

学校编码: 10384

分类号 _____ 密级 _____

学号:

UDC _____

廈門大學

碩 士 学 位 论 文

九龙江口沉积物微生物多样性及其参与甲烷循环过程的研究

**Microbial diversity and its roles in methane cycles in sediments
from Jiulong River Estuary**

指导教师姓名: 肖 湘 教 授

专 业 名 称: 细 胞 生 物 学

论文提交日期: 2010 年 4 月

论文答辩时间: 2010 年 6 月

学位授予日期: 2010 年 月

答辩委员会主席: 陈亮 教授

评 阅 人: _____

2010 年 月

厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为()课题(组)的研究成果,获得()课题(组)经费或实验室的资助,在()实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名):

年 月 日

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人同意厦门大学根据《中华人民共和国学位条例暂行实施办法》等规定保留和使用此学位论文，并向主管部门或其指定机构送交学位论文（包括纸质版和电子版），允许学位论文进入厦门大学图书馆及其数据库被查阅、借阅。本人同意厦门大学将学位论文加入全国博士、硕士学位论文共建单位数据库进行检索，将学位论文的标题和摘要汇编出版，采用影印、缩印或者其它方式合理复制学位论文。

本学位论文属于：

1. 经厦门大学保密委员会审查核定的保密学位论文，
于 年 月 日解密，解密后适用上述授权。

2. 不保密，适用上述授权。

（请在以上相应括号内打“√”或填上相应内容。保密学位论文应是已经厦门大学保密委员会审定过的学位论文，未经厦门大学保密委员会审定的学位论文均为公开学位论文。此声明栏不填写的，默认为公开学位论文，均适用上述授权。）

声明人（签名）：

年 月 日

目录	
摘要	I
Abstract	III
1 前言	1
1.1 九龙江口概况	1
1.1.1 九龙江口的自然概况	1
1.1.2 九龙江口现状	3
1.2 海洋微生物	4
1.2.1 海洋古菌	6
1.2.2 海洋细菌	7
1.2.3 河口生态系统微生物多样性	8
1.3 微生物在生物地球化学循环中的作用	9
1.3.1 微生物在海洋碳循环中的作用	9
1.3.2 微生物在海洋氮循环中的作用	11
1.3.3 微生物在海洋硫循环中的作用	12
1.4 微生物分子生态学研究方法	12
1.4.1 环境样品核酸直接抽提技术	13
1.4.2 基于 PCR 的指纹图谱分析	13
1.4.3 实时荧光定量 PCR	15
1.4.4 荧光原位杂交	17
1.4.5 宏基因组学	18
1.4.6 环境基因组芯片	18
1.5 本论文的思路，目的和意义	18
2 材料和方法	21
2.1 样品和实验材料	21
2.2 分子生态学实验基本方法	24
3 结果与分析	31

3.1 九龙江口沉积物甲烷、硫酸盐含量垂直分布情况	31
3.2 九龙江口沉积物古菌多样性及分布情况 (DNA 水平)	32
3.2.1 古菌 16S rDNA 文库的构建和 RFLP 分析.....	32
3.2.2 古菌 16S rDNA 文库多样性评估	33
3.2.3 沉积物古菌 16S rDNA 系统进化分析	34
3.2.4 沉积物中的古菌群落组成.....	39
3.3 九龙江口沉积物古菌多样性及分布情况 (RNA 水平)	40
3.3.1 反转录 cDNA 构建的古菌 16SrcDNA 文库和 RFLP 分析.....	40
3.3.2 古菌 16S rcDNA 文库多样性评估.....	41
3.3.3 沉积物古菌 16S rDNA 系统进化分析	43
3.3.4 沉积物中活性古菌的群落组成.....	46
3.4 九龙江口沉积物细菌多样性及分布情况	47
3.4.1 细菌 16S rRNA 文库的构建和 RFLP 分析.....	47
3.4.2 细菌 16S rDNA 文库多样性评估	49
3.4.3 沉积物细菌 16S rDNA 系统进化分析	50
3.4.4 沉积物中细菌的群落组成.....	61
3.5 九龙江口沉积物甲烷产生菌多样性和分布组成	61
3.5.1 甲基辅酶 M 还原酶基因(<i>mcrA</i>)文库的构建及 RFLP 分析.....	61
3.5.2 甲烷产生菌 McrA 文库多样性评估.....	63
3.5.3 沉积物甲烷产生菌 McrA 系统进化分析.....	64
3.5.4 沉积物甲烷产生菌的群落组成.....	68
3.6 九龙江口沉积物古菌和细菌 16S rRNA 基因定量	68
4 讨论	71
总结	77
参考文献	77

