

<https://doi.org/10.3799/dqkx.2018.169>



再谈古生物学向地球生物学的发展： 服务领域的拓展与创新

谢树成, 殷鸿福, 刘 邓, 邱 轩

中国地质大学生物地质与环境地质国家重点实验室, 湖北武汉 430074

摘要: 地球科学前沿研究为社会服务是一个永恒的主题, 这在当前全球化背景下尤其迫切。古生物学作为一个受人瞩目的精品学科, 在向地球生物学发展过程中, 其服务领域正不断地拓展和创新。系统地总结了当前地球生物学在全球变化和油气资源两大领域的应用与拓展, 以及在关键带和深地两大领域的创新性发展。在全球变化领域, 藻类、古菌、细菌等地质微生物的脂类不仅能够用于估算古温度, 还可以记录干旱等极端古气候事件, 从而实现古温度与古降水信号的分离。地球生物学已经从探索生物对环境的响应深入到生物对环境的作用。地球生物学也在评价烃源岩、储层等常规油气资源领域得到广泛的应用, 但当前其更重要的应用表现在页岩气等非常规油气资源领域, 包括地质微生物形成页岩中的纳米孔隙, 形成易于压裂的长石、石英等矿物。在关键带研究领域, 地球生物学可以解剖碳循环与水循环之间的内在联系, 聚焦于地质微生物功能群的关键带地质微生物调查, 不仅可以查明污染物的分布和污染程度, 还可以为环境修复提供技术方法。而在深地研究领域, 为拓展对地下空间的利用, 需要充分利用地下工程对地下微生物开展调查和研究, 以查明地下环境中有害或者有益的微生物功能群分布及其地质作用。

关键词: 地质微生物; 全球变化; 分子地球生物学; 脂类; 关键带。

中图分类号: P52

文章编号: 1000-2383(2018)11-3823-14

收稿日期: 2018-04-17

On Development from Paleontology to Geobiology: Overview of Innovation and Expansion of Application Fields

Xie Shucheng, Yin Hongfu, Liu Deng, Qiu Xuan

State Key Laboratory of Biogeology and Environmental Geology, China University of Geosciences, Wuhan 430074, China

Abstract: To serve the society has always been the main goal for all the scientific research of geosciences, which is of particular significance in the globalization contexts. Paleontology, an important conventional academic disciplinary branch of geology, has already developed into a new stage of geobiology, which greatly expands the application fields closely related to the development of the society. In this paper, it presents an overview of the innovation and expansion of the application fields, including the expansion in the geobiological application of global change and fossil fuels, and the geobiological innovation in critical zones and deep Earth. Microbial lipids can be used not only as the proxies of paleo-temperature, but also as the indicators of paleo-hydroclimate, which makes it possible to independently reconstruct the paleo-temperature and paleo-hydrology in Earth history, a critical issue of the past global change. Geobiological archives could also help decipher the environmental settings of both the origin of life and the biotic evolution, and in particular geobiological records could help identify the biotic impact on environmental conditions. Geobiological methods could be applied to evaluate the hydrocarbon source rocks and the reservoir strata which were less explored by paleontology. Geobiology can be of great help in the investigation of non-conventional petroleum and gas, including the microbially-induced nanometer pores and minerals such as quartz and feldspar in gas-bearing shales. Mo-

基金项目: 国家自然科学基金项目(No.41330103); 国家重点研发计划项目(No.2016YFA0601100)。

作者简介: 谢树成(1967—), 男, 教授, 博士, 主要从事地球生物学研究和地质学相关教学工作。ORCID: 0000-0002-5763-2928。

E-mail: xiecug@163.com

引用格式: 谢树成, 殷鸿福, 刘邓, 等, 2018. 再谈古生物学向地球生物学的发展: 服务领域的拓展与创新. 地球科学, 43(11): 3823-3836.

molecular and isotopic geobiological techniques and methods are now used to investigate the causal relationship between carbon cycle and water cycle in a variety of critical zones of Earth surface systems. The investigations on the distribution of some geomicrobial functional groups in the critical zones will help understand the distribution of the environments polluted and help recover the polluted areas. Recently-proposed Deep Earth Plan aims to extend the habitable underground space, and this expansion awaits the investigations on deep subsurface microbial communities which may greatly ameliorate or even deteriorate the underground environments.

Key words: geomicrobe; global change; molecular geobiology; lipids; critical zone.

古生物学作为一门基础地质学科,有着辉煌的过去.这不仅仅是因为家喻户晓的达尔文进化论,更因为一些重要的地球科学领域离不开古生物学科的支撑.由于孢粉等微体古生物学对油气资源勘探极为重要,在 20 世纪,我国几乎没有哪一个油气田不接收古生物人才.当前,古生物学涌现出大量《Nature》和《Science》论文再次被大家瞩目,但又常常束之高阁,很多涉及国家重大战略的国家重大专项没有古生物学者参与.当前古生物学的接地气问题,成了其在新世纪发展的一大瓶颈.

生命起源以后,古生物的演化都是以创新为根本而实现飞跃发展的.虽然古生物的演化历程经历了大灭绝等一系列磨难,但每次都实实在在的创新发展了当前丰富多彩的生物圈.古生物学者对创新应该是最有深切体会的,古生物学科的发展也是以不断创新并服务于其他领域获得巨大发展的.当前,古生物学正向地球生物学发展(Reitner and Thiel, 2011; Knoll *et al.*, 2012; Bottjer, 2014),再次给广大古生物学者提供了一个极佳的发展机会.欧美发达国家当今的古生物学科发展现状再次提醒我们,尽快实现从古生物学向地球生物学发展极为迫切(Benton and Xie, 2014; Xie and Yin, 2014).笔者曾经从学科地位和研究领域两方面较为详细地分析了古生物学向地球生物学的发展(谢树成等, 2006).十多年过去了,地球生物学在全球,特别是在中国,得到了迅猛发展,服务领域正不断扩大.一个学科的生命力不仅与其深厚内涵密切相关,还在于其服务能力的拓展.这里主要从拓展和创新服务领域再谈从古生物学向地球生物学的发展.

1 地球生物学为全球变化领域服务的拓展

全球变化是当今地球科学研究最受人们瞩目的领域,涉及地球系统各圈层之间以及地球与其他星球之间的相互作用.地球生物学主要涉及生物圈与

地球其他圈层之间的相互作用,因而是研究全球变化的重要学科之一.

1.1 古生物学在全球变化领域的应用

古生物学在全球变化领域得到了比较广泛的应用.古植物学依然是全球变化领域的一个重要内容,古植物记录仍然是古气候研究的重要手段.例如,根据孢粉记录的古植被演化可以很好地反映古气候变化(赵艳等, 2017).基于第四纪孢粉学的一些基础性工作(如现代表土中花粉、植被和气候的对应关系),人们在孢粉数据库、花粉与古植被环境、古气候动力模拟以及古气候重建等方面的工作取得了很大的进展(孙湘君等, 1999; 郑卓等, 2013).植硅体的相关研究进一步提高了从古植被提取古气候信息的潜力(王永吉等, 1991; Silantyeva *et al.*, 2018).近几年,古植物学家在关注一个重要主题,那就是利用古植物角质层气孔示踪地质时期古大气 CO₂ 浓度的变化(Franks *et al.*, 2014; Steinthorsdottir *et al.*, 2016).以上这些技术方法均可以应用到久远的地质时期.

在短时间尺度的全球变化研究中,树木年轮是记录气候变化的重要材料(Liu *et al.*, 2017).树木的生长和环境密切相关,并受多种气候因子影响.其中,树木年轮宽度的增加与温度、降水、太阳辐射、CO₂ 浓度等气候因子有着复杂的相关关系.人们还利用生物气候指标来模拟和分析植被结构、功能与环境的定量关系,包括年均温、最冷月和最热月均温、极端低温、年降水及其季节性分配、以及各种干旱或湿润指数等(倪健, 2017).但这些手段很少应用于古老沉积物重建古气候.

