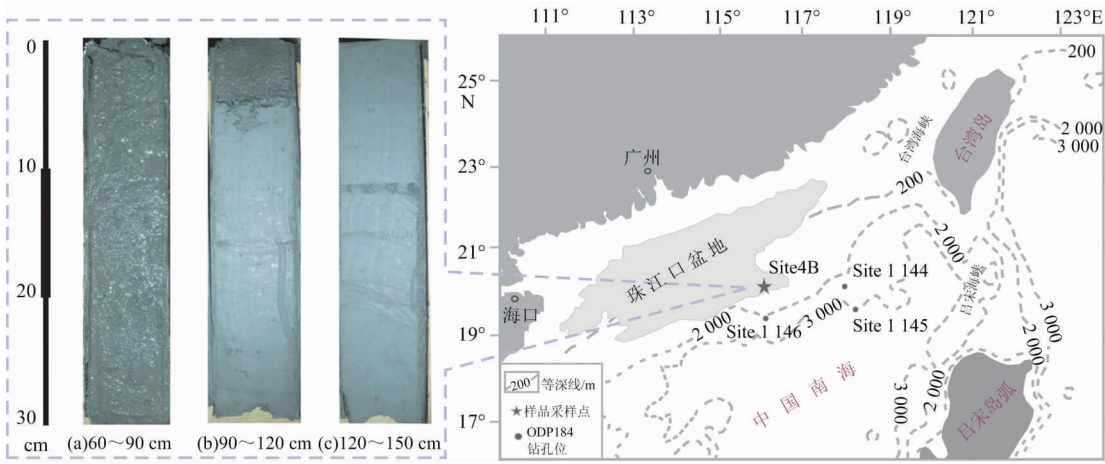


图 1 南海北部 Site 4B 站位地理位置及沉积物剖面照片
Fig. 1 Location of Site 4B and photograph of core sediments

恒温保持 20 min。采用无分流模式进样,载气为高纯氮气,流速 1.5 mL/min。所得结果 $\delta^{13}\text{C}$ 的标准偏差小于 0.5‰。扣除衍生化试剂三氟化硼甲醇的稳定碳同位素值,计算公式如下:

$$\delta^{13}\text{C}_{\text{DC}}=(m\cdot\delta^{13}\text{C}_{\text{COM}}+n\delta^{13}\text{C}_{\text{MEOH}})/(m+n)$$

其中 DC 是衍生化产物,COM 是目标化合物,MEOH 是甲醇, m 是目标化合物碳原子个数, n 是连接到目标化合物上的甲基的个数。所有样品、三氟化硼甲醇、十七酸标样的碳同位素都重复三次,偏差小于 0.5‰。

脂肪酸甲酯命名常用格式为: $\text{X}:\text{Y}_{\omega}\text{Z}(\text{c}/\text{t})$ 其中,X 是总碳数,后面跟一个冒号;Y 表示双键数; ω 表示从甲基末端开始排序;Z 是双键距离甲基端的距离;c 表示顺式异构,t 表示反式异构; ai 和 i 分别表示支链的反异构和异构^[36]。

2 结果与讨论

2.1 脂肪酸组成分布

Site 4B 沉积物样品中检测到的总的脂肪酸含量(TFA)为 2.33~17.16 $\mu\text{g/g}$ (表 1),碳数分布范围从 C_{12} 到 C_{32} ,类型主要包括正构饱和脂肪酸、支链脂肪酸和单不饱和脂肪酸。

样品中检测出的支链脂肪酸非常多,包括 $i\text{-C}_{14:0}$ 、 $i/ai\text{-C}_{15:0}$ 、 $i\text{-C}_{16:0}$ 、 $i/ai\text{-C}_{17:0}$ 和 $\text{Br}18:0$ 等。其中 $i/ai\text{-C}_{17:0}$ 含量最高,最大分别为 0.19 和 0.11 $\mu\text{g/g}$;其次为 $i\text{-C}_{14:0}$ 、 $i/ai\text{-C}_{15:0}$ 和 $i\text{-C}_{16:0}$,最高分别为 0.09、0.06、0.08 和 0.07 $\mu\text{g/g}$; $\text{Br}18:0$ 含量较少,最高为 0.02 $\mu\text{g/g}$ (表 1)。

表 1 南海北部 Site 4B 沉积物 SRB 和 SOB 特征脂肪酸标志物
Table 1 Fatty acids from SRB and SOB in Site 4B sediments