Contents

Chinese abstract	I
English abstract.....	III
1 Introduction.....	1
1.1 Overview of Jiulong River Estuary	1
1.1.1 Natural situation of Jiulong River Estuary.....	1
1.1.2 Current situation of Jiulong River Estuary.....	3
1.2 Marine microbes.....	4
1.2.1 Marine archaea.....	6
1.2.2 Marine bacteria.....	7
1.2.2 Microbial diversity of Estuary ecosystem	8
1.3 The role of microbes in marine biogeochemistry cycle	9
1.3.1 Microbes in marine carbon cycle	9
1.3.2 Microbes in marine nitrogen cycle	11
1.3.3 Microbes in marine sulfur cycle	12
1.4 Main approaches of microbial molecular ecology	12
1.4.1 Extraction of nucliec acid from enviromental sample	13
1.4.2 PCR amplification-based microbial community analysis.....	13
1.4.3 Real-time quantification PCR.....	15
1.4.4 FISH.....	17
1.4.5 Metagenomic.....	18
1.4.6 Enviromental genomic chip.....	18
1.5 The idea, goal and signification of this study	18
2 Material and methods.....	21
2.1 Sample and experimental material.....	21
2.2 Main methods.....	24
3 Results and analysis.....	31
3.1 The vertical distribution of methane and sulfata along Jiulong River	

Estuary sediment core	31
3.2 Diversity and distribution of archaea in Jiulong River Estuary sediment (DNA level)	32
3.2.1 Construction and RFLP analysis of archaea 16S rDNA library.....	32
3.2.2 Diversity evaluation of archaea 16S rDNA library.....	33
3.2.3 Phylogenetic analysis of archaea 16S rDNA.....	34
3.2.4 Community structure of archaea in sediment.....	39
3.3 Diversity and distribution of archaea in Jiulong River Estuary sediment (RNA level)	40
3.3.1 Construction and RFLP analysis of archaea 16S rcDNA library from enviromental total RNA.....	40
3.3.2 Diversity evaluation of archaea 16S rcDNA library.....	41
3.3.3 Phylogenetic analysis of archaea 16S rDNA.....	43
3.3.4 Community structure of active archaea in sediment.....	46
3.4 Diversity and distribution of bacteria in Jiulong River Estuary sediment	47
3.4.1 Construction and RFLP analysis of bacterial 16S rDNA library.....	47
3.4.2 Diversity evaluation of bacterial 16S rDNA library.....	49
3.4.3 Phylogenetic analysis of bacterial 16S rDNA.....	50
3.4.4 Community structure of bacteria in sediment.....	61
3.5 Diversity and distribution of methanogen in Jiulong River Estuary sediment	61
3.5.1 Construction and RFLP analysis of mcrA library.....	61
3.5.2 Diversity evaluation of mcrA library.....	63
3.5.3 Phylogenetic analysis of methanogen mcrA.....	64
3.5.4 Community structure of methanogen in sediment.....	68
3.6 Quantification of archaea and bacteria 16S rRNA genes	68
4 Discussion	71
Reference	77

摘要

九龙江位于福建的南部,是福建省第二大河,由北溪、西溪和南溪汇合而成,于厦门市海沧区南岸入海形成九龙江河口湾(简称九龙江口)。九龙江口水域位于陆海交汇处,沉积物中富含有机质,为微生物提供了充足的碳源。此次研究对九龙江口沉积物样品采用了分子生态学和地球化学元素分析的相结合的方法,探索沉积物中微生物群落与环境的相互关系,特别是采用提取沉积物 RNA 的方法,力图揭示在环境中真正参与甲烷循环过程的活性微生物。