然而,与其他的物理和化学代用指标相比,古植物在定量古气候研究方面没有明显的优势,同时古植物也很难分离出古温度、古降水等不同气候因子,原因在于古植被的变化受到不同气候因子的综合影响.除了古植物,硅藻、有孔虫、有壳变形虫、蜗牛、摇蚊等微体古生物(蒋辉等, 2002; 秦养民等, 2013; 李丰江等, 2016; 张恩楼等, 2016)也被广泛应用到古气

候古环境重建中,在全球变化领域发挥了重要作用。然而,从古生物学发展到地球生物学,在全球变化领域应用最广的并不是这些古植物和微体古生物。细菌、古菌等地质微生物以及一些高等植物的脂类分子,在当前全球变化领域得到了最广泛的应用,它们均可以用来定量示踪全球气候变化。

1.2 地质微生物与古温度定量估算

地质微生物在全球变化研究领域越来越重要,特别是在古气候定量重建方面。海洋有孔虫的氧同位素曾作为温度变化的代用指标。近年来,地质微生物方面的最大进展莫过于利用各类微生物脂类化合物定量重建古温度,分子古气候学也因此得到了广泛而快速的发展。例如,藻类长链烯酮的不饱和度 $U_{37}^{k'}$ (Brassell *et al.*, 1986; Prahl and Wakeham, 1987)、藻类长链二醇化合物 (Rampen *et al.*, 2012; de Bar *et al.*, 2016)、古菌异戊二烯结构的甘油二烷基甘油四醚化合物 TEX_{86} (Schouten *et al.*, 2002)、细菌支链甘油二烷基甘油四醚化合物的环化和甲基化参数 MBT/CBT (Weijers *et al.*, 2011) 等。新近还发现了革兰氏阴性细菌的 3-羟基脂肪酸可以用来重建古温度 (Wang *et al.*, 2016)。长链烯酮的不饱和度 $U_{37}^{k'}$ 起初主要应用在海表温度重建上,随后拓展到湖泊里,但其在湖泊上的应用远比海洋中的复杂 (Sun *et al.*, 2007)。古菌 TEX_{86} 起初也主要应用在海表温度重建上,随后拓展到湖泊,并在深水湖泊的古温度重建上取得成功 (Powers *et al.*, 2004)。细菌 MBT/CBT 则主要用于陆地环境古温度的重建。在一个研究领域,像地质微生物这样拥有如此之多可用于定量重建古温度的代用指标是很少见的。微生物主要通过调整细胞膜脂类分子的不饱和键、甲基和五元环数量来响应外界温度的变化 (图 1)。尽管还存在一些应用的限制性条件 (谢树成等, 2018),但微生物脂类分子仍是当前定量古温度的极佳代用指标,也是当前分子地球生物学

的一个很有潜力的发展方向。

目前,地质微生物重建古温度的工作将向以下几个方向发展: (1) 将分子生物学与分子地球生物学结合 (Belin *et al.*, 2018)。分子生物学告诉我们主要脂类的生物来源及其合成途径,分子地球生物学则帮助我们建立脂类分子与环境条件之间的定量关系; (2) 不断拓展研究载体,除了从海洋拓展到湖泊以外,石笋、泥炭地等全球变化载体也在拓展; (3) 寻找更多的量化指标,以实现多指标之间的相互验证,提高重建结果的可靠性。

1.3 地质微生物与古水文气候事件的识别

除了古温度外,干旱、洪涝等古水文气候 (hydroclimate) 事件也是全球变化研究的一大关键领域。然而,旱灾、洪灾等极端古水文气候事件很难开展研究,主要问题在于缺乏可靠的代用指标。最近发现,一些微生物的脂类分子可以用来识别这些古水文气候事件,已经分别在黄土—古土壤、泥炭地、石笋等陆地全球变化的关键载体中建立了一些微生物的古水文气候代用指标 (Xie *et al.*, 2013; Dang *et al.*, 2016a, 2016b; Tang *et al.*, 2017)。例如,细菌与古菌 GDGT 的比值 $R_{i/b}$ 与土壤湿度有关,可以记录地质时期干旱等古气候事件。利用这一新的古水文气候指标,从黄土高原中识别出一系列的极端干旱事件,这些极端干旱事件主要出现于冰期结束时期,而且可能与低纬度海—气相互作用有关,明显不同于东亚冬季风造成的由黄土颗粒粒度所反映出的冰期干旱气候 (Tang *et al.*, 2017)。细菌与古菌 GDGT 的另一个比值 BIT 也可以用来反映大干旱事件 (Fawcett *et al.*, 2011)。一些泥炭地好氧细菌产生的藿类通量可以重建古水文气候的变化 (Xie *et al.*, 2013)。在石笋中,一些与 pH 密切相关的、来自革兰氏阴性细菌的 3-羟基脂肪酸的参数可以用来重建古水文气候变化 (Wang *et al.*, 2016)。

不仅是微生物脂类可以记录极端干旱事件,微

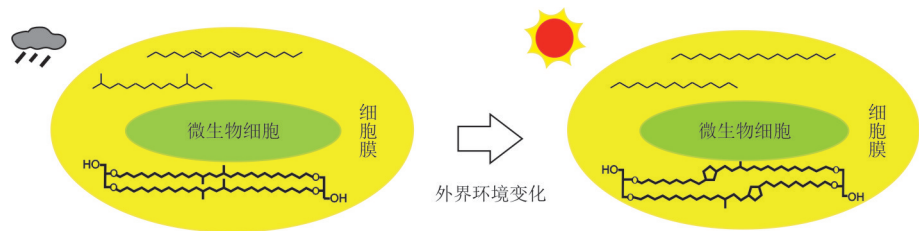


图 1 微生物通过调整细胞膜脂类分子的甲基、五元环和不饱和键的数量来响应外界环境变化 (如升温) 的示意
Fig.1 Schematic diagram of microbial response to the outside environmental condition (i.e., rising temperature) via methylation, cyclization and unsaturated bond changes of cell membrane lipids

生物改造高等植物的脂类也可以记录古水文气候事件.在高等植物三萜烯化合物被好氧细菌改造和芳构化过程中形成的芳构化三萜烯,可以记录一些地质体的古水文气候变化.这些指标已经应用到泥炭沉积物重建古水文气候事件(Huang *et al.*, 2015).高等植物来源的高碳数正构烷烃,经过微生物作用以后,其碳优势指数 CPI 会发生变化,而 CPI 可以用来指示古水文气候变化(Luo *et al.*, 2012; Huang *et al.*, 2016).CPI 值的变化与植被类型没有相关性,主要与微生物降解高等植物脂类有关,而微生物与高等植物之间的相互作用受古气候的影响,尤其受湿度的影响.

由于利用地质微生物脂类既可以计算出古温度,又可以定性地研究古水文气候事件,因此,在一个地点,地质微生物可以分离出温度与水文的信号,从而可以查明温度与水文事件的关系,这是地质微生物研究的一大优势.笔者曾经在神农架大九湖泥炭湿地沉积物中钻取一根岩心,利用好氧细菌的藿类通量重建了 1.3 万年以来的古水文气候变化(Xie *et al.*, 2013),同时利用微生物的醇类参数重建了 1.3 万年以来的古温度变化(Huang *et al.*, 2015),从而发现长江中游地区温度与水文气候之间的复杂关系.根据这根岩心重建的温度与水文气候的关系,笔者推测了在未来全球变暖的前提下长江中游水文气候的变化,并被纳入第 3 次气候变化国家评估报告.但目前这方面的工作还很少,亟待开拓.

尽管地质微生物脂类可以用来识别地质时期的干旱等极端气候事件,但目前还缺乏定量的古水文气候计.地质微生物脂类在这点上与古温度计相差甚远,需要大力加强,这将是未来的发展方向之一.古温度计主要基于细胞膜的生理学响应,而不是基于微生物群落的变化.不同微生物细胞膜脂对古温度的响应可能基本类似.相反,古水文气候计主要是基于微生物群落的变化,干旱化指标 $R_{i/b}$ 就是代表了产 GDGT 的古菌和细菌群落的相对比例变化等信息.因此,要建立定量的古水文气候计,可能也需要像古温度计那样,寻找到基于细胞膜的生理学响应的指标,而不是基于群落变化的指标.未来发展的第 2 个方向是拓展古水文气候的研究载体,特别是湖泊沉积物.如何建立湖泊沉积物微生物脂类的古水文气候指标,需要进行深入的现代过程调查和微生物生理学、生态学的分析.第 3 个努力方向是利用地质微生物把古温度与古水文气候信号进行分离,只有这样才能预测在未来温度变化情况下(如全球

变暖)一个地区诸如干旱等气候的变化趋势,然而这是目前全球变化研究中的一大难题.

1.4 高等植物脂类在全球变化领域的新应用

以往古植物学主要基于古植被变化与古气候之间的密切关系来重建古气候.在当前,地球生物学则从脂类的分子和同位素角度直接分析古气候的变化.这些脂类中的一部分与古植被变化有关而被间接地用来重建古气候,一部分直接与古气候变化相关.因此,除了孢粉、植硅体等反映植被变化的古生物学方法外,高等植物来源的脂类单体同位素组成也可以被广泛地应用于古气候的重建.例如,高等植物脂类的氢同位素,不管来源于何种高等植物,都可以直接记录古气候变化(Sachse *et al.*, 2012).低纬度湖泊沉积物中的高等植物脂类氢同位素与湿度(降水量)有关(Schefuß *et al.*, 2005; Tierney *et al.*, 2008),而高纬度地区则与古温度变化有关(Xie *et al.*, 2000; Hou *et al.*, 2007),因而可以用来记录不同的古气候变化.这大大拓展了古植物在全球变化领域的应用.

由于高等植物脂类的单体氢同位素可以用来反映古气候,而单体碳同位素可以用来反映古植被的变化,因此单体碳、氢同位素的联合使用,可以探索生物与环境之间的相互作用,这将是未来的发展方向之一.例如,不同水文气候条件下,泥炭地碳循环的变化规律(如干旱条件下泥炭地是甲烷汇还是甲烷源的问题),就可以同时使用单体碳、氢同位素开展研究.同时,不同高等植物在利用水的氢元素时,可能会产生同位素差异,因此不同高等植物来源的脂类单体氢同位素的差异可能更有利于我们用来探索更加精细的古气候变化,单体氢同位素的差值也是未来需要努力突破的方向之一.