深度/m	TFA ($\mu\text{g/g}$)	SRB							T_{SRB} ($\mu\text{g/g}$)	SOB			T_{SOB} ($\mu\text{g/g}$)
		$i\text{-C}_{15:0}$	$ai\text{-C}_{15:0}$	$i\text{-C}_{17:0}$	$ai\text{-C}_{17:0}$	$16:1_{\omega5}$	$18:1_{\omega9}$	$\delta^{13}\text{C}_{18:1_{\omega9}}$		$16:1_{\omega7t}$	$16:1_{\omega7c}$	$18:1_{\omega7}$	
30.00~35.00	7.02	0.60%	0.97%	0.62%	0.70%	0.42%	4.16%	-26.7	0.52	0.51%	0.14%	1.27%	0.13
35.00~40.00	8.14	0.59%	0.43%	2.29%	1.16%	0.27%	7.89%	-27.2	1.03	1.63%	0.17%	1.89%	0.30
40.00~45.00	8.52	0.45%	0.61%	0.64%	0.70%	0.31%	6.16%	—	0.76	0.59%	0.07%	1.35%	0.17
45.00~50.00	8.99	0.63%	0.69%	1.71%	1.17%	0.41%	11.12%	-27.2	1.42	2.65%	0.23%	2.42%	0.48
50.00~55.00	5.14	0.72%	0.83%	0.21%	0.59%	0.54%	4.54%	-26.5	0.38	0.45%	0.15%	1.19%	0.09
55.00~60.00	6.76	0.47%	0.74%	0.29%	0.59%	0.26%	4.72%	-26.1	0.48	0.39%	0.12%	1.07%	0.11
65.00~70.00	3.00	0.94%	1.28%	0.27%	0.33%	0.14%	0	—	0.09	0	0	0.68%	0.02
70.00~75.00	3.49	1.08%	1.27%	0.27%	0.37%	0.16%	0	—	0.11	0	0	0.88%	0.03
75.00~80.00	2.33	0.68%	0.99%	0.20%	0.37%	0	0.93%	—	0.07	0.12%	0.19%	1.14%	0.03
80.00~85.00	3.66	0.76%	1.06%	0.21%	0.28%	0.17%	0	—	0.09	0	0	0.67%	0.02
85.00~90.00	5.08	0.46%	0.91%	0.17%	0.40%	0.17%	1.49%	-25.0	0.18	0.36%	0.12%	0.86%	0.07
90.00~95.00	6.93	0.56%	0.94%	0.27%	0.79%	0.26%	7.11%	-27.8	0.69	0.39%	0.17%	1.35%	0.13
95.00~97.00	17.16	0.16%	0.48%	0.09%	0.28%	0	17.47%	-27.8	3.17	0.13%	0	2.28%	0.41
97.00~99.00	4.89	0.71%	0.45%	0.08%	0.22%	0	5.24%	-27.6	0.33	0.65%	0.55%	3.67%	0.24
99.00~102.00	4.09	0.33%	0.49%	0.08%	0.23%	0	3.23%	—	0.18	0.38%	0.41%	1.96%	0.11
102.00~105.00	7.40	0.59%	0.57%	0	0.31%	0	10.47%	-25.4	0.88	0.74%	1.15%	2.97%	0.36
105.00~108.00	7.33	0.42%	0.60%	0	0.25%	0	3.39%	-27.4	0.34	0	0.92%	0.68%	0.12
108.00~111.00	8.87	0.28%	0.49%	0	0.41%	0	8.19%	-25.1	0.83	0	0	0.84%	0.07
111.00~114.00	7.97	0.31%	0.43%	0	0.52%	0	2.59%	-25.1	0.31	0	0	0.53%	0.04
114.00~117.00	4.51	0.27%	0.45%	0	0.39%	0	2.23%	-25.8	0.15	0	0	0.75%	0.03
117.00~120.00	6.44	0.34%	0.52%	0	0.46%	0	0.07%	-24.8	0.09	0	0	0.66%	0.04
120.00~123.00	5.17	0.23%	0.35%	0	0.35%	0	2.52%	-24.0	0.18	0	0	0	0.00
123.00~126.00	10.72	0.36%	0.46%	0	0.58%	0	2.25%	-24.4	0.39	0	0	0	0.00
126.00~129.00	5.04	0.27%	0.35%	0	0.35%	0	1.18%	-24.6	0.11	0	0	0	0.00
129.00~132.00	5.20	0.28%	0.36%	0	0.33%	0	2.14%	-25.0	0.16	0	0	0.58%	0.03
132.00~135.00	13.03	0.29%	0.40%	0	0.35%	0	3.44%	-25.8	0.58	0	0	0.70%	0.09
135.00~138.00	9.42	0.24%	0.29%	0	0.36%	0	2.59%	-25.4	0.33	0	0	0.55%	0.05
138.00~141.00	4.30	0.35%	0.51%	0	0.52%	0	3.19%	-25.0	0.20	0	0	0.58%	0.02
141.00~144.00	7.66	0.31%	0.49%	0	0.32%	0	2.25%	-25.1	0.26	0	0	0.50%	0.04

