

学校编码: 10384

分类号 _____ 密级 _____

学号: 22620071152337

UDC _____

厦 门 大 学

硕 士 学 位 论 文

船舶压载水微生物群落变化研究及两株海
洋细菌鉴定

Study on the microbial community in Ballast Water and
characterization of two marine bacteria

陈 闯

指导教师姓名: 焦念志 教授

专 业 名 称: 环 境 科 学

论文提交日期: 2010 年 5 月

论文答辩日期: 2010 年 6 月

2010 年 6 月

厦门大学学位论文原创性声明

兹提交的学位论文，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的其他个人或集体的研究成果，均在文中以明确方式标明。本人依法享有和承担由此论文而产生的权利和责任。

声明人（签名）：

年 月 日

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人完全了解厦门大学有关保留、使用学位论文的规定。厦门大学有权保留并向国家主管部门或其指定机构送交论文的纸质版和电子版，有权将学位论文用于非赢利目的的少量复制并允许论文进入学校图书馆被查阅，有权将学位论文的内容编入有关数据库进行检索，有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

本学位论文属于

- 1、保密（ ），在 3 年解密后适用本授权书。
- 2、不保密（ ）

（请在以上相应括号内打“√”）

作者签名：

日期： 年 月 日

导师签名：

日期： 年 月 日

目 录

摘 要	I
ABSTRACT	III
第一章 绪论	1
1.1 生物入侵	1
1.2 微生物在海洋生态系统中的作用	5
1.3 压载水排放对海洋生态系统的影响	6
1.4 压载水生物入侵研究进展	8
1.5 本研究的意义和内容	10
第二章 压载水中细菌和病毒丰度变化	11
2.1 引言	11
2.2 材料与方法	12
2.2.1 压载水采样船只及方法	12
2.2.2 样品现场处理	13
2.3 样品实验室分析检测	14
2.3.1 浮游细菌丰度的流式细胞检测	14
2.3.2 浮游病毒丰度的流式细胞检测	17
2.4 检测结果与分析	20
2.5 小结	22
第三章 压载水细菌群落多样性 T-RFLP 分析	23
3.1 引言	23
3.2 材料与方法	23
3.2.1 采样方法	23
3.2.2 样品现场处理	23
3.2.3 样品实验室分析检测	24
3.3 检测结果与分析	25
3.4 小结	31
第四章 两株海洋细菌鉴定	32
4.1 引言	32
4.2 材料与方法	32
4.2.1 菌株来源	32

4.2.2 培养基	32
4.2.3 鉴定方法	33
4.3 结果与分析	39
4.3.1 各项生理生化指标检测结果	39
4.3.2 <i>Stakelama pacifica</i> gen. nov. 新属鉴定	52
4.3.3 <i>Oceanibacter nanhaisis</i> gen. nov. 新属鉴定	57
4.4 小结	62
第五章 结论与展望	64
5.1 主要研究成果	64
5.2 本研究的创新点	64
5.3 展望	64
参考文献	65
硕士期间完成论文	71
致谢	72

CONTENTS

Chinese Abstract.....	I
Abstract.....	III
CHAPTER1 Introduction.....	1
1.1 Biological invasion	1
1.2 Importance of microbes in the Marine ecological system	5
1.3 Potential hazards of ballast water discharge to the marine ecosystem	6
1.4 Study on biological invasion by ballast water	8
1.5 Significance and content of the study	10
CHAPTER2 Bacteria and virus abundance changes in the ballast water.	11
2.1 Introduction	11
2.2 Materials and methods	12
2.2.1 Ship used and sampling procedure.....	12
2.2.2 Field process of ballast water.....	13
2.3 Processing in laboratory	14
2.3.1 Bacteria abundance FCM analysis.....	14
2.3.2 Virus abundance FCM analysis	17
2.4 Results and analysis	20
2.5 Summary	22
CHAPTER3 T-RFLP analysis of bacteria diversity in the ballast water	23
3.1 Introduction	23
3.2 Materials and methods	23
3.2.1 Sampling procedure.....	23
3.2.2 Field process of ballast water.....	23
3.2.3 Processing in laboratory.....	24
3.3 Results and analysis	25
3.4 Summary	31
CHAPTER3 Characterization of two marine bacteria.....	32
4.1 Introducton	32
4.2 Materials and methods	32