1.5 从地球生物学角度探索生物对环境的作用

以往古生物学更多地探讨环境对生命起源和生物演化的影响,其实质是环境对生物的控制作用.当前地球生物学的一个重要主题则是探索各类不同生物对地质环境的作用与影响.当今我们所看到的地球,有别于月球等其他星体,一大关键原因在于地球生物圈对地球环境的改造作用.已有研究表明,微生物是驱动碳、氮、硫等元素生物地球化学循环的引擎(Falkowski *et al.*, 2008),地质微生物是研究生物圈对地质环境改造作用的关键对象.海洋的生物泵,以及近些年提出的微型生物碳泵均显示了微生物通过碳循环对地质环境的作用.微生物的地质作用是未来需要极力突破的领域.

生物的产氧作用和吸收 CO_2 作用对气候有重大影响,在本专辑里,殷鸿福等(2018)提出了地史上早期成氧事件后出现冰期,并在后期两者逐渐同步,显示了大气 CO_2 浓度的降低与大气含氧量的升高有共存关系,而这两者的共存只能通过生物的光合作用以及随后的有机碳埋藏加以实现,因此,这些时期的冰期和大气含氧量的升高与光合生物的大发展有密切关系,是生物对古气候作用的具体表现.这是地球生物学很值得深入的领域.在关键气候环境转型期,生物的地质作用是未来地球生物学的重要发展方向.

2 地球生物学为油气资源领域服务的拓展

油气资源是地球科学的传统研究领域.当前,非常规油气资源的发现,给这个领域带来了新的生机与活力,这也为地球生物学的应用提供了广阔的平台.

2.1 古生物学在油气资源领域的应用

古生物学为油气资源的勘探做出了突出的历史性贡献,主要表现在以下几个方面.一是生物地层为油气目标层位的确定提供了关键依据,可以进行区域乃至全球的对比.这方面的工作主要来自一些微体古生物化石,特别是孢粉化石.二是一些微体古生物为油气资源的形成提供了重要的物质基础,石油的形成主要与一些来自菌藻低等生物的腐泥型干酪根有关.三是生物化石可以反映油气形成时的古地理、古气候等环境条件,孢粉在这方面也发挥了重要作用.当前,地球生物学在油气资源领域的应用完全不同于以往的古生物学,地质微生物在常规油气和非常规油气资源领域正得到广泛应用.

2.2 地球生物学在常规油气资源领域的新应用

在常规油气资源领域,地球生物学方法可以从生物生产力、沉积有机质和埋藏有机质 3 方面来评价烃源岩及其层位,为区域油气资源勘探提供重要依据(谢树成等, 2016a).烃源岩的形成与有机质的产生和保存这两个基本的地球生物学过程密切相关.而这两个基本过程都与不同微生物功能群及其与环境的作用有关.古海洋有机质的产生(生产力)直接体现了自养生物与水圈、大气圈的相互作用,而有机质的保存(沉积和埋藏有机质)与水—沉积物界面的氧化还原条件密不可分,集中体现了好氧和厌氧微生物功能群的作用.因此,烃源岩的形成实际上

体现了从生物初级生产力到沉积有机质,再到埋藏有机质这一过程中,微生物(特别是细菌、古菌和藻类)与环境之间的相互作用,是典型的地球生物学过程.这是地球生物学方法评估烃源岩的理论基础,其方法是从恢复生物初级生产力到沉积有机质再到埋藏有机质的过程来正演烃源岩形成的具体过程,估算其最大资源量(谢树成等, 2016a),并可以与传统的从残余有机碳反演的方法进行对比.

除了用于烃源岩评价以外,地球生物学还可以在油气资源的储层研究中发挥出色的作用.白云岩是目前公认的重要油气储层,古生物学基本没有在白云岩储层中得到应用,但地球生物学可以从各类微生物功能群参与白云石的形成角度来探索油气储层.白云岩的成因一直是沉积学中的难题,这是因为白云岩在地质时期广泛分布,但在实验室的常温常压条件下不能无机合成白云石,现代水体在过饱和条件下也不会沉淀出白云石.微生物为解开这个白云岩之谜提供了突破口.白云石的形成需要经历含镁无定形碳酸钙、原白云石、晶序规整的化学计量白云石 3 个阶段(Rodriguez-Blanco *et al.*, 2015).目前已经发现,许多微生物可以参与形成白云石的这 3 个阶段,至少在前两个阶段中发挥重要作用.最先发现硫酸盐还原细菌可以通过降低环境中硫酸盐浓度促使白云石沉淀.现在已经发现,嗜盐古菌、甲烷菌等微生物均可以参与白云石的形成(Zhang *et al.*, 2015; Qiu *et al.*, 2017),这些微生物的羧基官能团有可能促进镁、钙离子有序排布.这为地球生物学服务于油气资源打开了一个窗口.

2.3 地球生物学在非常规油气资源领域的应用

地球生物学在非常规油气领域也有重要的应用,这是以往古生物学难以想象的.地质微生物服务于油气资源的新时代正向我们走来.目前来看,地质微生物至少存在 3 方面的作用.

(1)储存页岩气的纳米孔隙,可能部分地与微生物及其产生的有机质有关.黏土矿物是页岩中最丰富的矿物,而微生物可以改造黏土矿物,导致一部分黏土矿物分解并形成一系列孔隙.特别是富含铁的黏土矿物,在微生物作用下可以形成许多纳米和亚微米孔隙,为页岩气的聚集提供了存储空间.现已发现,许多厌氧微生物可以与黏土矿物发生相互作用,包括异化铁还原菌、硫酸盐还原菌、产甲烷菌等(Liu *et al.*, 2012).这些微生物均可以使黏土矿物产生一系列的纳米级孔隙(图 2).

(2)微生物与黏土矿物相互作用可以形成诸如

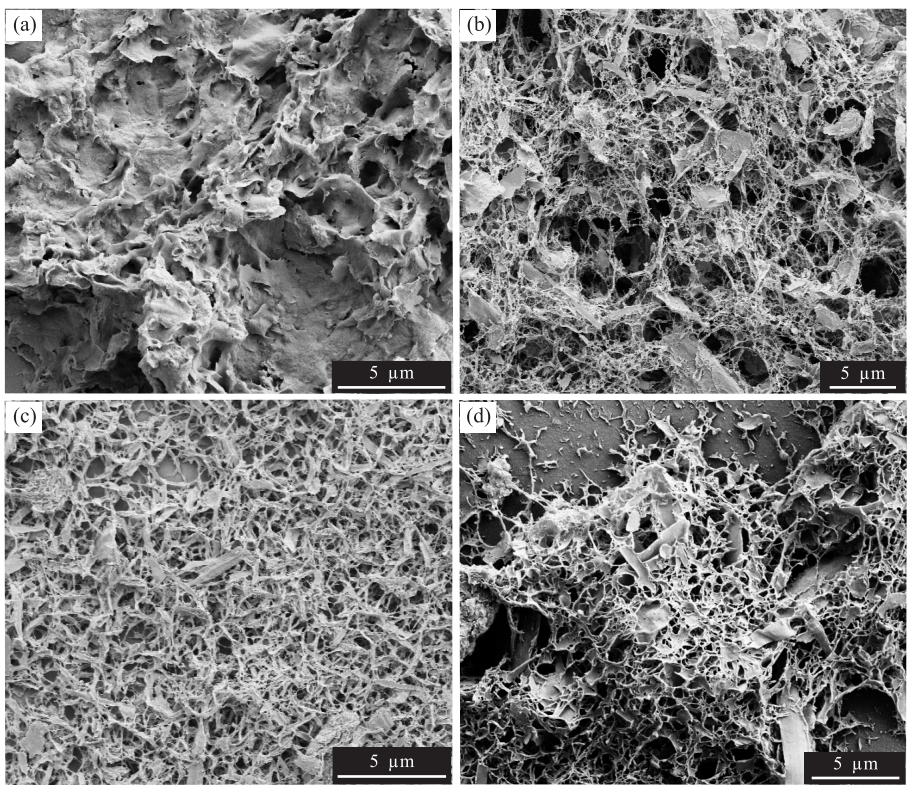


图 2 微生物作用前后黏土矿物的形貌差异所揭示的孔隙变化

Fig.2 SEM images showing the variations of the morphology and the pores of clay minerals impacted by different microbes
a.对照组;b.异化铁还原菌反应组;c.硫酸盐还原菌反应组;d.产甲烷菌反应组

