

# 寡营养细菌及其在环境科学中的应用 \*

张崇邦<sup>1,2</sup> 黄立南<sup>1</sup> 栾天罡<sup>1</sup> 蓝崇钰<sup>1\*\*</sup>

(<sup>1</sup> 中山大学生命科学学院生物防治国家重点实验室, 广州 5102751; <sup>2</sup> 浙江省台州学院生物系, 临海 317000)

**【摘要】** 寡营养细菌是生存在寡营养环境中的一类细菌, 其多样性与生物量在整个生物圈组成中都具有较大的优势, 因而在生物地球化学循环中发挥着重要作用。从 20 世纪 80 年代开始, 寡营养细菌在自然或人为环境中的寡营养机制、对饥饿的生理反应以及在生态系统中的作用一直是微生物生态学研究的前沿领域之一, 其理论价值与应用前景已受到各国微生物生态学家与环境科学家们的广泛重视。本文综述了寡营养细菌的基本概念、营养类型、生理生态特性、可能的寡营养机制、主要研究方法以及在医学细菌检测和环境重金属监测中的应用等, 并指出了寡营养细菌在环境科学中的应用前景。

**关键词** 寡营养细菌 生态特征 环境科学

**文章编号** 1001-9332(2005)04-0773-05 **中图分类号** Q938.1 **文献标识码** A

**Oligotrophic bacteria and their applications in environmental science.** ZHANG Chongbang<sup>1,2</sup>, HUANG Linan<sup>1</sup>, LUAN Tiangang<sup>1</sup>, LAN Chongyu<sup>1</sup> (<sup>1</sup>*State Key Laboratory for Bio-control, School of Life Science, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China*; <sup>2</sup>*Department of Biology, Taizhou College, Linhai 317000, China*). *-Chin. J. Appl. Ecol.*, 2005, 16(4): 773~777.

Oligotrophic bacteria are a group of microbes living in oligotrophic environments. Their diversity and biomass are dominant in biosphere, and thus, play an important role in biogeochemical cycles. Since 1980s, their oligotrophic mechanisms, responses to starvation, and roles in ecosystems have been one of the most advanced subjects in microbial ecological research. Much attention has been paid to the theoretical values and applied perspectives of oligotrophic bacteria. This paper reviewed the concepts, nutritional types, physiological and ecological characteristics, possible oligotrophic mechanisms, and main research methods of oligotrophic bacteria, and their applications in bacteria examination of iatrogony and in environmental monitoring for heavy metals. The applied perspectives of oligotrophic bacteria in environmental science were also discussed.

**Key words** Oligotrophic bacteria, Ecological characteristics, Environmental science.

## 1 引言

寡营养细菌(Oligotrophic bacteria)是指在寡营养生态环境中生存着的一类细菌。其主要生长在有机物质贫乏的极端环境中, 如远洋、深海、贫瘠土壤等环境。随着人类对自然资源的开发利用, 地球上营养贫瘠的环境越来越普遍<sup>[27, 29, 33, 34, 36, 37, 57]</sup>, 因而寡营养细菌在生态系统中的分布及其生态作用引起了生态学家和环境学家的广泛关注。目前, 国外对寡营养细菌从其生理、生态、遗传以及系统发育等方面进行了广泛的研究<sup>[15, 16, 31]</sup>, 这些研究不仅促进了人们对传统的医学微生物检测、抗生素效价的测定等检测方法和微生物在生物进化过程中的作用的再认识<sup>[35, 58]</sup>, 而且也丰富了极端环境微生物生态学的理论知识, 开辟了环境监测、退化生态系统评价的新思路和途径<sup>[47, 48]</sup>。而我国在寡营养细菌生态学方面研究性报道较少<sup>[28, 53]</sup>, 尽快赶上国际在该领域的研究步伐是我国微生物生态学家与环境学家们所面临的迫切任务。

