

<b>成果名称:</b>	海洋特殊微生物物种资源分离鉴定保藏和信息化平台建设
<b>登记日期:</b>	2019-07-26
<b>完成单位:</b>	中国科学院南海海洋研究所, 中国科学院海洋研究所, 中国科学院烟台海岸带可持续发展研究所, 中国科学院微生物研究所, 中国科学院沈阳应用生态研究所, 中国科学院青岛生物能源与过程研究所, 广东省微生物研究所
<b>完成人员:</b>	龙丽娟, 张长生, 田新朋, 董俊德, 朱红惠, 莫照兰, 崔球, 龚骏, 董彩虹, 尹浩, 潘华奇
<b>研究起止日期:</b>	2011-01-01至2013-12-31
<b>主要应用行业:</b>	科学研究和技术服务业
<b>高新技术领域:</b>	地球、空间与海洋
<b>评价单位:</b>	中国科学院
<b>评价日期:</b>	2014-03-07
<b>成果简介:</b>	<p>本成果新增细菌2630株, 并完成初步分类鉴定和多种形式保藏, 其中包括产酶菌株912株、抗菌活性菌株252株以及NaCl耐受菌株869株, 扩充了海洋微生物中心实体微生物库的建设。测序超过1300余株, 发现了26个种级的细菌及放线菌新物种, 2011年至2013年12月发表1个新科, 2个新属, 11个新物种, 其余正在撰写过程中。7种分离培养基从南海局部海域达10万份的大型菌种冷藏库及1万份以上-195度液氮保藏库, 扩充微生物保藏现有条件和设备。完成一项中心库微生物保藏规范和流程, 建立了海洋微生物中心实验室安全管理等工作制度, 建立了一个中心的综合性管理网站和相关的微生物资源数据库, 并实现了与RNAME总中心以及其他分中心的对接和海洋微生物资源数据和信息共享, 为全面提供技术服务打下基础。在Int J Syst Evol Microbiol, Antonie van Leeuwenhoek, Plos ONE等国际学术刊物发表论文18篇, 中文核心论文10篇, 科学出版社出版专著1部, 申请发明专利11件, 其中授权6件, 新增院士1名, 培养博士生4名, 硕士生7名。</p> <p>1. 深海环境耐盐细菌新物种资源挖掘研究 对海洋微生物在盐耐受方面进行较为系统研究, 通过对不同盐浓度的耐受性实验, 发现在不同盐浓度下深海微生物的物种、数量及多样性等各方面的变化规律, 研究深海微生物的海洋适应性及其行驶生态功能的能力。本研究不但探讨了深海环境中微生物的群落特征, 还收集保藏了大量宝贵功能深海微生物资源, 可用于后续开发利用。共使用来源于南海南沙、西沙、印度洋等多个航次的24个深海(1000-4495 m)沉积环境样品, 运用17种高盐分离培养基, 共分离、纯化、保藏869株细菌, 经16SrRNA基因序列测定初步确定了729个菌株的系统进化地位, 共得到151个与已知物种相近的不同序列。他们分属于4个门, 54个属, 151个种。其中, Firmicutes 550株中包含76个物种, Proteobacteria 99株包含33个物种, Actinobacteria 77株包含39个物种, Bacteroidetes 3株包含3个物种, 占多样性比例分别为50.3%、21.9%、25.8%、2.0%。数量比例最大的两个属为芽孢杆菌属(Bacillus)和喜盐芽孢杆菌属(Halobacillus), 菌株数目分别为269株和189株, 占菌株总数比例为36.9%和25.9%。对分离到的部分微生物进行了抗菌活性、生物酶活性筛选, 以用于海洋微生物功能开发, 发现了产蛋白酶、酯酶、淀粉酶、纤维素酶等菌株分别有512株、337株、278株和126株, 部分菌株具有多种产酶功能; 对大肠杆菌、金黄色葡萄球菌、枯草芽孢杆菌、苏云金芽孢杆菌、黑曲霉等模式菌株进行抗菌活性筛选, 其中232株抗菌活性圈直径3cm。利用7种分离培养基从南海局部海域沉积物样品中分离得到489株海洋真菌, 共30个形态种。</p> <p>2. 造礁石珊瑚共生细菌群落结构研究 珊瑚礁生态系统是典型的热带海洋生态系统之一, 因其丰富的生物多样性和高生产力而被广泛关注。珊瑚共生微生物在珊瑚礁生态系统中起着重要的作用, 参与了宿主防御、地化循环等各个方面。珊瑚共生微生物群落结构随珊瑚体发育阶段、健康状况、外界环境因素等变化发生着动态变化。三亚是典型的热带海域, 三亚鹿回头岸礁区拥有丰富的珊瑚资源, 橙黄滨珊瑚、丛生盔形珊瑚和多孔鹿角珊瑚是鹿回头岸礁区的优势物种。利用454焦磷酸高通量测序方法研究三亚鹿回头岸礁区橙黄滨珊瑚、丛生盔形珊瑚和多孔鹿角珊瑚共生细菌的多样性和群落结构。研究结果显示, 橙黄滨珊瑚、丛生盔形珊瑚和多孔鹿角珊瑚共生细菌多样性丰富, 可以归为18个门以及5个未被描述的门中。其中, 橙黄滨珊瑚共生细菌群落中, alpha-变形菌纲、绿菌门、拟杆菌、gamma-变形菌纲、浮霉菌是优势类群。丛生盔形珊瑚中, 优势细菌类群为厚壁菌门、alpha-变形菌纲、gamma-变形菌纲和拟杆菌门。多孔鹿角珊瑚中, gamma-变形菌纲, 厚壁菌门和beta-变形菌纲是优势类群。珊瑚样品中检测大量的放线菌, 而海水样品中则没有。BRC1、OD1、SR1和TM7四个门的成员首次在珊瑚中检出。橙黄滨珊瑚和丛生盔形珊瑚的共生细菌群落结构相似, 而多孔鹿角珊瑚的共生细菌群落结构与前两者差异较大。珊瑚的工读生细菌群落和水体中的细菌青年团结构存在显著差异。南海的橙黄滨珊瑚和多孔鹿角珊瑚共生细菌群落和印尼-太平洋以及大堡礁相同物种珊瑚共生细菌群落不同。此外, 首次探讨了珊瑚共生细菌的“普遍和特异”的类群, 结果显示不同种类的珊瑚共享的细菌群落较小, 三种珊瑚仅共享了22个OTU, 分布在alpha-变形菌纲、gamma-变形菌纲、sigma-变形菌纲、绿弯菌门、放线菌门、酸微菌门以及未知类群; 同一种珊瑚的共生细菌群落结构也不尽相同。这种特异性和统一性共存的结构从另外一方面反映了珊瑚共生细菌群落的复杂性。</p>