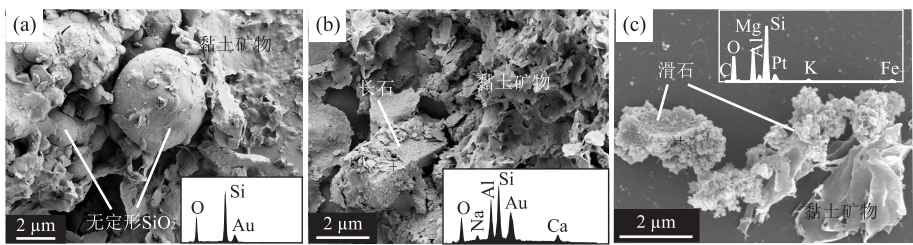


图 3 厌氧微生物与含铁黏土矿物反应后生成的无定形 SiO_2 (a)、长石(b)和滑石(c)的扫描电镜照片和 X-射线能谱图
Fig.3 SEM images and the X-ray energy dispersive spectroscopy of amorphous silica (a), feldspar (b) and talc (c) formed from clay minerals induced by anoxic microbes
X-射线能谱图里的 Au 和 Pt 信号来源于样品表面喷涂的导电层

石英的前驱相——无定形 SiO_2 ，以及长石、滑石等矿物。除了黏土矿物，页岩中还存在石英、长石等矿物。这些原来被认为是“碎屑”成因的矿物，可以是微生物形成的自生矿物(图 3)。长石是大部分岩浆岩及变质岩的主要造岩矿物，显然其形成历经高温和高压作用过程，而沉积岩中的长石类矿物往往被解释为陆源搬运再沉积的产物。最近的研究显示，碱性铁还原菌在还原富铁蒙皂石结构铁的同时能在室温条件下沉淀钙长石(Liu *et al.*, 2015)。一些微生物在分解黏土矿物过程中，释放出 SiO_2 ，经成岩作用后可形成石英。石英、长石等矿物的存在增加了页岩的

孔隙，而且更为重要的是这些矿物可以增强页岩气的压裂效果，因为硅质、钙质矿物成分越高，页岩储层在加砂压裂时越容易被压裂，从而对非常规油气资源的开采具有重要意义。在四川盆地地下古生界筇竹寺组和龙马溪组页岩储层中，石英及方解石等脆性矿物含量均超过 40%。这些矿物是否与微生物作用有关，很值得深入研究。

(3)微生物可以将一些容易膨胀的矿物(如蒙脱石)转化为非膨胀性的矿物(如伊利石)，从而解决油气勘探中黏土矿物的水敏性问题。膨胀性黏土矿物是石油勘探开采中经常遇到的水敏性问题的主因。

也就是说,当外来流体进入储层后,引起储层中的粘土矿物发生水化膨胀而造成储层渗透率下降的可能性,这给油气勘探开采带来了很大的问题.蒙皂石向伊利石转化是沉积成岩阶段所发生的典型地球化学反应之一.在没有微生物参与下,这些矿物之间的转变很难在浅部环境发生,而需要很高的温压条件才能实现.笔者曾经提出“微生物与一些地质温压具有等效作用”的思想(谢树成等, 2016b),微生物能够在常温常压下实现这些矿物的转变.微生物之所以具有这些特殊的地质作用,是因为它们拥有活性酶、具有比较大的比表面积及表面丰富的官能团.微生物可以通过这些具有催化能力的活性酶的作用,降低一些热力学反应的吉布斯自由能,克服一些化学反应的动力学障碍.而且,微生物具有较大的比表面积及表面丰富的官能团,能够通过物理吸附降低矿物晶核表面的自由能.微生物通过这些生物化学过程和生物物理过程能完成需要一定温压条件才能进行的化学过程和物理过程,从而使一些深部地质过程在地表常温常压环境下实现(谢树成等, 2016b).在浅部环境,利用微生物实现膨胀性粘土矿物向非膨胀性粘土矿物转变就可以消除或者降低水敏性问题.

3 地球生物学为关键带领域服务的创新

地球科学与人类社会可持续发展的关系越来越紧密,而涉及地球表层系统的关键带(critical zone)研究正引起人们的重视.关键带主要是指从风化岩石(或地下水)的底部到植被的顶部这个可渗透的陆地区域,涉及岩石、土壤、水、大气和生命的短期和长期的相互作用,是水和土壤的形成以及生命活动的关键地带.关键带区别于地球任何其他地质体的主要点在于生态系统,因此,地球生物学是研究关键带的重要手段之一.

3.1 从地球生物学角度探索关键带的碳循环与水循环及其相互关系

尽管关键带的形成与演化受多种环境因子与地质条件的控制,但水和碳是两大最重要因素.水影响生态系统,碳则是生态系统的主要体现之一.因此,关键带的核心科学问题是需要探索水循环与碳循环之间的关系,而地球生物学是解决这个问题最重要的学科之一.

首先,在当前全球变化过程中,包括中国在内的

许多地区不断出现严重的旱灾和洪灾,这些自然灾害的出现直接与一个地区的降水有密切关系.然而,过去全球变化的研究着重于探索古温度的变化,如全球变暖的问题等.人们对与旱灾和洪灾有关的降水变化则因代用指标的缺乏而难以开展深入的地质记录研究,更谈不上对地质时期古水文气候空间变化的深入了解,这成了过去全球变化研究中的瓶颈.如前所述,微生物脂类是研究古水文气候的一个重要抓手,笔者先后提出了泥炭、土壤、石笋等许多不同关键带类型的古水文气候代用指标(Xie *et al.*, 2012, 2013; Wang *et al.*, 2016; Tang *et al.*, 2017).高等植物脂类的单体氢同位素也可以反映与水有关的信息,特别是低纬度地区的脂类氢同位素.地球生物学方法有助于人们解决与水循环有关的关键带问题.

其次,关键带碳循环的研究不仅需要一些无机碳的资料,更需要有机质和微生物的记录.特别是微生物功能群直接关系到关键带的碳循环.而且,关键带的碳循环与水循环之间存在密切的关系,是关键带的最关键问题之一.但我们对这个问题了解得很少,需要从地球生物学角度进行深入解剖.例如,在泥炭湿地系统中,泥炭藓利用许多来自与其共生的嗜甲烷细菌形成的 CO_2 进行光合作用(Raghoebarsing *et al.*, 2005),而嗜甲烷细菌因需要氧气,又与泥炭地的水文条件密切相关,从而构成了水循环与碳循环之间的密切关系.值得注意的是,泥炭地有机质的氧化过程就与水位的变化密切相关.泥炭地水位低,有机质被氧化而消耗掉;水位高,则有机质被转化成 CH_4 的比例高.这些过程的研究都需要地球生物学技术方法,特别是分子地球生物学技术方法的支撑.在碳酸盐岩发育的喀斯特岩溶地区,植物和微生物对碳循环的影响已经比较明确,但碳循环与水循环之间的关系还不甚清楚.例如,在干旱与湿润气候条件下,碳循环有什么差异?我们对这个问题了解得很少.

值得一提的是,不同生态系统的突变、生态灾难和环境事件的发生往往与关键带 pH 变化有一定的联系.酸雨的出现、湖泊富营养化、泥炭湿地退化和珊瑚白化等都与 pH 的变化有关.在湖泊生态系统, pH 在富营养化过程中发生明显变化(Havens, 2008; Chen *et al.*, 2010),并通过影响氧化还原敏感元素的分布来影响底栖生物的群落组成(Patterson *et al.*, 2013).pH 不仅在一些泥炭湿地的不同演化阶段发挥关键作用(Markel *et al.*,

2010), 还是一个影响泥炭地甲烷产生和可溶有机碳排放的重要因子(Ye *et al.*, 2012). 因此, pH 是影响关键带生态系统的一个极其重要的环境因子. 值得注意的是, 一些关键带的 pH 与区域降水明显相关. 我国土壤 pH 变化与雨带吻合, 干旱地区土壤的 pH 很高, 呈碱性, 甚至出现了盐碱土; 而在比较湿润的地区, pH 偏低, 出现了酸性土壤, 如南方的红土、森林土等(Yang *et al.*, 2011). 同时, 醚、醇、藿类等各类地质微生物脂类能很好地示踪地质体中 pH 的变化(Xie *et al.*, 2012; Huang *et al.*, 2015; Wang *et al.*, 2016). 因此, 关键带 pH 与降水量、地质微生物三者之间的密切关系为我们以微生物脂类为纽带研究古气候, 特别是研究与古水文有关的环境因子(干旱化、盐碱化)及其与碳循环的关系这一难点问题起到了桥梁作用. 分子地球生物学在这方面有广阔的应用前景.

3.2 区域地质微生物调查与关键带污染环境的修复

除了水循环与碳循环等关键科学问题以外, 关键带的污染问题也越来越严重, 成了另一个重大科学难题和社会问题. 地球生物学可以在这方面发挥出色的作用. 与重金属污染相关的微生物功能群的区域调查乃至流域调查, 不仅可以根据微生物的分布了解重金属污染的现状与变化趋势, 而且还可以为重金属污染环境的修复提供微生物种质资源库, 从而破解区域环境污染的难题, 对实现绿色发展具有重要的创新意义. 这在矿区关键带的研究中尤为重要. 首先, 微生物是重金属元素地球化学循环的重要驱动力, 能够利用重金属离子参与其呼吸过程, 进而改变其价态, 影响重金属的迁移, 造成环境污染或清除环境中的有毒元素. 其次, 被环境污染的土著微生物会主动改变群落结构和功能来适应或者抵抗环境的重金属污染(Azarbad *et al.*, 2015), 这样微生物群落结构就可以反映环境污染的状况. 最后, 重金属污染场地具有丰富的与重金属迁移转化相关的微生物种类, 是进行重金属污染环境微生物修复的重要种质资源库. 人们能从 Cd 污染严重的环境中分离出大量具备较强 Cd 耐受和吸附能力的乳酸菌菌株, 为 Cd 污染的原位治理奠定了基础(Kumar *et al.*, 2017). 这是因为微生物在对环境的适应过程中会演化出对重金属的抗性, 从而具有修复重金属污染的潜能(Azarbad *et al.*, 2015).