对九龙江口沉积物各个深度的间隙水进行和甲烷和硫酸盐地球化学参数测定,在垂直剖面下存在以下特征:甲烷浓度梯度在硫酸盐还原带底部急剧增大,而间隙水硫酸盐浓度随深度呈线性降低。间隙水地球化学参数的变化特征说明九龙江口沉积物中存在甲烷代谢和硫酸盐还原过程,特别是存在明显的厌氧甲烷氧化作用。

对采集自九龙江口的沉积物样品,提取了沉积物的 DNA 和 RNA,构建古菌和细菌的 16S rDNA 文库以及古菌的 16S rcDNA 文库,并进行了 16S rRNA 序列测定及系统发育分析,调查了九龙江口沉积物的微生物群落结构及垂直分布情况。其中古菌的调查结果表明该区同时存在泉古菌和广古菌两大类古菌,其中 MCG 泉古菌是优势菌群,在各个层位中均有分布,约占古菌 16SrRNA 文库克隆子总数的 60%。古菌的群落结构随深度发生变化,甲烷产生菌甲烷八叠球菌目 (*Methanosarcinales*) 在各个层位的沉积物中均有分布,并在中层沉积物中达到最高,占古菌 16SrDNA 文库克隆子总数的 20%。中层的古菌 16S rcDNA 文库中还发现了与厌氧甲烷氧化相关的 ANME 类群,并且在该层沉积物中含量最高。这表明在九龙江口沉积物存在甲烷产生和厌氧甲烷氧化的代谢过程。九龙江口沉积物中细菌多样性非常丰富, δ -变形杆菌亚类是优势种类,并且在该类群中检测到了许多与硫酸盐还原相关的克隆子,这表明在九龙江口沉积物中硫酸盐代谢可能是主要的代谢过程;也有检测到 γ -、 β -、 α -变形杆菌,并在各个层位中均含量丰富。其他较为丰富的菌群有厚壁菌门 (*Firmicutes*), 浮霉菌门 (*Planctomycetes*), 酸杆菌 (*Acidobacteria*), 拟杆菌 (*Bacteroidetes*), 绿弯菌 (*Chloroflexi*)。细菌群落结构随深度变化发生明显变化,并且大部分为不可培养的微生物。荧光定量的结果表明,古菌和细菌的含量丰富,在每克九龙江口沉积

物中细菌的含量达到 10^8 - 10^9 拷贝，而古菌的含量相对较少，为有 10^7 - 10^8 拷贝。

另外，采用甲烷产生菌特异性的甲基辅酶 M 还原酶(MCR) 保守基因在该区检测到了三种甲烷产生菌：甲烷微菌目 *Methanomicrobiales*，甲烷八叠球菌目 *Methanosarcinales*，甲烷杆菌目 *Methanobacteriales*，其中甲烷微菌目是含量最高的类群，但是该文库中没有检测到厌氧甲烷氧化相关的 ANME 类群的克隆子。

本文对九龙江口沉积物中细菌，古菌，甲烷产生菌的多样性及其在沉积物中的垂向分布进行了研究，并结合地球化学元素分析的结果，证明了九龙江口沉积物存在明显的甲烷循环和硫酸盐代谢过程，并揭示了该环境中的活性微生物。这些结果为阐明河口区生态系统中碳，硫等元素的生物地球化学循环过程提供了参考，同时也为九龙江口的环境监测提供了生物学方面的指标。

关键词：九龙江口；微生物多样性；甲烷循环

Abstract

Vertical sediments samples were collected in Jiulong River Estuary, located at Southern Fujian Province. In order to explore the relationships between microbial community and environments and get insight into microbes involved in methane cycles, we combined the molecular ecology methods and geochemical data analyses together. Especially, we extracted the total RNA of sediments, and constructed 16S rDNA libraries, to reveal the active microorganisms involved in methane cycles.