4.2.1 Origin of isolates.....	32
4.2.2 Mediums.....	32
4.2.3 Methods of characterization.....	33
4.3 Results and analysis.....	39
4.3.1 Results.....	39
4.3.2 <i>Stakelama pacifica</i> gen. nov.	52
4.3.3 <i>Oceanibacter nanhaisis</i> gen. nov.	57
4.3 Summary.....	62
CHAPTER 5 Conclusion.....	64
5.1 Main research results.....	64
5.2 Innovative points of the study.....	64
5.3 Prospects.....	64
Reference.....	65
Published papers.....	71
Acknowledgements.....	72

摘 要

船舶压载水排放造成了有害生物的大范围、远距离的传播，在全球的范围内对海洋生态环境造成重大危害，目前已被世界环境基金会列为海洋面临的四大威胁之一。目前关于压载水中微生物变化的研究很少，本研究通过流式细胞技术对压载水的细菌和病毒丰度的变化进行连续检测，分析两者变化的相互关系，应用 T-RFLP 技术对细菌的群落变化进行初步分析。本研究还对两株海洋中分离的细菌进行鉴定分析，根据鉴定实验结果，分别鉴定为两个新属。主要研究成果如下：

1、通过流式细胞技术对压载水中细菌和病毒丰度的变化进行分析，发现天然海水在进入压载舱后，由于环境的变化细菌和病毒的丰度最初的 2 天内都出现了明显的下降，在随后的 7 天里细菌和病毒丰度的都出现大幅的波动，病毒丰度的变化更为剧烈。虽然两者都在变化但是它们的变化存在着一定的关联性，病毒丰度的升高引起细菌丰度的下降，而细菌丰度的下降反过来引起病毒丰度的下降，两者处于相互关联的波动变化中。从第 10 天细菌丰度和病毒丰度的变化都趋于稳定，没有出现剧烈的变动。

2、通过 T-RFLP 技术对压载水中的微生物群落变化进行研究，发现压载水样品 T-RFLP 检测图谱信号峰的高度和数量一直处在剧烈变化中，这说明压载水在进入压载舱后，不仅细菌的丰度发生了变化，而且细菌群落的构成也发生了很大的变化。虽然在第 10 天后细菌的丰度变化趋于稳定，但是群落中细菌的构成还在持续变化中。

3、通过 16S 序列的比对分析发现 JLT832^T 属于 *Sphingomonadaceae* 科，和 *Sphingosinicella*、*Novosphingobium* 两个属的相似性最高。虽然 JLT832^T 和 *Zymomonas* 属的 16S 相似性很低，但是它们却稳定的处于同一个次分支上。通过对 JLT832^T 和 *Sphingosinicella*、*Novosphingobium* 及 *Zymomonas* 的生理生化各项指标对比分析发现，这三个属的所有菌株中只有 *Novosphingobium panipatense* 能够利用山梨醇 (sorbitol)，只有 *Novosphingobium subarcticum* 能够利用甘露醇 (mannitol)，但是菌株 JLT832 却能同时利用山梨醇、甘露醇、甘油 (glycerol) 和肌醇 (inositol)。说明 JLT832^T 在利用醇类方面的能力比同属的其他细菌更强。综合 16S 进化进化分析结果和各项生理生化指标对比分析结果，我们认为

JLT832^T 菌株应该鉴定为 *Sphingomonadaceae* 科内的一个新属(*Stakelama pacifica* gen. nov. sp. nov.)。

通过 16S 序列的比对分析发现 JLT1363^T 和 ‘*Citromicrobium bathyomarinum*’ JF-1 具有最高的相似性 (97.9%)，在进化树分析时两株菌也稳定的分布于同一个进化分支上，但是由于 JF-1 的模式株没有进行菌种保藏，无法通过实验来进一步验证两株菌的进化关系，我们向 IJSEM 的主编进行了咨询，他们建议这株菌在鉴定过程中可以不考虑。16S 序列比对和进化树分析从两个方面验证了和 JLT1363 最相近的是 *Erythrobacter* 属的菌株，通过对比他们的生理生化指标发现，这些菌株之间存在一些指标的相似性：革兰氏检测为阴性、氧化酶和过氧化氢酶为阳性、不能够利用柠檬酸和盘尼西林有抗性。但是 JLT1363 和 *Erythrobacter* 属的菌株又存在很多差异：能够水解明胶、还原硝酸盐和产硫化氢，不能水解 Tween80，呼吸醌组成也特别：包含三种呼吸醌，Q8 (41%), Q10 (37%) and MK8 (22%)。综合 16S 进化分析结果和各项生理生化指标对比分析结果，我们拟将 JLT1363^T 鉴定为 *Erythrobacteraceae* 科的一个新属 (*Oceanibacter nanhaiensis* gen. nov. sp. nov.)。