除了矿区关键带, 微生物也是农业区土壤、水体及其沉积物的重要组成部分, 不仅数量巨大而且种

类繁多. 它们可以分解有机质, 转化含氮或磷化合物为农作物和水生生物提供营养元素, 降解有毒物质(如农药、抗生素)等(Jacobsen and Hjelmsø, 2014). 因此, 农业区地质微生物调查对于评价土壤肥力和改善农业土壤环境具有重要指导意义, 是推动生态农业、绿色农业以及可持续农业发展的关键. 早在 20 世纪 90 年代, 美国地调局(USGS)就报道过利用本源微生物修复受污染土壤和水体(Monachese *et al.*, 2012). 不管是利用微生物了解环境污染状况, 还是利用微生物进行环境修复, 首先要进行地质微生物的调查, 在此基础上, 才有可能筛选出微生物功能群进行修复工作. 因此, 对重金属污染区(如矿区)和农业污染区(如养殖区)开展地质微生物的调查具有重要的意义.

地质微生物处于生态系统食物链最底层, 向上作用于动物和植物, 向下作用于环境, 是生物与环境相互作用的纽带. 由于微生物在生态系统所处的这种地位, 生态环境一旦出现问题, 首先在地质微生物上反映出来. 例如, 汉江下游分别在 2000 年、2003 年、2009 年、2014 年出现大范围的水华, 就是微生物对环境恶化的一种响应. 又例如, 含砷地下水和矿区酸性矿坑水等现象的出现均与地质微生物的作用具有很大关联. 值得指出的是, 这些微生物类群的功能多样性既能恶化环境, 也能为改善环境提供多样性的服务. 其中某类微生物功能群能够指示环境的污染程度及其时空分布, 其他类别的微生物功能群则能帮助人们治理、改善和保护环境. 也就是说, 一方面环境恶化首先反映在地质微生物上, 另一方面环境污染的修复需要微生物技术. 因此, 地质微生物功能群是解决关键带生态环境问题的一个关键点.

矿区重要微生物功能群的基因包括好氧砷氧化酶基因 *aoxB* (*aioA*)、*aroAB*、*aroA*, 砷甲基化基因 *arsM*, 厌氧砷氧化酶基因 *arxA*, 呼吸性砷还原酶基因 *arrA*, 抗性砷还原酶基因 *arsC*, 锑氧化基因 *anoA*, 硫氧化基因 *soxA* 和 *soxB*, 硫酸盐还原基因 *dsrA* 和 *dsrB*, 汞甲基化基因 *hgrA* 等. 农业污染区地质微生物功能群的基因包括降解有机磷基因 *opd*、*opdE*、*ophB*、*mpd1*、*mpd2*、*ophc2*、*opdA*、*hocA*, 四环素抗性基因 *tetA*、*tetC*、*tetE*、*tetG*、*tetK*、*tetL*、*tetA/P*、*tetS*、*tetX*、*tetM*、*tetO*、*tetQ*、*tetT*、*tetW*、*tetB/P*, 磺胺抗性基因 *sulI*、*sulII*、*sulIII*, 喹诺酮抗性基因 *qnrA*、*qnrB*、*qnrS*, 大环内酯抗性基因 *ereA*、*ereB*、*mphA*, 内酰胺头孢抗性基因 *blaCTX-M*, 内酰胺抗性基因 *blaTEM*、*blaSHV*, 内

酰胺青霉素抗性基因 *blaampC*, 硝酸盐还原基因 *narG*, 亚硝酸盐还原基因 *nirS*, N_2O 还原基因 *nosZ*, 亚硝酸盐还原基因 *nrfA*, 氨氧化基因 *amoA* _AOB、*amoA* _AOA, 亚硝酸盐氧化基因 *nxrA*, 联氨氧化基因 *hzo* 等。

如何充分利用矿区与农业区中以上这些不同微生物功能群的不同作用, 发挥这些微生物功能群的潜力, 是关键带区域环境大保护中必须深入调查与研究的课题。因此, 地质微生物调查的关键是调查微生物功能群。只有这样才能摸清家底, 因地制宜地保护关键带各类典型的生态环境。到目前为止, 我国还没有开展一项专门针对关键带地质微生物的地质调查任务。然而, 我国已经具备开展关键带地质微生物调查的良好基础条件, 迫切需要抓住机会, 开创中国地质调查工作的新局面, 引领未来的发展, 产生划时代的影响。

4 地球生物学为深地开发领域服务的创新

习总书记指出, 向地球深部进军是我们必须解决的战略科技问题。地球生物学可以为深地开发提供多方面的服务。

4.1 深地生物圈的资源开发与应用

深地生物圈在深地资源开发和利用方面具有重要意义。产甲烷菌是天然气水合物矿藏形成的主要生物之一; 生物采油可以依靠微生物诱导烃类分子转化成有机溶剂, 从而可以增加油气流动性; 原地微生物气化则有利于低阶煤的开采利用; 以 Fe、S、H 代谢为基础的深部岩石自养和异养生态系统对全球广布的海底玄武岩有普遍的侵蚀作用, 每年通过深部水循环带入地表的碳达 $1\ 012\ g/a$, 深地微生物对地下 CO_2 储库的稳定保存有重要影响。微生物硫循环还强烈侵蚀地下封存核废料的铜管。深地生物的特殊性在环境保护、生物医药与保健品、冶金和化学工业等许多领域具有很大的应用前景, 因此, 需要在深地开发过程中进行微生物资源的开发与应用, 由此可以建立一批可在诸多领域广泛应用的微生物种质资源库。

4.2 深地微生物对地下环境的影响

前期地球深部过程研究大多关注矿产资源的形成与勘探, 而当前深地计划则越来越关注地下空间利用的问题, 特别是地表以下到 500 m 这段深度, 将

是未来地下工程的关键所在。地下空间利用首先遇到的是地下环境的改善问题。地质微生物及其生物地球化学过程是改变环境的一大关键驱动力, 需要加强深地开发过程中地质微生物的研究与调查。

在未被人类利用之前, 地下深部大多处于缺氧环境条件, 微生物地球化学循环以厌氧过程为主要特征。例如, 碳循环中的还原性乙酰辅酶固碳作用和 CH_4 厌氧氧化作用、氮循环的反硝化作用和氨厌氧氧化作用、硫循环的硫酸盐还原作用等等。硫酸盐还原、硝酸盐还原、甲烷厌氧氧化作用是地下深部生物地球化学的主要过程 (Magnabosco *et al.*, 2016; Glombitza *et al.*, 2016; McAleer *et al.*, 2017)。这些生物地球化学过程与地表氧化环境下的明显不一样, 对环境的影响也不同, 需要我们在利用地下空间时特别注意。同时, 由于地下深部往往是相对封闭的环境, 与地表的环境条件差异很大, 一旦一些地质过程 (如深大断裂、地下水流动) 将地下与地表贯穿起来, 就会影响深部的环境条件与微生物特征, 进而影响深部生物地球化学过程。这在深部地下水系统中表现得特别明显。深部地下水经常与地表水发生相互作用, 特别是在人类活动的影响下, 一些地下水极大地受到硫酸盐和硝酸盐的影响, 加剧相关的生物地球化学过程。因此, 地下深部环境在被人类利用过程中会发生很大变化, 地质微生物及其生物地球化学过程也会发生很大变化, 这些变化是改善环境还是恶化环境都有待于我们在开发地下空间时深入研究。

微生物在极低能量、极低营养等极端环境中如何获得足够的能量以维持生命及其演化, 古菌、细菌和病毒等生命系统是如何相互关联的, 又是如何改善这些恶劣环境条件的, 这些都是深地生物圈急需解决的重大科学前沿问题。一些国家重大地下工程计划的实施, 为解决这些前沿问题创造了极佳条件。在未来深地开发中, 地球生物学可以发挥作用, 探索这些环境条件下微生物的适应能力及其改造能力, 为改善人类的宜居环境服务。

4.3 深地微生物是研究极端地质环境微生物的一个重要窗口

深部生物圈与地球早期的微生物 (深时微生物) 以及外太空微生物之间存在密切联系, 它们都属于极端地质环境微生物 (McMahon and Parnell, 2014)。这些极端地质环境微生物具有一些共性特征: 生物的生活环境条件比较恶劣或极端; 生物代谢缓慢乃至处于休眠状态, 生物多样性比较低, 代表了比较原始的生物类型; 研究难度大, 需要有强有力的

硬件平台支撑.深地微生物是研究极端地质环境微生物的一个重要窗口.