Profiles of CH_4 and SO_4^{2-} in pore-water with the increasing depth for the sedimentary cores were detected. The results showed that methane concentration changes dramatically at the base of the sulfate-reducing zone and sulfate concentration gradients are in linear decrease. The geochemical profiles of pore-water render indirect evidence for sulfate-reducing process and methane metabolism, especially anaerobic oxidation of methane (AOM).

We extracted the total DNA and RNA of sediments, and constructed the archaeal and bacterial 16S rDNA libraries and archaeal 16S rDNA libraries. Then sequencing and phylogenetic analysis were taken to find out the vertical distribution and diversity of prokaryotes. The archaeal 16S rDNA gene analysis showed that archaea affiliating within Marine Group I (MGI) were predominant in sediments. Significant variances on the composition of the archaeal communities were observed in different depths. Methanosarcinales, one kind of methanogens, were found in every layers and most dominant in middle layer. The ANME group correlated with anaerobic oxidation of methane (AOM) was also found in the archaeal 16S rDNA libraries of middle layers, that means methane production and AOM exist in Jiulong Estuary sediments. The bacterial diversity was really abundant and δ -proteobacteria was the predominant group. Besides, many clones affiliated with sulfate reduction was detected in libraries, that means the sulfate reduction was the dominant metabolism process. This research also find the other proteobacteria groups, including γ -, β -, α - proteobacteria, which were detected in every layers. The other dominant groups are *Firmicutes*, *Planctmycetes*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes* and *Chloroflexi*. Significant variances on the

composition of the bacterial communities were also observed in different depths and most of them are uncultured organisms. The number of bacteria is about 10^8 - 10^9 copies per gram sediment and the number of archaea is about 10^7 - 10^8 copies.

In addition, The investigation based on the *mcrA* gene indicated that there were present three kinds of methanogens, *Methanomicrobiales*, *Methanosarcinales* and *Methanobacteriales* and *Methanomicrobiales* was predominated along the sediment core. But the ANME groups correlated with anaerobic oxidation of methane were absent in the *mcrA* gene libraries.

Our data suggests that methane cycles and sulfate reduction are obvious in Jiulong River Estuary sediments. We also find out the active microorganisms present in these environments. These results can help to explain the process of carbon and sulfur cycles involved in estuary areas. Furthermore, these results can also be used as biological evidence in environmental evaluation of Jiulong River Estuary.

Key words: Jiulong River Estuary; microbial diversity; methane cycle

1 前言

1.1 九龙江口概况

1.1.1 九龙江口的自然概况

1.1.1.1 地理位置与地质概况

九龙江是福建第二大河，也是闽南地区最大的山溪性河流，由北溪、西溪和南溪汇合而成，全长1923km，流域范围为东经 $116^{\circ} 47'$ ~ $118^{\circ} 02'$ ，北纬 $24^{\circ} 13'$ ~ $25^{\circ} 51'$ ，流域面积 14741km^2 ，其径流经河口湾流入厦门湾^[1]。九龙江河口湾位于厦门西海域，与北部的厦门西港、东面的厦门外港构成倒“T”字形格局。九龙江口属断块沉降区，河口湾的发育深受NE向、NNW向及WE向几组断裂的控制，是在断裂构造背景下发育而成的山地河谷。九龙江口是东西走向的沉溺河口，形似倒坛，口小腹大，河口最狭处约3.5km，内部最宽处约8.8km，总纳潮面积 100 km^2 ，其间众多的沙洲把水道分成很多汉道，河口湾水深多超过5m，西面是九龙江的出海处，中部沿鸡屿是水下浅滩，南北的近岸海域为水深大于10m的深槽^[1]。水下沉积物自西向东依粗中砂—细砂—泥质粉砂—砂质泥变化。水下地形由西向东倾斜，平均坡度约为0.014%。河口湾周边发育潮滩、潮流沙脊，大致平行排列于河口湾内，为潮汐潮流作用占优势的潮成三角洲。