续表 1

深度/m	TFA	SRB							T _{SRB}	SOB			T _{SOB}
	(μg/g)	<i>i</i> -C _{15:0}	<i>ai</i> -C _{15:0}	<i>i</i> -C _{17:0}	<i>ai</i> -C _{17:0}	16:1ω5	18:1ω9	δ ¹³ C _{18:1ω9}	(μg/g)	16:1ω7t	16:1ω7c	18:1ω7	(μg/g)
144.00~147.00	6.44	0.27%	0.48%	0	0.56%	0	3.47%	−25.9	0.31	0	0	0.44%	0.03
147.00~150.00	10.03	0.25%	0.34%	0	0.38%	0	3.01%	−25.0	0.40	0	0	0.63%	0.06
150.00~153.0	8.32	0.25%	0.34%	0	0.43%	0	3.61%	−24.3	0.38	0	0	0.68%	0.06
153.00~156.00	5.08	0.66%	0.78%	0	0.81%	0	4.93%	−24.7	0.36	0	0	1.06%	0.05
156.00~159.00	6.10	0.40%	0.60%	0	0.80%	0	4.94%	−24.1	0.41	0	0	1.08%	0.07
159.00~162.00	4.48	0.30%	0.43%	0	0.48%	0	2.96%	−24.1	0.19	0	0	0.52%	0.02
162.00~165.00	4.41	0.46%	0.52%	0	0.65%	0	4.04%	−25.2	0.25	0	0	1.06%	0.05
165.00~168.00	9.67	0.26%	0.53%	0	0.52%	0	3.94%	−24.5	0.51	0	0	0.68%	0.07
168.00~171.00	4.95	0.32%	0.42%	0	0.55%	0	2.81%	−25.4	0.20	0	0	0.35%	0.02
171.00~174.00	5.72	0.27%	0.56%	0	0.65%	0	4.72%	−25.9	0.35	0	0	0.56%	0.03
174.00~177.00	4.51	0.25%	0.42%	0	0.46%	0	3.65%	−24.6	0.22	0	0	0.47%	0.02
177.00~180.00	3.28	0.35%	0.36%	0	0.33%	0	2.87%	−25.9	0.13	0	0	0.83%	0.03
180.00~183.00	5.80	0.20%	0.58%	0	0.62%	0	3.83%	−25.5	0.30	0	0	0.46%	0.03
183.00~186.00	5.21	0	0	0	0.25%	0	3.00%	−25.9	0.17	0	0	0.59%	0.03
186.00~189.00	5.13	0.16%	0.49%	0	0.70%	0	4.42%	−25.6	0.30	0	0	0.65%	0.03
189.00~192.00	5.28	0	0	0	0.28%	0	2.28%	−25.5	0.14	0	0	0.39%	0.02
192.00~195.00	4.86	0	0	0	0.29%	0	2.73%	−26.7	0.15	0	0	0.53%	0.03
198.00~201.00	5.05	0	0	0	0.54%	0	3.21%	−25.5	0.19	0	0	0.52%	0.03
201.00~204.00	4.73	0	0	0	0.33%	0	2.84%	−25.3	0.15	0	0	0.74%	0.04
204.00~207.00	6.03	0	0	0	0.40%	0	2.78%	−25.2	0.19	0	0	0.49%	0.03
207.00~210.00	7.80	0	0	0	0.73%	0	3.98%	−26.1	0.37	0	0	0.47%	0.04
210.00~213.00	7.12	0	0	0	0.25%	0	2.22%	−25.8	0.18	0	0	0.35%	0.03
213.00~216.00	4.12	0	0	0	0.27%	0	2.27%	−25.8	0.10	0	0	0.54%	0.02
216.00~219.00	6.03	0	0	0	0.39%	0	2.63%	−25.6	0.18	0	0	0.47%	0.03
219.00~222.00	7.86	0	0	0	0.92%	0	4.75%	−26.0	0.45	0	0	0.52%	0.04
222.00~225.00	2.61	0.24%	0.31%	0	0.40%	0	2.99%	−25.3	0.10	0	0	0.67%	0.02
225.00~228.00	7.31	0	0	0	0.51%	0	3.94%	−25.7	0.32	0	0	0.52%	0.04
228.00~231.00	2.96	0.32%	0.29%	0	0.23%	0	3.19%	−25.3	0.12	0	0	1.10%	0.03
231.00~234.00	2.87	0	0	0	0.49%	0	3.72%	−24.9	0.12	0	0	0.61%	0.02
234.00~237.00	5.99	0	0	0	0.54%	0	3.41%	−25.4	0.24	0	0	0.87%	0.05
237.00~240.00	7.20	0	0	0	0.80%	0	4.54%	−25.7	0.38	0	0	0.72%	0.05
240.00~243.00	8.47	0	0	0	1.23%	0	7.13%	−25.6	0.71	0	0	0.65%	0.05
243.00~246.00	7.01	0	0	0	1.00%	0	5.61%	−25.1	0.46	0	0	0.66%	0.05
246.00~249.00	7.42	0	0	0	1.04%	0	5.88%	−25.1	0.51	0	0	0.63%	0.05
249.00~252.00	5.85	0	0	0	1.09%	0	5.40%	—	0.38	0	0	0.71%	0.04
252.00~255.00	5.61	0	0	0	0.88%	0	4.87%	−25.8	0.32	0	0	0.58%	0.03
255.00~258.00	5.54	0	0	0	1.06%	0	7.14%	−26.3	0.45	0	0	0.71%	0.04
258.00~261.00	3.94	0	0	0	0.73%	0	4.42%	−26.0	0.20	0	0	0.56%	0.02
261.00~264.00	7.42	0	0	0	0.80%	0	5.86%	−26.4	0.49	0	0	0.69%	0.05
264.00~267.00	5.26	0	0	0	0.69%	0	3.79%	−25.9	0.24	0	0	0.55%	0.03
267.00~270.00	5.87	0	0	0	0.62%	0	3.69%	−26.2	0.25	0	0	0.38%	0.02
270.00~273.00	6.47	0	0	0	0.84%	0	3.96%	−25.5	0.31	0	0	0.51%	0.03
279.00~282.00	6.85	0	0	0	0.67%	0	4.22%	−25.7	0.33	0	0	0.52%	0.04
282.00~285.00	8.56	0	0	0	0.83%	0	5.25%	−26.2	0.52	0	0	0.40%	0.03
285.00~288.00	7.80	0	0	0	0.83%	0	5.06%	−26.2	0.46	0	0	0.51%	0.04
288.00~291.00	7.21	0	0	0	0.74%	0	5.75%	−26.6	0.47	0	0	0.61%	0.04
291.00~294.00	5.99	0	0	0	0.67%	0	3.55%	−25.9	0.25	0	0	0.55%	0.03
294.00~297.00	6.98	0	0	0	0.44%	0	2.68%	−25.6	0.22	0	0	0.34%	0.02
297.00~300.00	6.52	0	0	0	0.88%	0	5.56%	−26.2	0.42	0	0	0	0

样品中单不饱和脂肪酸均为偶数碳脂肪酸,包括 $n\text{-C}_{14:1}$ 、 $n\text{-C}_{16:1}$ 、 $n\text{-C}_{18:1}$ 、 $n\text{-C}_{20:1}$ 和 $n\text{-C}_{22:1}$ 同系物,其中 $n\text{-C}_{16:1}$ 同系物有 $16:1\omega5$ 、 $16:1\omega7c$ 、 $16:1\omega7t$ 、 $16:1\omega9$ 四种,其中含量最多为 $16:1\omega9$,最大为 $0.79\ \mu\text{g/g}$;其次为 $16:1\omega7t$ 和 $16:1\omega7c$,最高分别为 0.24 和 $0.08\ \mu\text{g/g}$;而 $16:1\omega5$ 最少,最大仅为 $0.04\ \mu\text{g/g}$ 。 $n\text{-C}_{18:1}$ 同系物主要为 $18:1\omega9$ 和 $18:1\omega7$,最大分别为 3 和 $0.39\ \mu\text{g/g}$ (表 1)。

2.2 硫酸盐还原菌生物标志物

Site 4B 沉积物黄铁矿具有偏负的 $\delta^{34}\text{S}$ ($-41.69\text{‰}\sim-49.16\text{‰}$)^[34],与 SRB 导致的硫酸盐还原过程有关,伴随有机质的厌氧氧化作用导致硫同位素分馏生成³⁴S 亏损的 HS^- 离子^[37]。 HS^- 离子与铁离子或铁矿物反应,生成亚稳定态过渡产物铁硫化物。在硫歧化作用下,铁硫化物中的硫被反复氧化和歧化,最终转化为³⁴S 亏损的稳定态产物黄铁矿^[38-39]。而且沉积物中高浓度的 SO_4^{2-} (郑国东,个人通讯)也为硫酸盐还原提供了大量的电子受体,因此,结合无机地球化学数据,从分子地球化学角度分析,Site 4B 沉积物中应该存在大量的 SRB 生物标志物。