可喜的是,这 3 类极端地质环境微生物的研究不是相互割裂,而是相互关联、相互借鉴、相互支撑的.极端地质环境微生物研究与深地计划结合,可以了解这些微生物对深地环境的改造作用,了解一些特殊微生物的生态环境功能,为人类移居地下深部提供服务.极端地质环境微生物研究与深空计划结合,可以为探索地外生命、生命适应极端环境条件和生命起源提供素材,进而为拓展人类的生存空间和了解人类自身的过去和未来服务.对深时地质微生物的研究,则可以了解生命的起源与演化,探索早期生命对恶劣地球环境的改造作用等(Momper *et al.*, 2017).

当前,人们对地下生物圈有了一定的了解,主要是基于深海和大洋沉积物的研究(Kallmeyer *et al.*, 2012).然而,人们对大陆地壳微生物的研究少之又少(McMahon and Parnell, 2014).而这是利用地下空间的关键所在.因此,大陆地壳微生物的研究亟待加强和突破(图 4),这无疑需要借助大量的地下工程才能开展.借助于这些大型地下工程,前瞻性地布局一些具有地质学意义的极端地质环境微生物的研究基地,进行微生物的原位观测与模拟,不仅可以为地球科学与生命科学的学科发展服务,而且是国家深地、深海、深空科技战略的重要组成部分.

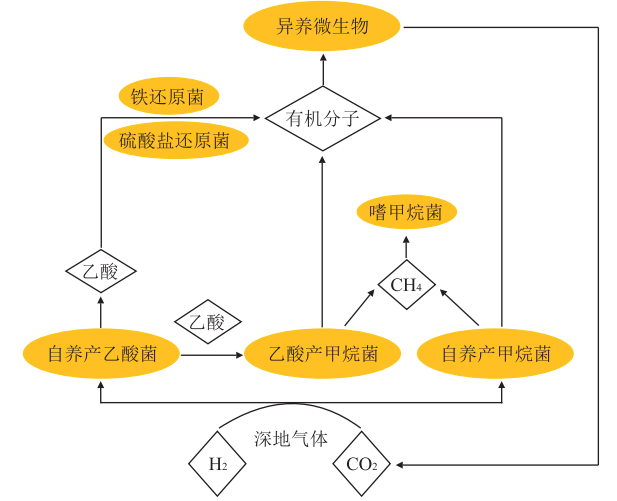


图 4 深地气体维持的与碳循环有关的地下微生物系统
Fig. 4 The subsurface microbial communities involved in deep carbon cycle and supported by the deep geological gases

修改自 Pedersen(1997)

5 结论

从古生物学向地球生物学发展,不仅其学科本身的地位和研究领域得到了大发展,而且其服务领域也在近几年得到了迅猛拓展和创新.地球生物学为地球系统科学全方位服务的欣欣向荣局面正在形成,远远超过 20 世纪 60~70 年代古生物学为地质学全方位服务的局面.

在全球变化领域,地球生物学实现了两大应用上的突破.一是藻类、古菌、细菌等地质微生物的脂类不仅能够定量估算古温度,而且还可以记录干旱等极端古气候事件,从而实现古温度与古降水信号的分离,解决全球变化的一大难题.二是地球生物学不仅可以探索环境对生物的影响,更重要的是可以进一步深入到生物对环境的作用,特别是地质时期生物对气候变化的影响,这是当前地球系统科学研究的薄弱环节之一.

在油气资源领域,地球生物学可以在评价烃源岩、探索储层形成机理等常规油气资源领域得到广泛应用.从生物生产力到沉积有机质再到埋藏有机质这一系列烃源岩有机质的产生和保存均涉及地球生物学过程,烃源岩因而需要借助地球生物学方法进行评价.各类地质微生物功能群积极参与白云岩等储层的形成,为探索储层形成机理提供了地球生物学方法.当前地球生物学更重要的应用是在页岩气等非常规油气资源领域,包括地质微生物形成页岩中的纳米孔隙,形成易于压裂的长石、石英等矿物.这一具有广阔应用前景的领域亟待开拓.

在服务关键带研究方面,地球生物学可以帮助人们解剖关键带碳循环与水循环之间的内在联系.而聚焦于地质微生物功能群的关键带地质微生物调查,不仅可以查明污染物的分布和污染程度,还可以为环境修复提供技术方法体系.相比地质微生物的多样性,地质微生物的功能群是关键带研究的重中之重.

深地计划需要不断拓展地下空间的利用,这要求我们充分利用地下工程对地下微生物开展调查和研究,以查明对地下环境有害或者有益的微生物功能群分布及其地质作用.当前,地下生物圈的研究取得了一些进展,但总体上还是了解得很少.特别是,人们对大陆地壳的微生物的了解极少,地球生物学大有潜力可挖.

References

- Azarbad, H., Niklińska, M., Laskowski, R., et al., 2015. Microbial Community Composition and Functions are Resilient to Metal Pollution along Two Forest Soil Gradients. *FEMS Microbiology Ecology*, 91 (1): 1 — 11. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiu003>
- Belin, B.J., Busset, N., Giraud, E., et al., 2018. Hopanoid Lipids: From Membranes to Plant-Bacteria Interactions. *Nature Reviews Microbiology*, 16 (5): 304 — 315. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.173>
- Benton, M.J., Xie, S.C., 2014. Defining the Discipline of Geobiology. *National Science Review*, 1 (4): 483 — 485. <https://doi.org/10.1093/nsr/nwu052>
- Bottjer, D.J., 2014. Geobiology Comes of Age. *National Science Review*, 2(1): 6—6. <https://doi.org/10.1093/nsr/nwu053>
- Brassell, S.C., Eglinton, G., Marlowe, I. T., et al., 1986. Molecular Stratigraphy: A New Tool for Climatic Assessment. *Nature*, 320 (6058): 129 — 133. <https://doi.org/10.1038/320129a0>
- Chen, M.J., Chen, F.Z., Xing, P., et al., 2010. Microbial Eukaryotic Community in Response to *Microcystis* spp. Bloom, as Assessed by an Enclosure Experiment in Lake Taihu, China. *FEMS Microbiology Ecology*, 74 (1): 19 — 31. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2010.00923.x>
- Dang, X.Y., Xue, J.T., Yang, H., et al., 2016a. Environmental Impacts on the Distribution of Microbial Tetraether Lipids in Chinese Lakes with Contrasting pH: Implications for Lacustrine Paleoenvironmental Reconstructions. *Science China Earth Sciences*, 59(5): 939 — 950. <https://doi.org/10.1007/s11430-015-5234-z>
- Dang, X.Y., Yang, H., Naafs, B.D.A., et al., 2016b. Evidence of Moisture Control on the Methylation of Branched Glycerol Dialkyl Glycerol Tetraethers in Semi-Arid and Arid Soils. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 189: 24 — 36. <https://doi.org/10.1016/j.gca.2016.06.004>
- de Bar, M.W., Dorhout, D.J.C., Hopmans, E.C., et al., 2016. Constraints on the Application of Long Chain Diol Proxies in the Iberian Atlantic Margin. *Organic Geochemistry*, 101: 184 — 195. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2016.09.005>
- Falkowski, P.G., Fenchel, T., Delong, E.F., 2008. The Microbial Engines That Drive Earth's Biogeochemical Cycles. *Science*, 320 (5879): 1034 — 1039. <https://doi.org/10.1126/science.1153213>
- Fawcett, P.J., Werne, J.P., Anderson, R.S., et al., 2011. Extended Megadroughts in the Southwestern United States during Pleistocene Interglacials. *Nature*, 470 (7335): 518 — 521. <https://doi.org/10.1038/nature09839>
- Franks, P. J., Royer, D. L., Beerling, D. J., et al., 2014. New Constraints on Atmospheric CO₂ Concentration for the Phanerozoic. *Geophysical Research Letters*, 41 (13): 4685 — 4694. <https://doi.org/10.1002/2014gl060457>
- Glombitza, C., Adhikari, R.R., Riedinger, N., et al., 2016. Microbial Sulfate Reduction Potential in Coal-Bearing Sediments down to ~2.5 km Below the Seafloor off Shimokita Peninsula, Japan. *Frontiers in Microbiology*, 7: 1576.
- Havens, K. E. 2008. Cyanobacterial Harmful Algal Blooms: State of the Science and Research Needs. Springer, New York, 733—747.
- Hou, J., Huang, Y., Oswald, W. W., et al., 2007. Centennial-Scale Compound-Specific Hydrogen Isotope Record of Pleistocene-Holocene Climate Transition from Southern New England. *Geophysical Research Letters*, 34 (19): 255 — 268. <https://doi.org/10.1029/2007GL030303>
- Huang, X. Y., Meyers, P. A., Xue, J. T., et al., 2015. Environmental Factors Affecting the Low Temperature Isomerization of Homohopanes in Acidic Peat Deposits, Central China. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 154: 212 — 228. <https://doi.org/10.1016/j.gca.2015.01.031>
- Huang, X. Y., Meyers, P. A., Xue, J. T., et al., 2016. Paleoclimate Significance of *n*-Alkane Molecular Distributions and $\delta^2\text{H}$ Values in Surface Peats across the Monsoon Region of China. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 461: 77 — 86. <https://doi.org/10.13039/501100001809>
- Jacobsen, C.S., Hjelmsø, M. H., 2014. Agricultural Soils, Pesticides and Microbial Diversity. *Current Opinion in Biotechnology*, 27(5): 15 — 20. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2013.09.003>
- Jiang, H., Lü, H. Y., Zhi, C. Y., et al., 2002. Diatom Analysis in Quantitative Reconstruction of Quaternary Paleogeography and Paleoclimate. *Quaternary Sciences*, 22 (2): 113 — 122 (in Chinese with English abstract).
- Kallmeyer, J., Pockalny, R., Adhikari, R. R., et al., 2012. Global Distribution of Microbial Abundance and Biomass in Subseafloor Sediment. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(40): 16213 — 16216. <https://doi.org/10.1073/pnas.1203849109>
- Knoll, A. H., Canfield, D. E., Konhauser, K. O., 2012. Fundamentals of Geobiology. Wiley-Blackwell, Chichester.
- Kumar, N., Kumar, V., Panwar, R., et al., 2017. Efficacy of Indigenous Probiotic Lactobacillus Strains to Reduce Cadmium Bioaccessibility—An in Vitro Digestion Model. *Environ-*