关键词：压载水；微生物；细菌丰度；病毒丰度；T-RFLP；菌株鉴定

Abstract

The discharge of ballast water has caused invasive species to spread in large scale and long distance, and has caused great harm to the marine environment globally, was listed as one of the four major threats to the ocean by the World Environment Foundation. Currently, there are few studies on the microorganism change in ballast water. In this study, the abundance of bacteria and viruses change was continuously observed to analyse how they changes and their relationship. T-RFLP technique was applied to analyze the bacterial community changes. Two marine bacteria were also identified and two novel genera were proposed. The major results are:

1, Bacteria and viruses abundance in ballast water, after being pumped in, changes in choppy in the first 10 days and after that it's much stable. The two changes were related, in the first 2 days, the abundance of bacteria decreased because of the environmental change, as the host decreased, the abundance of viruses also decreased. Changes in the abundance of viruses will also affect the abundance of bacteria. Changes in the abundance of viruses will also affect the abundance of bacteria. The relationship between the two changes is that: the changes in environment caused the abundance of bacteria to change, thereby affecting the changes in virus abundance and affecting the bacteria abundance in return. They are both changing continuously and interrelated.

2, The number and height of single peaks detected from T-RFLP analysis changes dramatically from the beginning to the end, this shows that not only the abundance of bacteria was changing but also the community composition was changing greatly. And after 10 days, the abundance stabled but community was still changing.

3, 16S sequence comparison reveal that JLT832^T belongs to family *Sphingomonadaceae* and shows the highest similarity with genera *Sphingosinicella* and *Novosphingobium*. Although the 16S similarity between JLT832^T and *Zymomonas* species was very low, they were stably in the same branch. After the characteristics

comparison has been made, we found that only *Novosphingobium panipatense* could utilize sorbitol and only *Novosphingobium subarcticum* could utilize mannitol, but strain could utilize sorbitol, mannitol, glycerol and inositol at the same time. Based on the 16S analysis and characteristics comparison, a novel genus was proposed with the name *Stakelama pacifica* gen. nov. sp. nov.

JLT1363^T showed the highest 16S sequence similarity to '*Citromicrobium bathyomarinum*' JF-1(97.9%), but this strain was not deposited and the proposal was not validated by IJSEM. 16S sequence alignment and phylogenetic tree analysis showed JLT1363^T was similar to *Erythrobacter* species and some common features were found: Gram-negative, oxidase and catalase positive, can not use citric acid and penicillin resistance. But significant difference were also found: the ability to hydrolyze gelatin, nitrate reduction, production of hydrogen sulfide, Tween80 negative and three respiratory quinone were found: Q8 (41%), Q10 (37%) and MK8 (22%). Based on all these features, a novel genus of family *Erythrobacteraceae* was proposed with the name *Oceanibacter nanhaiensis* gen. nov. sp. nov.

Key words: Ballast water; Microorganisms; Bacterial abundance; Virus abundance, T-RFLP; Bacteria characterization

第一章 绪论

1.1 生物入侵

生物在长期的自然演化过程中，由于各种天然屏障的隔离，造成了各种生物一般都在某一个局限的区域内演替进化，形成了各自相对稳定的生态系统。但是近几个世纪，随着工业的发展，交通工具的进步，国际性全球贸易和商品运输的增多，越来越多的生物在人的“帮助”下越过了原有的天然屏障，在新的环境里大量繁殖，威胁本地物种，破坏了原有的生态系统平衡。鉴于生物入侵的巨大威胁，其被列为 21 世纪最主要的环境问题之一（Zunigar 等，2000）。