河口湾周围陆地属闽粤沿海花岗岩丘陵区，风化强烈，地貌类型多样，主要包括基岩海岸、红土台地、淤泥质平原和沙质平原等四种，九龙江河口湾南岸地势较高，属基岩海岸，岸线曲折，岬角海湾相间，海门岛至玉枕洲遍布红树林。河口北岸自嵩屿向西地势逐渐平缓，嵩屿象鼻至鸭蛋山为基岩海岸，沿岸为海拔200m以下的低丘陵，海蚀崖发育形成陡峭岩壁，鸭蛋山海蚀崖高达30余米，其下为砂、砾石滩和岩滩，鸭蛋山以西主要为淤泥质海岸^[2]。

九龙江流域中、上游地势起伏变化比较大，所以河床的纵比降也较大。由于大量陆源泥沙长期入海，下游河口湾主要是堆积型的地貌，整个河口湾内为宽阔而平坦的淤积滩面。九龙江口整体形状口小腹大，在长期强劲的潮流作用下，鸡屿的南北侧逐渐形成两条潮流冲沟。



图1-1 九龙江河口湾地理位置及地貌

Fig. Location and landform of Jiulong River Estuary

1.1.1.2 气候水文概况

九龙江流域属亚热带季风气候，多年平均气温 $19^{\circ}\text{C}\sim 21^{\circ}\text{C}$ 。多年平均日照时数 $1800\text{h}\sim 2200\text{h}$ ，多年平均太阳辐射量 $46\sim 52\text{MJ/m}^2$ 。1月份平均气温 $6.7^{\circ}\text{C}\sim 9.2^{\circ}\text{C}$ ，极低气温 $-2.0^{\circ}\text{C}\sim 2.7^{\circ}\text{C}$ ；7月份平均气温 $27.2^{\circ}\text{C}\sim 28.8^{\circ}\text{C}$ ，极端高温 41.2°C 。年无霜期 $300\text{d}\sim 330\text{d}$ 。雨量充沛，气候湿润，年平均相对湿度77%。冬季主导风向为东北风，夏季东南风，平均风力3~4级。由于太平洋温差气流关系，每年平均受台风影响5-6次，且多集中在7-9月份^[3]。

九龙江河口属沉溺的河口湾，径流与潮流、波浪相互作用，水动力环境比较复杂。九龙江河水经厦门湾西部的两个口(其中主要是南口)汇入河口区内，产生河水和海水交汇的冲淡水锋面，海水经厦鼓及筲鼓海峡进入河口区。该河口水体成分主要为海水、九龙江河水及少量厦门西港区城市的城市生活污水，河口区水温状况、温盐结构及化学要素的分布都较为复杂，但仍主要受正规半日潮的控制。

九龙江河口区径流量小，但潮差大因而纳潮量大，河口盐度较高。根据1981年枯、丰水期不同潮时表、底层盐度分布表明，由湾内(西南)向外(东偏北)盐度逐渐增高。低、中潮时，海门岛与鸡屿之间的盐度梯度最大，这说明河海水在此混合强烈。本河口区水体盐度的分布除有东西方向的纵向梯度外，还存在着由南向北递增的横向梯度。海门岛附近盐度情况为，枯水期低潮表层为14‰，底层为20‰；高潮表层26‰，底层为30‰。丰水期低潮表层为6‰，底层为20‰；高潮表层24‰，底层30‰^[2]。

1.1.1.3 生物概况

河口是淡水和海水的交汇区，理化因素十分复杂，变化很激烈。大陆迳流带来了丰富的营养盐和有机物质，促进河口浮游生物和其他生物的大量繁殖、为鱼类和其他水产动物提供丰富的饵料。因此，河口生物资源丰富、种类组成复杂。