- mental Science and Pollution Research*, 24 (2): 1241 — 1250. <https://doi.org/10.1007/s11356-016-7779-6>
- Li, F. J., Wu, N. Q., Dong Y. J., et al., 2016. Quantitative Distribution and Calculation of Ecological Amplitude of Land Snail Metodontia in the Chinese Loess Plateau and Adjacent Regions. *Quaternary Sciences*, 36 (3): 564 — 574 (in Chinese with English abstract).
- Liu, D., Dong, H., Bishop, M. E., et al., 2012. Microbial Reduction of Structural Iron in Interstratified Illite-Smectite Minerals by a Sulfate-Reducing Bacterium. *Geobiology*, 10(2): 150 — 162. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4669.2011.00307.x>
- Liu, D., Dong, H. L., Wang, H. M., et al., 2015. Low-Temperature Feldspar and Illite Formation through Bioreduction of Fe (III)-Bearing Smectite by an Alkaliphilic Bacterium. *Chemical Geology*, 406: 25 — 33. <https://doi.org/10.1016/j.chemgeo.2015.04.019>
- Liu, Y., Zhang, X. J., Song, H. M., et al., 2017. Tree-Ring-Width-Based PDSI Reconstruction for Central Inner Mongolia, China over the Past 333 Years. *Climate Dynamics*, 48(3–4): 867 — 879. <https://doi.org/10.1007/s00382-016-3115-6>
- Luo, P., Peng, P. A., Lü, H. Y., et al., 2012. Latitudinal Variations of CPI Values of Long-Chain *n*-Alkanes in Surface Soils: Evidence for CPI as a Proxy of Aridity. *Science China Earth Sciences*, 55(7): 1134 — 1146. <https://doi.org/10.1007/s11430-012-4401-8>
- Magnabosco, C., Ryan, K., Lau, M. C. Y., et al., 2016. A Metagenomic Window into Carbon Metabolism at 3 km Depth in Precambrian Continental Crust. *The ISME Journal*, 10(3): 730 — 741. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.150>
- Markel, E. R., Booth, R. K., Qin, Y. M., 2010. Testate Amoebae and $\delta^{13}\text{C}$ of Sphagnum as Surface-Moisture Proxies in Alaskan Peatlands. *The Holocene*, 20(3): 463 — 475. <https://doi.org/10.1177/0959683609354303>
- McAlee, E. B., Coxon, C. E., Richards, K. G., et al., 2017. Groundwater Nitrate Reduction versus Dissolved Gas Production: A Tale of Two Catchments. *Science of the Total Environment*, 586: 372 — 389. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.11.083>
- McMahon, S., Parnell, J., 2014. Weighing the Deep Continental Biosphere. *FEMS Microbiology Ecology*, 87 (1): 113 — 120. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12196>
- Momper, L., Jungbluth, S. P., Lee, M. D., et al., 2017. Energy and Carbon Metabolisms in a Deep Terrestrial Subsurface Fluid Microbial Community. *The ISME Journal*, 11(10): 2319 — 2333. <https://doi.org/10.1038/ismej.2017.94>
- Monachese, M., Burton, J. P., Reid, G., 2012. Bioremediation and Tolerance of Humans to Heavy Metals through Microbial Processes: A Potential Role for Probiotics? *Applied and Environmental Microbiology*, 78 (18): 6397 — 404. <https://doi.org/10.1128/AEM.01665-12>
- Ni, J., 2017. An Introduction to Bioclimatic Factors in Global Change Research. *Quaternary Sciences*, 37 (3): 431 — 441 (in Chinese with English abstract).
- Patterson, R. T., Lamoureux, E. D. R., Macumber, A. L., et al., 2013. Arcellacea (Testate Lobose Amoebae) as pH Indicators in a Pyrite Mine-Acidified Lake, Northeastern Ontario, Canada. *Microbial Ecology*, 65 (3): 541 — 554. <https://doi.org/10.1007/s00248-012-0108-9>
- Pedersen, K., 1997. Microbial Life in Deep Granitic Rock. *FEMS Microbiology Reviews*, 20 (3–4): 399 — 414. [https://doi.org/10.1016/s0168-6445\(97\)00022-3](https://doi.org/10.1016/s0168-6445(97)00022-3)
- Powers, L. A., Werne, J. P., Johnson, T. C., et al., 2004. Crenarchaeotal Membrane Lipids in Lake Sediments: A New Paleotemperature Proxy for Continental Paleoclimate Reconstruction? *Geology*, 32 (7): 613 — 616. <https://doi.org/10.1130/g20434.1>
- Prahl, F. G., Wakeham, S. G., 1987. Calibration of Unsaturation Patterns in Long-Chain Ketone Compositions for Palaeotemperature Assessment. *Nature*, 330 (6146): 367 — 369. <https://doi.org/10.1038/330367a0>
- Qin, Y. M., Wang, H. L., Zhang, Q. F., et al., 2013. Response of Testate Amoebae Community to Water Chemistry in Peatlands near the Middle Reach of Yangtze River. *Quaternary Sciences*, 33(1): 26 — 33 (in Chinese with English abstract).
- Qiu, X., Wang, H. M., Yao, Y. C., et al., 2017. High Salinity Facilitates Dolomite Precipitation Mediated by Haloferax Volcanii DS52. *Earth and Planetary Science Letters*, 472: 197 — 205. <https://doi.org/10.1016/j.epsl.2017.05.018>
- Raghoebarsing, A. A., Smolders, A. J. P., Schmid, M. C., et al., 2005. Methanotrophic Symbionts Provide Carbon for Photosynthesis in Peat Bogs. *Nature*, 436 (7054): 1153 — 1156. <https://doi.org/10.1038/nature03802>
- Rampen, S. W., Willmott, V., Kim, J. H., et al., 2012. Long Chain 1, 13- and 1, 15-Diols as a Potential Proxy for Palaeotemperature Reconstruction. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 84: 204 — 216. <https://doi.org/10.1016/j.gca.2012.01.024>
- Reitner, J., Thiel, V., 2011. Encyclopedia of Geobiology. Springer, Berlin.
- Rodriguez-Blanco, J. D., Shaw, S., Benning, L. G., 2015. A Route for the Direct Crystallization of Dolomite. *American Mineralogist*, 100(5–6): 1172 — 1181. <https://doi.org/10.1016/j.am.2015.04.001>