$i/a\text{-C}_{15:0}$ 和 $i/a\text{-C}_{17:0}$ 支链脂肪酸在很多细菌中普遍存在,包括需氧细菌和厌氧细菌^[19]。然而大量研究表明,海洋沉积物中的 $i/a\text{-C}_{15:0}$ 和 $i/a\text{-C}_{17:0}$ 主要来自 SRB^[4,20,40],已从 *Desulfovibrio*、*Desulfobacter* 和 *Desulfobulbus* 菌属中大量分离出了这类支链脂肪酸^[16,41]。利用 H_2 、 CO_2 和乳酸盐做为基底,Taylor 和 Parkes^[35] 发现从 *Desulfovibrio desulfuricans* 菌属中分离出的 $i\text{-C}_{15:0}$ 和 $i\text{-C}_{17:0}$ 的含量远远高于 $ai\text{-C}_{15:0}$ 和 $ai\text{-C}_{17:0}$;从 *Desulfobacter* sp. 菌属中分离出的 $i\text{-C}_{15:0}$ 含量远远高于 $ai\text{-C}_{15:0}$,而 $i\text{-C}_{17:0}$ 含量小于 $ai\text{-C}_{17:0}$;从 *Desulfobulbus* sp. 菌属中分离出的 $i\text{-C}_{15:0}$ 含量小于 $ai\text{-C}_{15:0}$,但未检出 $i/a\text{-C}_{17:0}$ 。Site 4B 沉积物中 $i\text{-C}_{15:0}$ 和 $i\text{-C}_{17:0}$ 含量普遍低于 $ai\text{-C}_{15:0}$ 和 $ai\text{-C}_{17:0}$ (表 1),而且 $i\text{-C}_{15:0}$ 和 $ai\text{-C}_{15:0}$ 含量相关性非常好($R^2=0.882$,图 2),因此推测 $i\text{-C}_{15:0}$ 和 $ai\text{-C}_{15:0}$ 来源一致,可能主要来自 *Desulfobacter* sp. 和 *Desulfobulbus* sp. 菌属^[35]。

Elvert 等^[42] 研究认为 $16:1\omega5$ 和 $\text{cyc}17:0\omega5,6$ 是 SRB *Desulfosarcina/Desulfococcus* 菌属典型的生物标志物。然而,在 *Desulfomonas acetoxidans*、*Desulfobacter* AcBa 和 *Desulfobulbus* sp. 菌属^[43] 以及 *Desulfotalea* 和 *Desulforhopalus* 菌

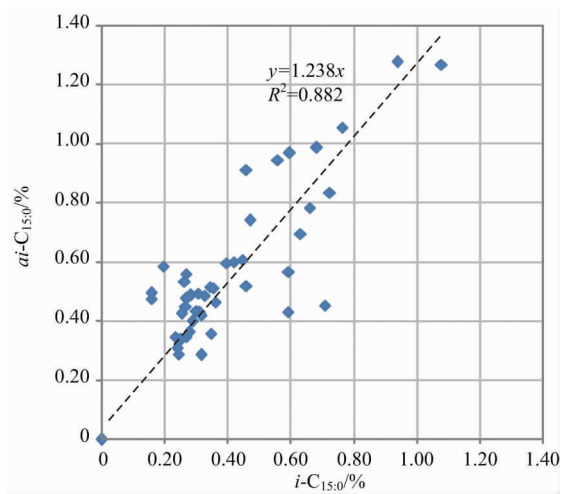


图 2 南海北部 Site 4B 沉积物中 $i\text{-C}_{15:0}$ 和 $ai\text{-C}_{15:0}$ 含量相关性
Fig. 2 The correlation of concentration of $i\text{-C}_{15:0}$ and $ai\text{-C}_{15:0}$ in Site 4B sediments

属^[44] 中大量分离出 $16:1\omega5$,却未检出明显的 $\text{cyc}17:0\omega5,6$,甚至在 *Desulfococcus multivorans* 和 *Desulfosarcina variabilis* 菌属中几乎未检出 $16:1\omega5$ 和 $\text{cyc}17:0\omega5,6$ ^[44-45]。这些不同的研究结果表明了虽然 $16:1\omega5$ 是 SRB 典型的生物标志物,但可能局限于某些特定的菌属中。Site 4B 沉积物中仅分离出了 $16:1\omega5$,而未检出 $\text{cyc}17:0\omega5,6$,结合沉积物中可能主要来自 *Desulfobacter* sp. 和 *Desulfobulbus* sp. 菌属的生物标志物 $i/a\text{-C}_{15:0}$ 和 $i/a\text{-C}_{17:0}$ 的存在事实,推测沉积物中仅检出的 $16:1\omega5$ 的可能同样来自 *Desulfobacter/Desulfobulbus* sp. 菌属^[43]。

研究发现 $18:1\omega9$ 能够存在于真菌中^[46],Fang 等^[47] 就曾在酸性的污水中检测到 $18:1\omega9$ 并认为是来自真菌,因为在这种环境中真菌比原核生物更稳定。由于真菌来源的 $18:1\omega9$ 同时含有更多的 $18:2\omega8,9$ ^[46-47],而 Site4B 沉积物中未检出或只有很少的 $18:2\omega8,9$,因此,推测真菌不是沉积物中 $18:1\omega9$ 的主要来源。研究发现在很多海洋细菌中 $18:1\omega9$ 和 $18:1\omega11$ 同时存在,并且 $18:1\omega11$ 含量远远大于 $18:1\omega9$ ^[17],认为是典型的细菌来源的标志^[48]。同样, $18:1\omega9$ 在革兰氏阴性菌中普遍存在^[49],Site 4B 沉积物中未检出的 $18:1\omega11$ 和 $18:2\omega8,9$ 表明了 $18:1\omega9$ 来自 SRB,是 *Desulfobacter* 菌属主要组成部分^[45]。

2.3 硫化菌生物标志物

需氧的革兰氏阴性菌主要生成单不饱和脂肪酸^[15],其中 $\omega7$ 同系物是深海热泉地区的微生物细

胞膜的主要特征脂肪酸组成^[41], 尤其硫氧化菌 (SOB) 主要含有 16 : 1ω7 和 18 : 1ω7 同系物^[6]。Jannasch^[7]曾分离了来自深海热泉地区的专性自养的 *Thiomicrospira crunega*, 发现其脂肪酸主要组成是 16 : 1ω7 和 18 : 1ω7c, 这一现象被 Guezennec 等^[50]用大西洋中脊的深海热泉培养出的 SOB 所证实。Jacq 等^[51]对比研究了利用加利福尼亚州潮下热泉培养的“*Thiothrix-like*”细菌和取自佛罗里达州的含有 *Beggiatoa* 的温泉样品, 发现它们的脂肪酸组成除了 *n*-C_{18:0}, 其他脂肪酸组成分布非常接近, 主要都是以 16 : 1ω7c 和 18 : 1ω7c 为主, 从而认为加利福尼亚州潮下热泉的“*Thiothrix-like*”细菌属于某种 SOB。SOB 不仅仅在深海热泉地区存在, 在其他海洋沉积物如秘鲁 H₂S 上升流地区^[52]、墨西哥湾冷泉地区^[53]中也大量发现。Guezennec 和 Fiala-Medioni^[41]从遍布泥火山的 Barbados Trench 沉积物中研究发现了某种嗜硫细菌, 其脂肪酸主要组成就是 16 : 1ω7 和 18 : 1ω7。Zhang 等^[21]曾在墨西哥湾水合物区发现了具备硫氧化能力、*Beggiatoa* 特征的丝状微生物, 分离得出脂肪酸主要成分为 16 : 1ω7c/t 和 18 : 1ω7c, 从而认为此处的微生物是某种 *Beggiatoa* 菌种。虽然 16 : 1ω7 和 18 : 1ω7 在海洋硅藻中同样非常丰富^[54], 然而常见的来自浮游植物的多不饱和脂肪酸如 20 : 5ω3 和 (或) 22 : 6ω3^[55]的未检出表明了 Site 4B 沉积物中检测出的 16 : 1ω7c/t 和 18 : 1ω7 应该也是某种 SOB 来源。同时, 无机地球化学数据表明 Site 4B 沉积物中富含硫化物^[54], SOB 可以通过氧化还原态的硫化物^[10]进行自养和 (或) 异养活动^[8-9, 11], 从而留下 SOB 的生物标志物。