目前，九龙江口的生物种类已进行较为详尽的研究，包括浮游生物，底栖生物，鱼类等。浮游生物的研究方面，浮游硅藻已发现种类达181种，其中以骨条藻、直链藻、园筛藻、盒形藻、角毛藻等多属较为重要，是全年常见种类，尤以春末和秋季较多。浮游动物已鉴定150种，其中以水母类最多，共56种，浮游甲壳动物有磷虾类1种，樱虾类呼种，介形类4种，端足类6种，糠虾类7种、枝角类11种^[4]。河口的浮游动物的季节分布与平面分布，不论其种类或数量都有明显的变化，随着理化环境因素不变。九龙江口有着丰富的底栖生物资源，其中已养殖的品种有藻类的海带、紫菜，贝类的缢蛏、泥蚶、牡蛎、文蛤等，甲壳类的长毛对虾和青蟹等。九龙江口是重要的省级红树林保护区，江口两岸分布有4种红树林，如桐花树、白骨壤、秋茄和老鼠勒，前3种较为常见。这些红树林具有很大经济价值，树皮含有单宁，可作染料和鞣料，它的木材坚硬、耐腐蚀，可作建筑和船舶的优质材料等，且红树林是鱼、虾、蟹、贝等动物的栖息、繁殖场所，蕴藏着丰富的水产资源。在九龙江口采到的鱼类，共有144种，分隶于14目、53科，包括大黄鱼，黄鲫，银鱼，沙丁鱼，鲈鱼等具有重大经济价值的鱼类^[4]。另外，九龙江口还是珍稀濒危动物的栖息地，有多个自然保护区，包括国家一级保护动物中华白鳍豚，二级保护动物白鹭，文昌鱼。

1.1.2 九龙江口现状

九龙江口地处福建省经济较为发达的东南沿海，在福建省经济发展中占有极其重要的地位。近20年来，随着经济的高速发展，人类活动频繁，人民的生活水平大幅度提高，导致大量的生活生产废弃物排放，使九龙江的水环境问题日显突出，并已明显影响着全流域500多万人口的生活。

据调查，九龙江沿江企业、小型矿场、砂石场等多达1500多家，其建设生产对资源利用缺乏统一的规划，缺乏对资源的可持续利用的保障措施，严重地破坏了流域绿化和生态环境，导致大量的水土流失。据1999年卫星遥感调查显示，全流域水土流失面积达1749km²。而漳州段的水土流失面积95611km²，占漳州

市土地总面积的 14.13 %^[5]。水土流失导致九龙江河流含沙量明显上升,河口区泥沙沉积线向厦门西海域推进趋势相当明显。同时,造成下游河道淤积相当严重。近 10 年来,流域下游局部河床平均抬高了 2m 左右,局部河段达 4~5m。对防洪和河道航运带来极大的不利影响,危害了厦门西海域与漳州等港口的航运。

目前九龙江口海域的水质基本良好,2003 年福建九龙江口海区四个航次的水质监测结果表明,水温、透明度、pH、DO、COD、盐度、油类、硫化物、砷、挥发性酚、铜、铅、锌、镉、汞都符合正常范围。浮游植物和浮游动物的种类组成、优势种及群落结构特征也都符合正常范围^[6]。对养殖生物,如牡蛎、紫菜的监测也表明该海区的养殖生物生长正常,没有发现异常现象。另外,对目前已进行的九龙江口表层沉积物中 PCDD/Fs 的 TEQ(毒性当量)测定表明,该海域表层沉积物总 TEQ 低于对生物产生危害的标准。表层沉积物中 PAHs 浓度均低于临界效应浓度值,相对污染系数均小于 1,PAHs 污染程度尚属较低,引起生物毒性效应的几率相对较小^[3]。但是,经济的发展致使近岸海域、港湾和河口邻近海域环境污染物排海总量不断增加,特别是无机氮和活性磷酸盐。据《九龙江流域农业非点源污染控制研究报告书》,由于九龙江农业非点源污染问题突出,近年来九龙江总氮入海负荷为 8993.79 吨/年,总磷入海负荷为 242.23 吨/年^[3]。由于氮磷元素过剩是水体富营养化的主要原因之一,而海水富营养化会造成赤潮,因此九龙江口的环境压力很大,海水营养化问题也日趋严重,不仅影响浮游植物生物量,也影响其种类组成,并直接导致有害赤潮的发生。