关于生物入侵（biological invasion）的定义，学术界仍然存在争议，没有形成统一的认识。早在 1958 年，Elton(1958)认为生物入侵是指“某种生物从原来的分布区域扩展到一个新的、通常也是遥远的地区，在新的区域里，其后代可以繁殖、扩散并维持下去”。而英国当代研究生物入侵的权威(Williamson 等 1986;1996)则认为生物入侵是指“生物物种进入一个进化史上从未分布过的新地区，不考虑以后该种是否永远定居”。王伯荪等则认为入侵的本质在于对经济、环境、社会和人类健康产生的危害，所以生物入侵是指外来种在某地区定居、繁衍、扩散，并造成危害。虽然仍没有统一权威的定义，但在实践中生物入侵一般是指物种进入到其自然分布及扩散潜力以外的区域中存活、繁衍、扩散，并对当地的经济、环境、人类健康造成损失或危害的现象。

外来物种(exotic species, alien species)是指那些出现在其过去或现在的自然分布范围及扩散潜力以外(即在其自然分布范围以外或在没有直接或间接引入或人类照顾之下而不能存在)的物种、亚种或以下的分类单元，包括其所有可能存活、继而繁殖的部分、配子或繁殖体（李振宇等，2002）。外来入侵种具有生态适应能力强，繁殖能力强，传播能力强等特点；被入侵生态系统具有足够的可利用资源，缺乏自然控制机制，人类进入的频率高等特点。外来物种的“外来”是以生态系统来定义的。外来入侵种(exotic/alien invasive species)，被 1999 年 2 月美国白宫发表的总统令定义为“已引起或很可能引起对经济、环境和人类健康产生危害的外来种”（方炜，2000）。

外来物种引进是与生物入侵密切联系的一个概念。任何生物物种，总是先形成于某一特定地点，随后通过迁移或引入，逐渐适应迁移地或引入地的自然生存

环境并逐渐扩大其生存范围，这一过程即被称为外来物种的引进（简称引种）。

正确的引种会增加引种地区物种的多样性，也会极大丰富人们的生活，如美国于 20 世纪初从我国引种大豆，其种植面积从 6000 多万亩增加到现在的 4 亿多亩，目前，美国已成为大豆的最大生产国、出口国。就我国而言，早在公元前 126 年张骞出使西域返回后，我国历史便揭开了引进外来物种的一页，苜蓿、葡萄、蚕豆、胡萝卜、豌豆、石榴、核桃等物种便开始源源不断地沿着丝绸之路被引进到了中原地区，而玉米、花生、甘薯、马铃薯、芒果、槟榔、无花果、番木瓜、夹竹桃、油棕、桉树等物种也非我国原产，也是历经好几百年陆续被引入我国的重要物种。

但是，引种不当则会使得缺乏自然天敌的外来物种迅速繁殖，并抢夺其他物种的生存空间，进而破坏生态平衡及导致其他本地物种的减少和灭绝，严重危及生态安全。因此物种引进也被称为“外来物种的入侵”。如果该物种对当地生态环境造成严重危害，该外来物种即被称为“入侵种”（invasive species）。

显而易见，“入侵种”不同于“外来物种”，是因为它特指有害的外来物种，如前面提到的“凤眼莲”“松材线虫”“大米草”等，其分类范畴小于“外来物种”；“外来物种入侵”也不同于“外来物种引进”，因为前者特指的是入侵种经自然或人为的途径，从原生地传播到入侵地，并损害入侵地的生物多样性、生态系统甚至危及人类健康，从而造成经济损失及生存灾难的过程。

不能忽视的是，随着气候环境等因素的改变，某些在引进后相对一段时期内不具有危害性的物种有可能逐渐会转变认为“入侵种”，所以，在一定程度上可以说，外来物种引进的结果具有不可预见性。这也使得外来物种入侵的防治工作变得更加复杂，需要在处理此类问题是更加谨慎。

生物入侵作为一种全球范围的生态现象已逐渐成为导致多样性丧失、物种灭绝的一个重要原因。根据国际自然资源保护联盟提供的数据，目前全球濒临灭绝危险的野生动物共有 10954 种，全球鱼类的 1/3，哺乳类的、鸟类的、爬行类的 1/4，都已高度濒危，如果照此速度发展到 2100 年，地球上 1/3 到 2/3 的植物、动物以及其他有机体将消失，这些物种大规模死亡的现象和 6500 万年前恐龙的消亡差不多（蔡守秋，2002）。