2.4 硫酸盐还原菌和硫氧化菌分布指示意义

Site 4B 沉积物中 SRB 来源的 *i/a*-C_{15:0}、*i/a*-C_{17:0}、16 : 1ω5 和 18 : 1ω9 脂肪酸总含量 (T_{SRB}) 在沉积物中为 0.07~3.17 μg/g, 在 95~97 cm 层位达到最大值。SOB 来源的 16 : 1ω7c/t 和 18 : 1ω7 脂肪酸总含量 (T_{SOB}) 为 0~0.48 μg/g, 普遍低于 T_{SRB}; 在 95~97 cm 层位含量为 0.41 μg/g, 普遍高于其他层位 (表 1)。

研究表明很多 SRB 利用氧、硝酸盐和亚硝酸盐作为电子受体氧化硫化物、亚硫酸盐、硫代硫酸盐以及元素硫^[24], 然后, 元素硫再次歧化生成硫化物和硫酸盐^[56], 在海洋环境中硫歧化作用在硫循环过程中起到非常重要的作用^[57]。无论是用氧还是硝酸盐或者亚硝酸盐作为电子受体, 硫歧化作用的

过程都是相同的^[56], 当沉积环境中氧被消耗完时, 有氧呼吸和硫歧化作用停止, 此时大概有 75% 氧化生成的元素硫重新歧化生成硫化物和硫酸盐^[58]。Site 4B 沉积物中 T_{SRB} 相对 T_{SOB} 具有更高含量的现象可以解释为在富含硫酸盐的沉积环境中 (郑国东, 个人通讯), 在相对缺氧的环境下硫酸盐首先被 SRB 还原生成硫化物, 接着某些 SRB 和 SOB 利用沉积物中微量的氧或者硝酸盐作为电子接受体将硫化物氧化生成元素硫, 然后, 在沉积物中的氧被消耗光的情况下部分元素硫再次歧化生成硫化物和硫酸盐, 最后硫酸盐继续参与到还原反应中, 而硫化物则生成黄铁矿 (图 3)。在硫歧化作用下导致非常高的硫同位素分馏程度, 产生 δ³⁴S 值非常偏负的硫化物^[39]。Site 4B 沉积物中黄铁矿的硫同位素分馏程度达到 62.69‰~70.16‰^[54], 远大于正常海洋沉积物中的分馏强度^[59], 可能与沉积物中黄铁矿的硫被反复氧化和歧化有关, 从而观察到的黄铁矿具有极其偏负的 δ³⁴S。

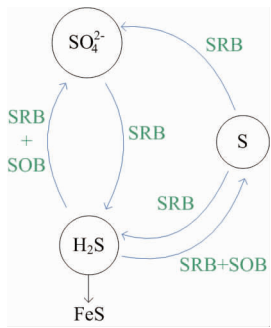


图 3 南海北部 Site 4B 沉积物中硫循环及其相关的微生物功能群示意图
Fig. 3 The sketch of sulfur cycle and associated microbial functional group in Site 4B sediments

Site 4B 沉积物硫循环过程中, 尽管 SOB 也参与了硫化物氧化的过程, 但大量的硫酸盐还原和硫化物氧化过程都被 SRB 主导, 从而导致沉积物中 T_{SRB} 普遍大于 T_{SOB}。T_{SRB} 在 95~97 cm 处达到最大值并以 18 : 1ω9 为主, 占据了 T_{SRB} 的 94.57%; T_{SOB} 在这一层位达到了次高值, 远远大于其他层位 (表 1, 图 4)。烃类数据 (海洋学报, 已接受) 研究表明沉积物 95~97 cm 层位存在大量的细菌输入和细菌的改造作用, 从而导致正构烷烃奇偶优势不明显, 和这一层位处最高的 SRB 和次高的 SOB 生物量相吻合。沉积物中 18 : 1ω9 碳同位素组成在 95~97 cm 层位 (-27.8‰) 和其他层位 (平均为 -25.6‰) 没有明显的差异 (表 1), 反映了其利用的碳源没有发生显著的变化。结合沉积物所处的珠江口盆地中央泥底劈

带构造背景^[33]以及站位附近地震剖面揭示的底辟构造和断裂体系发育事实(图 5),推断沉积物在 95~97 cm 剧增的 SRB 和 SOB 生物量是由于底辟构造运动将深部含水量少、密度较小的沉积物向上拱起,刺穿上覆沉积物层并覆盖在其表面,形成粒度较小的密实沉积。当沉积作用继续发生,含水量较高、粒度较粗的海洋沉积物直接沉积在密实沉积物表面,造成 Site 4B 沉积物粒度在垂向上突变,形成了 95 cm 层位宽松的沉积界面(图 1)。同时,底辟构造运动带来深部大量的营养流体以及沉积界面相对疏松的空间适宜 SRB 和 SOB 大量繁殖,从而在脂肪酸组分中留下大量的生物标志物以及在烃类组分中留下大量细菌输入和细菌改造的痕迹。