- org/10.2138/am-2015-4963
- Sachse, D., Billault, I., Bowen, G. J., et al., 2012. Molecular Paleohydrology: Interpreting the Hydrogen-Isotopic Composition of Lipid Biomarkers from Photosynthesizing Organisms. *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*, 40(1): 221—249. <https://doi.org/10.1146/annurev-earth-042711-105535>
- Schefuß, E., Schouten, S., Schneider, R. R., 2005. Climatic Controls on Central African Hydrology during the Past 20, 000 Years. *Nature*, 437 (7061): 1003 — 1006. <https://doi.org/10.1038/nature03945>
- Schouten, S., Hopmans, E. C., Schefuß, E., et al., 2002. Distributional Variations in Marine Crenarchaeotal Membrane Lipids: A New Tool for Reconstructing Ancient Sea Water Temperatures? *Earth and Planetary Science Letters*, 204(1—2): 265—274. [https://doi.org/10.1016/S0012-821X\(02\)00979-2](https://doi.org/10.1016/S0012-821X(02)00979-2)
- Silantyeva, M., Solomonova, M., Speranskaja, N., et al., 2018. Phytoliths of Temperate Forest-Steppe: A Case Study from the Altay, Russia. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 250: 1—15. <https://doi.org/10.1016/j.revpalbo.2017.12.002>
- Steinthorsdottir, M., Porter, A. S., Holohan, A., et al., 2016. Fossil Plant Stomata Indicate Decreasing Atmospheric CO₂ Prior to the Eocene-Oligocene Boundary. *Climate of the Past*, 12(2): 439—454. <https://doi.org/10.5194/cp-12-439-2016>
- Sun, Q., Chu, G. Q., Liu, G. X., et al., 2007. Calibration of Alkenone Unsaturation Index with Growth Temperature for a Lacustrine Species, *Chrysotila Lamellosa* (Haptophyceae). *Organic Geochemistry*, 38(8): 1226—1234. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2007.04.007>
- Sun, X. J., Song, C. Q., Chen, X. D., 1999. “China Quaternary Pollen Database”(CPD) and “Biome 6 000” Project. *Advance in Earth Sciences*, 14(4): 407—411 (in Chinese with English abstract).
- Tang, C. Y., Yang, H., Pancost, R. D., et al., 2017. Tropical and High Latitude Forcing of Enhanced Megadroughts in Northern China during the Last Four Terminations. *Earth and Planetary Science Letters*, 479: 98—107. <https://doi.org/10.1016/j.epsl.2017.09.012>
- Tierney, J. E., Russell, J. M., Huang, Y., et al., 2008. Northern Hemisphere Controls on Tropical Southeast African Climate during the Past 60, 000 Years. *Science*, 322(5899): 252—255. <https://doi.org/10.1126/science.1160485>
- Wang, C. F., Bendle, J., Yang, Y., et al., 2016. Impacts of pH and Temperature on Soil Bacterial 3-Hydroxy Fatty Acids: Development of Novel Terrestrial Proxies. *Organic Geochemistry*, 94: 21—31. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2016.01.010>
- Wang, Y. J., Lü, H. Y., Heng, P., et al., 1991. Study of Plant Opaline Silicas and Its Preliminary Application to Quaternary Geology in China. *Marine Geology & Quaternary Geology*, 11(3): 113—124 (in Chinese with English abstract).
- Weijers, J. W. H., Steinmann, P., Hopmans, E. C., et al., 2011. Bacterial Tetraether Membrane Lipids in Peat and Coal: Testing the MBT-CBT Temperature Proxy for Climate Reconstruction. *Organic Geochemistry*, 42(5): 477—486. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2011.03.013>
- Xie, S. C., Evershed, R. P., Huang, X. Y., et al., 2013. Concordant Monsoon-Driven Postglacial Hydrological Changes in Peat and Stalagmite Records and Their Impacts on Prehistoric Cultures in Central China. *Geology*, 41(8): 827—830. <https://doi.org/10.1130/G34318.1>
- Xie, S. C., Gong, Y. M., Tong, J. N., et al., 2006. Development from Paleontology to Geobiology. *Chinese Science Bulletin*, 51(19): 2327—2336 (in Chinese).
- Xie, S. C., Yan, J. X., Shi, X. Y., et al., 2016a. Geobiology of hydrocarbon source rocks. Science Press, Beijing, 392 (in Chinese).
- Xie, S. C., Liu, D., Qiu, X., et al., 2016b. Microbial Roles Equivalent to Geological Agents of High Temperature and Pressure in Deep Earth. *Science China Earth Sciences*, 46(8): 1087—1094 (in Chinese).
- Xie, S. C., Nott, C. J., Avsejs, L. A., et al., 2000. Palaeoclimate Records in Compound-Specific δD Values of a Lipid Biomarker in Ombrotrophic Peat. *Organic Geochemistry*, 31: 1503—1507. [https://doi.org/10.1016/S0146-6380\(00\)00116-9](https://doi.org/10.1016/S0146-6380(00)00116-9)
- Xie, S. C., Pancost, R. D., Chen, L., et al., 2012. Microbial Lipid Records of Highly Alkaline Deposits and Enhanced Aridity Associated with Significant Uplift of the Tibetan Plateau in the Late Miocene. *Geology*, 40(4): 291—294. <https://doi.org/10.1130/G32570.1>
- Xie, S. C., Yang, H., Dang, X. Y., et al., 2018. Some Issues in Microbial Responses to Environmental Change and the Application of Molecular Proxies. *Geological Review*, 64(1): 183—189 (in Chinese with English abstract).
- Xie, S. C., Yin, H. F., 2014. Progress and Perspective on Frontiers of Geobiology. *Science China Earth Sciences*, 57(5): 855—868. <https://doi.org/10.1007/s11430-013-4731-1>
- Yang, H., Ding, W. H., Zhang, C. L., et al., 2011. Occurrence of Tetraether Lipids in Stalagmites: Implications for Sources and GDGT-Based Proxies. *Organic Geochemistry*, 42(1): 108—115. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2010.11.006>
- Ye, R. Z., Jin, Q. S., Bohannan, B., et al., 2012. pH Controls

- over Anaerobic Carbon Mineralization, the Efficiency of Methane Production, and Methanogenic Pathways in Peatlands across an Ombrotrophic-Minerotrophic Gradient. *Soil Biology and Biochemistry*, 54(6): 36–47. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2012.05.015>
- Yin, H. F., Yu, J. X., Luo, G. M., et al., 2018. Biotic Influence on the Formation of Icehouse Climates in Geologic History. *Earth Science*, 43(11): 3809–3822 (in Chinese with English abstract).
- Zhang, E. L., Chen, J. H., Cao, Y. M., et al., 2016. Subfossil Chironomid Archives and Its Application in Palaeolimnological and Global Change Study in China. *Quaternary Sciences*, 36(3): 646–655 (in Chinese with English abstract).
- Zhang, F., Xu, H., Shelobolina, E. S., et al., 2015. The Catalytic Effect of Bound Extracellular Polymeric Substances Excreted by Anaerobic Microorganisms on Ca-Mg Carbonate Precipitation: Implications for the “Dolomite Problem”. *American Mineralogist*, 100(2–3): 483–494. <https://doi.org/10.2138/am-2015-4999>
- Zhao, Y., Liu, Y. L., Guo, Z. T., et al., 2017. Abrupt Vegetation Shifts Caused by Gradual Climate Changes in Central Asia during the Holocene. *Science China Earth Sciences*, 47(8): 927–938 (in Chinese).
- Zheng Z., Huang K. Y., Wei J. H., et al., 2013. Modern Pollen Data in China and Adjacent Areas; Sptatial Distribution Features and Applications on Quantitative Paleoenvironment Reconstruction. *Quaternary Sciences*, 33(6): 1037–1053 (in Chinese with English abstract).
- 附中文参考文献**
- 蒋辉, 吕厚远, 支崇远, 等, 2002. 硅藻分析与第四纪定量古地理和古气候研究. 第四纪研究, 22(2): 113–122.
- 李丰江, 吴乃琴, 董亚杰, 等, 2016. 黄土高原及周边地区间齿螺 (Metodontia) 种类的数量分布及其温度和降水量最适范围的定量估算. 第四纪研究, 36(3): 564–574.
- 倪健, 2017. 全球变化研究中的生物气候指标. 第四纪研究, 37(3): 431–441.
- 秦养民, 王翰林, 张千帆, 等, 2013. 长江中游泥炭湿地有壳变形虫空间分布及其对水化学因子的响应. 第四纪研究, 33(1): 26–33.
- 孙湘君, 宋长青, 陈旭东, 1999. 中国第四纪孢粉数据库 (CPD) 和生物群区 (Biome 6 000). 地球科学进展, 14(4): 407–411.
- 王永吉, 吕厚远, 衡平, 等, 1991. 植物硅酸体的研究及在我国第四纪地质学中的初步应用. 海洋地质与第四纪地质, 11(3): 113–124.
- 谢树成, 龚一鸣, 童金南, 等, 2006. 从古生物学到地球生物学的跨越. 科学通报, 51(19): 2327–2336.
- 谢树成, 颜佳新, 史晓颖, 等, 2016a. 烃源岩地球生物学. 北京: 科学出版社, 392.
- 谢树成, 刘邓, 邱轩, 等, 2016b. 微生物与地质温压的一些等效地质作用. 中国科学: 地球科学, 46(8): 1087–1094.
- 谢树成, 杨欢, 党心悦, 等, 2018. 地质微生物响应地质环境变化的若干问题——兼论环境代用指标的应用. 地质论评, 64(1): 183–189.
- 殷鸿福, 喻建新, 罗根明, 等, 2018. 地史时期生物对冰室气候形成的作用. 地球科学, 43(11): 3809–3822.
- 张恩楼, 陈建徽, 曹艳敏, 等, 2016. 摇蚊亚化石记录及其在中国湖泊沉积与全球变化研究中的应用. 第四纪研究, 36(3): 646–655.
- 赵艳, 刘耀亮, 郭正堂, 等, 2017. 全新世气候渐变导致中亚地区植被突变. 中国科学: 地球科学, 47(8): 927–938.
- 郑卓, 黄康有, 魏金辉, 等, 2013. 中国及其邻区现代孢粉数据: 空间分布特征和定量古环境重建中的应用. 第四纪研究, 33(6): 1037–1053.