外来的有害物种侵入适宜生长的新生境后，种群数量会急剧繁殖，并逐渐发

展成取代当地的优势种群，严重破坏当地的生态系统，甚至物种灭绝。导致上述情况的原因主要有以下几点：

① 生物入侵会破坏当地生物的多样性，并可能导致物种的灭绝。

生物的多样性是包括所有的植物、动物、微生物种和它们的遗传信息和生物体与生存环境一起集合形成的不同等级的复杂系统（蒋有绪，2003）。虽然一个国家或区域的生物多样性是当地环境各方面进化的结果，但没有任何一个国家不是投入大量的人力、物力来维护本国生物的多样性，保持其稳定性。生物入侵却是生物多样性的头号威胁，入侵物种被引入新生境后，由于新生境缺乏能制约其繁殖的自然天敌及其他制约因素，结果便导致其迅速蔓延，大量扩张，取代优势种群，并与当地物种竞争有限的食物资源和空间资源，进而导致当地物种的退化，甚至被灭绝。

② 生物入侵会严重破坏本地生态系统平衡。

生物入侵种会对土壤的水分及其他营养成分进行竞争，影响生物群落的结构稳定性及遗传多样性等，进而威胁当地的生态系统平衡。如由澳大利亚入侵我国海南岛和雷州半岛许多林场的外来物种薇甘菊，由于其能大量吸收土壤水分而造成土壤极其干燥，对水土保持十分不利。而且，薇甘菊还能分泌抑制其他植物生长的化学物质，曾一度严重影响整个林场的生产与发展。

③ 生物入侵种可能会因其可能携带的病原微生物而对其他生物的生存甚至对人类健康构成直接威胁。

起源于东亚的“荷兰榆树病”曾入侵欧洲，并于1910年和1970年两次引起大多数欧洲国家的榆树死亡。40年前传入我国的豚草，其花粉导致的“枯草热”会对人体健康造成极大的危害。每到花粉飘散的7~9月，体质过敏者便会发生哮喘，打喷嚏，流鼻涕等症状，甚至由于导致其它并发症的产生而死亡。

④ 生物入侵种还会给被侵入的各国造成无法挽回的经济损失。

想要彻底根治已入侵成功的外来物种，对于任何一个国家而言都是相当困难的，实际上，仅仅是用于控制其蔓延的治理费用就相当昂贵。在英国，为了控制12种最具危险性的外来入侵物种，在1989~1992年，光除草剂就花费了3.44亿美元，而美国每年为控制“风眼莲”的繁殖蔓延就要花掉300万美元，同样，我国每年因打捞水葫芦的费用就多达5~10亿元，由于水葫芦造成的直接经济损失

也接近 100 亿元。

我国地域辽阔，栖息地类型繁多，生态系统多样，大多数外来物种都很容易在我国找到适宜的生长繁殖地，这也使得我国较容易遭受外来物种的入侵。

我国外来物种入侵的情况已经十分严重。由于地域辽阔，气候、地理类型多样，来自世界各地的大多数外来物种都可能在我国找到合适的栖息地。据农业部最新统计，目前，入侵我国的外来物种多达 400 多种，在国际自然保护联盟公布的全球 100 种最具威胁的外来生物中，我国有 50 余种。给我国造成的经济损失每年为 1198.76 亿元，占国内生产总值的 1.36%。近 10 年来，新入侵我国的外来有害生物至少有 20 余种，平均每年递增 1~2 种（王侃等，2007）。国家环保总局公布的信息显示，我国部分危害严重的外来物种包括：紫茎泽兰、薇甘菊、空心莲子草、豚草、毒麦、互花米草、飞机草、凤眼莲、蔗扁蛾、湿地松粉蚧、美国白蛾、非洲大蜗牛、福寿螺和牛蛙等。