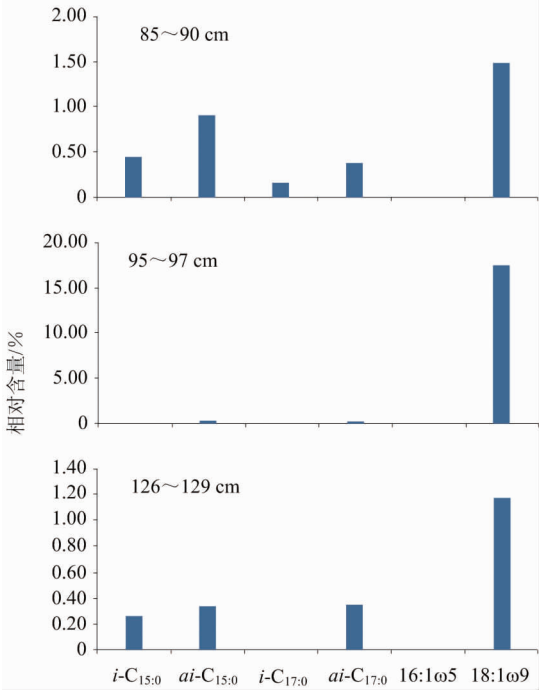


图 4 南海北部 Site 4B 沉积物部分层位 SRB 来源的特征脂肪酸分布

Fig. 4 Distribution of fatty acids from SRB in parts of the profile of Site 4B sediments

3 结论

(1)确定了南海北部神狐海域 Site 4B 沉积物剖面的脂肪酸 $i/a-C_{15:0}$ 、 $i/a-C_{17:0}$ 、 $16:1\omega_5$ 和 $18:1\omega_9$ 来自 SRB,而 $16:1\omega_7t/c$ 和 $18:1\omega_7$ 来自 SOB。

(2)沉积物中 SRB 主导了沉积物中硫循环过程,从而导致 SRB 生物量普遍大于 SOB 生物量。在硫酸化反应参与下,导致黄铁矿具有极其偏负的硫同位素组成。

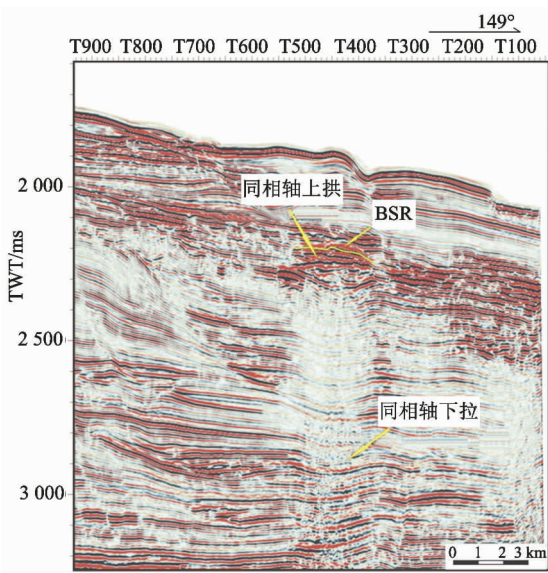


图 5 南海北部 Site 4B 站位附近地震剖面 HS248 揭示的底辟构造及其 V'AMP 现象(据文献[33])
地震剖面上可见天然气充注造成低速异常产生的同相轴上拱、下拉现象,其两侧、顶部常见亮点振幅异常
Fig. 5 Seismic profile HS248 showing the diapiric structure and its V'AMP feature around Site 4B in Shenhu Area (from reference [33])
On the profile, the lineups present the upward arch on the top and the downward drawing on the bottom, showing the lower velocity anomalies caused by the gas charging. On the top and both sides of diapiric structure, there exist the bright-spots (the amplitude anomalies)

(3)沉积物 95~97 cm 层位剧增的 SRB 和 SOB 生物量与站位底辟构造运动带来深部大量的营养流体以及 95 cm 沉积界面相对疏松的空间有关。

致谢:非常感谢广州海洋地质调查局提供了研究样品。

参考文献(References)

[1] Widdel F. Microbiology and ecology of sulfate-and sulfur-reducing bacteria[C]// In: Zehnder A J B (ed). Biology of anaerobic microorganisms. New York: John Wiley and Sons, 1988; 469-585.
[2] Jørgensen B B. Mineralization of organic matter in the sea bed-the role of sulphate-reduction[J]. Nature, 1982, 296: 643-645.
[3] Taylor J, Parkes R J. Identifying different populations of sulphate-reducing bacteria within marine sediment systems, using fatty acid biomarkers[J]. Journal of General Microbiology, 1985, 131(3): 631-642.
[4] Londry K L, Jahnke L L, Des Marais D J. Stable carbon isotope ratios of lipid biomarkers of sulfate-reducing bacteria[J]. Applied and Environment Microbiology, 2004, 70(2): 745-