总之,目前九龙江口的水质基本良好,但是由于流域内水土流失严重,沿岸地区环境污染物排放量大,仍然存在较大的生态风险。

1.2 海洋微生物

海洋环境具有非常复杂的微生物群落,并且种类繁多,几乎出现在整个海洋生态系统中,包括那些极端海洋环境中的生态系统。海洋微生物具有独特的代谢能力和生理功能,所以可以给人们提供陆地微生物所没有的许多活性产物,海洋微生物是非常重要的生物和基因资源之一。尽管从中寻找生物活性物质的时间并不长,但是已从海洋微生物中发现许多有重要价值的生物活性物质。同时海洋环境中有可能引起动物和人类疾病的许多微生物,但是也有对水产养殖有益的微生物。根据三界假说(图1-2),海洋微生物可分为海洋古菌,海洋细菌和海洋真菌。

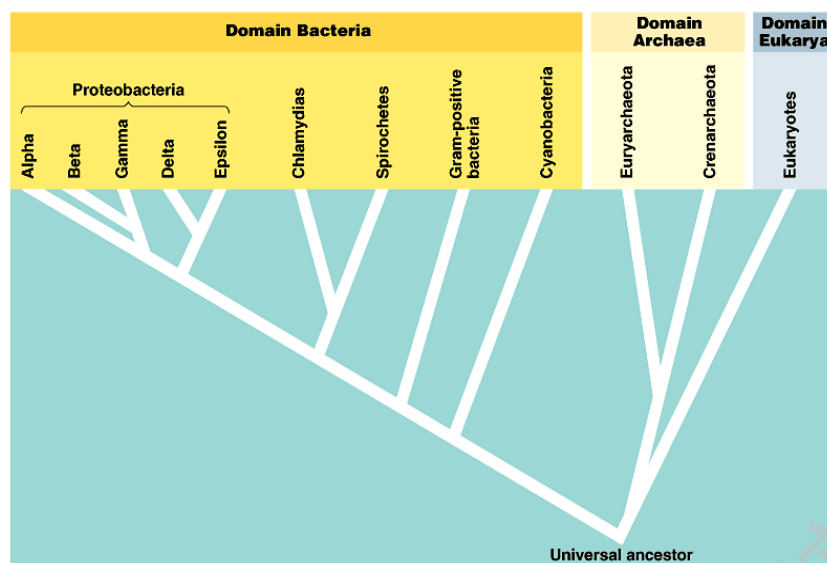


图1-2 生物进化的三界假说

Fig.1-2 The three-domain system in evolution

表1-1海洋微生物的营养类型和分类

Tab.1-1 The nutrition styles and classification of marine microbes

非细胞类生物：病毒 Viruses

古菌 Archaea

化能自养菌：产甲烷细菌 *Methangens*；嗜热酸细菌 *Thermoacidophilesa*

化能异养菌：嗜盐细菌 *Halophiles*

细菌 Bacteria

光能自养菌

厌氧光合菌：紫色光合细菌和绿色光合细菌 (红螺菌目 Rhodospirillales)

有氧光合菌：兰细菌 *Cyanobacteria*(兰细菌目 Cyanobacteriales)

原绿植物菌 *Prochlorophytes*(原绿菌目 Prochlorales)

化能自养菌：硝化细菌 (硝化杆菌科 Nitrobacteraceae)；无色氧化硫细菌；

甲烷氧化菌 (甲烷球菌科 Methylococcaceae)

化能异养菌

革兰氏阳性菌：产内孢棒状菌和球状菌；不产孢棒状菌；不产孢球状菌(微球菌科

Micrococceae)；放线菌 (放线菌目 Actinomycetales)及其相关菌

革兰氏阴性菌：棒状菌和球状菌：好氧菌 (假单胞菌科 *Pseudomonadaceae*)；

兼性菌 (弧菌科 *Vibrionaceae*)；厌氧菌 (还原硫细菌)

滑动细菌；嗜细胞菌目 *Cytophagales*；

贝日阿托氏菌目 *Beggiatoales*(粘细菌目 *Myxobacteriales*)

螺旋菌：螺旋体目 *Spirochaetales*

螺状和弯曲状菌：螺菌科 *Spirillaceae*

发芽和/或附枝状细菌

枝原体：柔膜体纲 *Mollicutes*

真核生物 Eucarya

Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to etd@xmu.edu.cn for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库