例如：1901 年，凤眼莲，俗称水葫芦，从原产地南美洲引入中国，被人们栽在水池里观赏，和人们相安无事。上世纪 50 年代，它被作为优良的青饲料，在全国推广种植，迅速扩散到珠江流域、长江三角洲水网和云南滇池等地滋生繁衍。凤眼莲很快就成为入侵地的优势水生植物，泛滥成灾：它的茂密植株遮蔽了阳光，夺去了水中的养分和氧气，使许多原生物种消亡，它的疯长还阻塞了河流航道。目前，我国每年用于治理凤眼莲灾害的直接费用都在 5 亿元以上，仅上海市一年就要从水体中打捞出 80 万吨水葫芦（万方浩等，2002），间接经济损失无法估量。

福建是我国海岸线最长的省份，由于水产业发达而被称为“蓝色宝库”。从上世纪 60 年代起，出于防浪护堤、保护滩涂的考虑，福建开始从国外引种互花米草，并于 80 年代推广。但是，恣意生长的互花米草，如今已“霸占”福建省约 2/3 的海滩，极大地破坏了生态环境（国家海洋局公报，2007）。

近年来，生态系统灾害频繁爆发，对农林生产造成严重损害。松材线虫、湿地松粉蚧、美国白蛾等林业入侵害虫严重发生，危害面积每年达 150 万 hm^2 ；稻水象甲、非洲大蜗牛、美洲斑潜蝇等农业入侵害虫每年超过 140 万 hm^2 ；豚草、飞机草、水葫芦、大米草等肆意蔓延，已到难以控制的局面。

鉴于生物入侵的严重性，为更好的控制生物入侵，应对其入侵途径、扩散机制做深入细致的研究。

1.2 微生物在海洋生态系统中的作用

海洋占整个地球表面积的 70%，海洋对人类有着重要而深远的影响，能为人类创造巨大的经济、社会和环境效益。海洋是生命之源，地球上 80% 的动物生活在海洋中，其种类繁多，整个地球的生物生产力海洋贡献了 87%，相当于 1.399 亿吨有机碳。海洋中有着丰富的矿产资源，比如铜矿可供人类利用 600 年，镍矿可供人类使用 15000 年，而钴矿则可供人类开发 13 万年，如果这些资源得到合理的开发合理用将会改善人类的生活。海洋还对陆地环境起到净化作用，大海敞开胸怀接纳河川径流的同时也接纳了径流运送的各种污染物。海洋通过其生态运动队污染物进行降解、转化、转移和沉积，从而净化了地球的陆地环境。

海洋环境是一个多变、开放、复杂的生态系统，养育了种类繁多的海洋生物，同时也接纳了各式各样的污染物。上个世界 80 年代以来，随着我国经济的飞速发展，我国近海也承受着前所未有的环境污染压力，大量的工业污水、农业污水、生活污水及养殖废水等庞杂的污染物进入河口、海湾和近岸海域，造成了近海海域的严重污染。海洋生态系统愈来愈脆弱，可持续的开发海洋资源，是不前的主要发展战略之一（孙枢等，2001；苏纪兰等，2001）。

海洋中蕴藏着丰富的海洋微生物资源，是 21 世纪亟待开发和利用的巨大宝藏。海洋中存在着许多自然条件特殊的环境，如低温、高温、高压、高盐、强酸、低营养和低溶解氧等环境，一般的海洋生物无法在其中生存；只有某些具备特殊生理和遗传特性的微生物，如嗜冷微生物、嗜压微生物、嗜盐微生物、嗜酸微生物、贫营养微生物和嗜热古细菌等，才可以在这类环境中生长和代谢，产生独特的代谢产物。这些微生物的生理、遗传、代谢调控、基因克隆与表达，还有他们的活性代谢产物是国内研究和开发的热点。这些微生物也是研究生物起源和进化的游泳材料。海洋微生物的碳循环对整个地球的气候及海洋的生态平衡，发挥着重要作用。

长期以来，由于方法学上的原因，细菌在海洋生态系统中的作用被认为是次要的。然而新近的大量研究表明，细菌的数量、生物量及其代谢活性在海洋生态系统中起着相当重要的作用。对细菌在海洋生态系统中的作用的看法发生这种转变的原因在于海洋中的细菌数量、生物量以及生长速率等研究方法的进步。过去海水中的细菌丰度之所以常常被低估，主要是大多数海洋细菌对于所应用的大多

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.

厦门大学博硕士学位论文摘要库