- 751.
- [5] Sørensen J, Christensen D, Jørgensen B B. Volatile fatty acids and hydrogen as substrates for sulfate reducing bacteria in anaerobic marine sediment[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1981, 42(1): 5-11.
- [6] Jannasch H W, Nelson D C, Wirsén C O. Massive natural occurrence of unusually large bacteria (*Beggiatoa* sp.) at a hydrothermal deep-sea vent site[J]. Nature, 1989, 342(6251): 834-836.
- [7] Jannasch H W, Wirsén C O, Nelson D C, et al. *Thiomicrospira crumogena* sp. nov., a colorless, sulfur-oxidizing bacterium from a deep-sea hydrothermal vent [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1985, 35(4): 422-424.
- [8] Nelson D C, Wirsén C O, Jannasch H W. Characterization of large, autotrophic *Beggiatoa* spp. abundant at hydrothermal vents of the Guaymas Basin[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1989, 55(11): 2909-2917.
- [9] Strohl W R, Cannon G C, Shively J M, et al. Heterotrophic carbon metabolism by *Beggiatoa alba* [J]. Journal of Bacteriology, 1981, 148(2): 572-583.
- [10] Hagen K D, Nelson D C. Organic carbon utilization by obligately and facultatively autotrophic *Beggiatoa* strains in homogeneous and gradient cultures[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(3): 947-953.
- [11] Nelson D C, Jannasch H W. Chemoautotrophic growth of a marine *Beggiatoa* in sulfide-gradient cultures[J]. Archives of Microbiology, 1983, 136(4): 262-269.
- [12] Ravensschlag 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.
- [13] Laanbroek J H, Pfennig N. Oxidation of short chain fatty acids by sulfate-reducing bacteria in freshwater and marine sediments[J]. Archives of Microbiology, 1981, 128: 330-335.
- [14] Shaw N. Lipid composition as a guide to the classification of bacteria[J]. Advances in Applied Microbiology, 1974, 17: 63-108.
- [15] Lechevalier M P. Lipids in bacterial taxonomy-a taxonomist's view[J]. Critical Reviews in Microbiology, 1977, 5: 109-210.
- [16] Parkes R J, Taylor J. The relationship between fatty acid distributions and bacterial respiratory types in contemporary marine sediments[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 1983, 16: 173-189.
- [17] Perry G J, Volkman J M, Johns R B, et al. Fatty acids of bacterial origin in contemporary marine sediments [J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 1979, 43: 1715-1725.
- [18] Van Vleet E S, Quinn T G. Early diagenesis of fatty acids and isoprenoid alcohols in estuarine and coastal sediments[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 1979, 43: 289-303.
- [19] Boon J J, de Leeuw J W, Hoek G J, et al. Significance and taxonomic value of iso and anteiso monoenoic fatty acids and branched beta-hydroxy acids in *Desulfovibrio desulfuricans* [J]. Journal of Bacteriology, 1977, 129: 1183-1191.
- [20] Vainshtein M, Hippe H, Kroppenstedt R M. Cellular fatty acid composition of *Desulfovibrio* species and its use in classification of sulfate-reducing bacteria[J]. Systematic and Applied Microbiology, 1992, 15: 554-566.
- [21] Zhang C L, Huang Z Y, Cantu J, et al. Lipid Biomarkers and Carbon Isotope Signatures of a Microbial (*Beggiatoa*) Mat Associated with Gas Hydrates in the Gulf of Mexico[J]. Applied and Environment Microbiology, 2005, 71: 2106-2112.
- [22] Cypionka H, Widdel F, Pfennig N. Survival of sulfate-reducing bacteria after oxygen stress, and growth in sulfate-free oxygen-sulfide gradients [J]. FEMS Microbiology Letters, 1985, 31(1): 39-45.
- [23] Fukui M, Takii S. Survival of sulfate-reducing bacteria in oxic surface sediment of a seawater lake[J]. FEMS Microbiology Letters, 1990, 73(4): 317-322.
- [24] Dannenberg S, Kroder M, Dilling W, et al. Oxidation of H₂, organic compounds and inorganic sulfur compounds coupled to reduction of O₂ or nitrate by sulfate-reducing bacteria [J]. Archives of Microbiology, 1992, 158(2): 93-99.
- [25] Jørgensen B B, Bak F. Pathways and microbiology of thiosulfate transformations and sulfate reduction in a marine sediment (Kattegatt, Denmark)[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57(3): 847-856.
- [26] Freund C, Cohen Y. Diurnal cycles of sulfate reduction under oxic conditions in cyanobacterial mats[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1992, 58(1): 70-77.
- [27] Visscher P T, Prins R A, van Gemerden H. Rates of sulfate reduction and thiosulfate consumption in a marine microbial mat [J]. FEMS Microbiology Letters, 1992, 86(4): 283-294.
- [28] Ramsing N B, Kuehl M, Jørgensen B B. Distribution of sulfate-reducing bacteria, O₂ and H₂S in photosynthetic biofilms determined by oligonucleotide probes and microelectrodes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(11): 3840-3849.
- [29] Teske A, Wawer C, Muyzer G, et al. Distribution of sulfate-reducing bacteria in a stratified fjord (Mariager Fjord, Denmark) as evaluated by most-probable-number counts and denaturing gradient gel electrophoresis of PCR-amplified ribosomal DNA fragments[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(4): 1405-1415.
- [30] Henrik S, Heribert C, Hans-Dietrich B. Vertical distribution of sulfate-reducing bacteria at the oxic-anoxic interface in sediments of the oligotrophic Lake Stechlin[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1997, 22: 245-255.
- [31] 于晓果, 韩喜球, 李宏亮, 等. 南海东沙东北部甲烷缺氧氧化作用的生物标志化合物及其碳同位素组成[J]. 海洋学报, 2008, 30(3): 77-84. [YU Xiaoguo, HAN Xiqiu, LI Hongliang, et al. Biomarkers and C-isotope composition in sediments and carbonates of the Dongsha region, South China]

- Sea; Evidence for anaerobic oxidation of methane[J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 2008, 30(3): 77-84.]
- [32] Ge L, Jiang S Y, Yang T, et al. Glycerol ether biomarkers and their carbon isotopic compositions in a cold seep carbonate chimney from the Shenhu area, northern South China Sea [J]. *Chinese Sci. Bull.*, 2011, 56: 1700-1707.
- [33] 吴能友, 杨胜雄, 王宏斌, 等. 南海北部陆坡神狐海域天然气水合物成藏的流体运移体系[J]. *地球物理学报*, 2009, 52(6): 1641-1650. [WU Nengyou, YANG Shengxiong, WANG Hongbin, et al. Gas-bearing fluid influx sub-system for gas hydrate geological system in Shenhu Area, Northern South China Sea[J]. *Chinese Journal of Geophysics*, 2009, 52(6): 1641-1650.]
- [34] 谢蕾, 王家生, 林杞. 南海北部神狐水合物赋存区浅表层沉积物自生矿物特征及其成因探讨[J]. *岩石矿物学杂志*, 2012, 31(3): 382-392. [XIE Lei, WANG Jiasheng, LIN Qi. The characteristics and formation mechanism of authigenic minerals in shallow sediments of Shenhu area, northern South China Sea[J]. *Acta Petrologica et Mineralogica*, 2012, 31(3): 382-392.]
- [35] Taylor J, Parkes R J. The cellular fatty acids of the sulphate-reducing bacteria, *Desulfobacter* sp., *Desulfobulbus* sp. and *Desulfovibrio desulfuicans* [J]. *Journal of General Microbiology*, 1983, 129: 3303-3309.
- [36] Zelles L, Palojarvi A, Kandeler E, et al. Changes in soil microbial properties and phospholipid fatty acid fractions after chloroform fumigation [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1997, 29: 1325-1336.
- [37] Xiao S H, Schiffbauer J D, McFadden K A, et al. Petrographic and SIMS pyrite sulfur isotope analyses of Ediacaran chert nodules: Implications for microbial processes in pyrite rim formation, silicification, and exceptional fossil preservation [J]. *Earth and Planetary Science Letters*, 2010, 297(3): 481-495.
- [38] Berner R A. Sedimentary pyrite formation: An update [J]. *Geochim Cosmochim Acta*, 1984, 48: 605-615.
- [39] Habicht K S, Canfield D E. Isotope fractionation by sulfate-reducing natural populations and the isotopic composition of sulfide in marine sediments [J]. *Geology*, 2001, 29: 555-558.
- [40] Zhang C L, Y Li, Wall J D, et al. Lipid and carbon isotopic evidence of methane-oxidizing and sulfate-reducing bacteria in association with gas hydrates from the Gulf of Mexico [J]. *Geology*, 2002, 30: 239-242.
- [41] Guezennec J, Fiala-Medioni A. Bacterial abundance and diversity in the Barbados Trench determined by phospholipids analysis [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1996, 19(2): 83-93.
- [42] Elvert M, Boetius A, Knittel K, et al. Characterization of specific membrane fatty acids as chemotaxonomic markers for sulfate-reducing bacteria involved in anaerobic oxidation of methane [J]. *Geomicrobiology Journal*, 2003, 20: 403-419.
- [43] Dowling N J E, Widdle F, White D C. Phospholipid ester-linked fatty acid biomarkers of acetate-oxidizing sulfate-reducers and other sulfide-forming bacteria [J]. *Journal of General Microbiology*, 1986, 132: 1815-1825.
- [44] Rutters H, Sass H, Cypionka H, et al. Monoalkylether phospholipids in the sulfate-reducing bacteria *Desulfosarcina variabilis* and *Desulforhabdus amnigenus* [J]. *Archives of Microbiology*, 2001, 176(6): 435-442.
- [45] Kohring L L, Ringelberg D B, Devereux R, et al. Comparison of phylogenetic relationships based on phospholipid fatty acid profiles and ribosomal RNA sequence similarities among dissimilatory sulfate-reducing bacteria [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1994, 119(3): 303-308.
- [46] Vestal J R, White D C. Lipid analysis in microbial ecology: quantitative approaches to the study of microbial communities [J]. *Bioscience*, 1989, 39: 535-541.
- [47] Fang J, Hasiotis S T, Gupta S D, et al. Microbial biomass and community structure of a stromatolite from an acid mine drainage system as determined by lipid analysis [J]. *Chemical Geology*, 2007, 243: 191-204.
- [48] Sicre M A, Paillasseur J L, Marty J C, et al. Characterization of seawater samples using chemometric methods applied to biomarker fatty acids [J]. *Organic Geochemistry*, 1988, 12: 281-288.
- [49] Wilkinson S G. Gram-negative bacteria [C]// In: Ratledge C, Wilkinson S G (eds). *Microbial lipids*, London: Academic Press, 1988: 299-488.
- [50] Guezennec J, Ortega-Morales O, Raguene G, et al. Bacterial colonization of artificial substrate in the vicinity of deep-sea hydrothermal vents [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1998, 26(2): 89-99.
- [51] Jacq E, Prieur D, Nichols P, et al. Microscopic examination and fatty acid characterization of filamentous bacteria colonizing substrate around subtidal hydrothermal vents [J]. *Archives of Microbiology*, 1989, 152(1): 64-71.
- [52] McCaffrey M A, Farrington J W, Repeta D J. Geochemical implications of the lipid composition of *Thioploca* spp. from the Peru upwelling regions-15°S [J]. *Organic Geochemistry*, 1989, 14(1): 61-68.
- [53] Li Y L, Peacock A D, White D C, et al. Spatial patterns of bacterial signature biomarkers in marine sediments of the Gulf of Mexico [J]. *Chemical Geology*, 2007, 238(3): 168-179.
- [54] Volkman J K, Jeffrey S W, Nichols P D, et al. Fatty acid and lipid composition of 10 species of microalgae used in mariculture [J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 1989, 128(3): 219-240.
- [55] Yamanaka T, Sakata S. Abundance and distribution of fatty acids in hydrothermal vent sediments of the western Pacific Ocean [J]. *Organic Geochemistry*, 2004, 35(5): 573-582.
- [56] Fuseler K, Krekeler D, Sydow U, et al. A common pathway of sulfide oxidation by sulfate-reducing bacteria [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1996, 144(2-3): 129-134.
- [57] Jørgensen B B. A thiosulfate shunt in the sulfur cycle of marine sediments [J]. *Science*, 1990, 249: 152-154.

[58] Fuseler K, Cypionka H. Elemental sulfur as an intermediate of sulfide oxidation with oxygen by *Desulfobulbus propionicus*[J]. Archives of Microbiology, 1995, 164(2): 104-109.

[59] Wignall P B, Newton R. Pyrite framboid diameter as a measure of oxygen deficiency in ancient mud rocks[J]. American Journal of Science, 1998, 298(7): 537-552.

IDENTIFICATION OF SULFATE REDUCING BACTERIA AND SULFUR-
OXIDIZING BACTERIA IN MARINE SEDIMENTS FROM SHENHU AREA,
NORTHERN SOUTH CHINA SEA: IMPLICATION FROM FATTY ACIDS

MAO Shengyi^{1,2}, ZHU Xiaowei^{2,3}, SUN Yongge⁴,
GUAN Hongxiang^{1,2}, WU Daidai^{1,2}, WU Nengyou^{1,2}

- (1. Guangzhou Institute of Energy Conversion, CAS, Guangzhou 510640;
2. Guangzhou Center for Gas Hydrate Research, CAS, Guangzhou 510640;
3. Guangzhou Institute of Geochemistry, CAS, Guangzhou 510640;
4. Department of Geosciences, Zhejiang University, Hangzhou 310027)

Abstract: The lipid biomarkers of fatty acids in Site4B sediments from Shenhu Area, Northern South China Sea are studied in this paper and the sources of branched fatty acids and monounsaturated fatty acids are discussed. The results reveal that *i/a*-C_{15:0}, *i/a*-C_{17:0}, 16:1 ω 5 and 18:1 ω 9 are derived from sulfate reducing bacteria (SRB), while 16:1 ω 7t/c and 18:1 ω 7 are originated from sulfur-oxidizing bacteria (SOB). The distribution of SRB and SOB may be related with the process that sulfate was reduced to sulfide, and then sulfide oxidized to sulfate and element of sulfur, and at last elemental sulfur was disproportionated to sulfide and sulfate. In this process, SRB dominated the sulfur cycle system in the sediments. The increasing biomass of SRB and SOB at depths of 95~97 cm is related with diapire structure around Site4B, which carries a great amount of nutrient fluid.

Key words: sulfate reducing bacteria; sulfur-oxidizing bacteria; fatty acid; Shenhu Area