## 2 寡营养细菌的概念及营养类型

“寡营养”(Oligotroph)一词是由 Weber<sup>[53]</sup>最先提出的,

但当时只是针对环境条件而言, 并没有特指哪一类微生物。在 1979 年, Kuznetsov<sup>[25]</sup>提出了寡营养细菌的概念, 并定义为第一次培养时能在含碳 1~15 mg·L<sup>-1</sup>培养基中生长的细菌。同时, 把不能在富营养培养基上生长的寡营养细菌称为专性寡营养细菌, 可在寡营养和富营养培养基上生长的细菌称为兼性寡营养细菌。但由于还有一类微生物只能生长在营养丰富的环境中, 为了与寡营养微生物区分起见, Poindexter<sup>[38]</sup>提出了“富营养细菌”(Copiotrophicor)一词(指能发酵碳水化合物的细菌)。由于寡营养细菌的分离、培养和鉴定较困难, 并且其生长缓慢, 研究周期较长, 所以 20 世纪 70~80 年代寡营养细菌的研究进展迟缓, 至 80 年代中期开始, 寡营养细菌的研究才逐渐引起了各国学者注意, 并进行了越来越广泛的研究。

寡营养细菌并不是微生物分类学上的专用术语, 它是指在寡营养生态环境中生存着的细菌, 如 *Caulobacter*、*Hyphomicrobium*<sup>[30, 39]</sup>、*Cydioclastus oligotrophus*<sup>[54]</sup>、*Sphaerotilus alaskensis*<sup>[7]</sup>, 在系统发育上可能归属于不同的细菌

\* 国家自然科学基金项目(30170178)和教育部科学技术研究重点资助项目(031280)。

\*\* 通讯联系人。

2004-04-21 收稿, 2004-11-22 接受。

进化分支。但为了研究上的方便, Kuznetsov<sup>[25]</sup>等根据寡营养细菌的可否培养性将其划分为4种类型:(1)仅在初次分离时能在营养贫乏的培养基上被培养的细菌;(2)初次分离时能在营养贫乏的培养基上被培养,然后却变成在营养丰富的培养基也能生长的细菌;(3)仅在特殊的营养贫乏的培养基上生长的细菌;(4)不可培养,但在电子显微镜下能观察得到的细菌。

### 3 寡营养细菌的形态和主要生理生态特征

#### 3.1 形态和主要生理特征

自从 Hirsch<sup>[17]</sup>等在德国柏林 Dahlem 国际学术会议上介绍了第一个模式寡营养细菌 (*Sphingomonas alaskensis*) 的特征以来,人们对寡营养细菌的基本特征已有了如下的共识:在形态方面,典型的寡营养细菌无论其处于生长期,还是在饥饿过程中,其体积大小相对稳定,细胞直径均小于  $0.45 \mu\text{m}$ 。形态主要有球状、杆状、鞘状和弧状等,但以球状和杆状为主。从营养利用的角度来看,寡营养细菌能利用低浓度有机营养基质,对高浓度营养物质敏感。Fry<sup>[14]</sup>与 Button<sup>[6]</sup>对寡营养细菌营养动力学的研究表明,当环境中的碳浓度较低时,寡营养细菌的  $K_m$ (米氏常数)值较富营养细菌低,因而寡营养细菌对营养物质碳的亲和力大于富营养细菌,说明相对于富营养细菌来说,在低营养环境中,寡营养细菌具有较大的营养竞争优势<sup>[49]</sup>。寡营养细菌细胞膜上不但有各种不同的专一性营养物质吸收系统,而且还具有同时吸收混合营养物质的转运系统<sup>[11]</sup>,以保证营养物质的有效吸收。当遇到低水平的营养环境时,寡营养细菌常常呈饥饿反应<sup>[23]</sup>。从寡营养细菌对环境胁迫的反应来看,当寡营养细菌以较低速率进行生长时,对外界环境胁迫具有较大的抗性<sup>[2]</sup>。在生长方面,与富营养细菌相比,寡营养细菌的生长速率相当缓慢,因而培养时间较长,少则 7 d,长则几个月。由于寡营养细菌难于从自然环境中分离和培养,因此其细胞结构的特殊性还处于探讨之中。

#### 3.2 生态分布特征

绝大多数自然环境都是以寡营养为特征的,如沙漠中的有机碳含量不足  $20 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,占地球总面积 70% 以上的海洋中的可溶性有机碳流量在  $0.35 \sim 70 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 、湖泊  $0.1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 。大多数土壤也经常处于营养缺乏状态,主要是由于某些生态系统(荒漠、火山际地、冻原等)的地上植被生产力不高使土壤有机物质含量较低。即使某些生态系统土壤有机物质含量较高,但由于有机物质复杂的化学结构而使其不能被微生物直接利用<sup>[1]</sup>,同时自然土壤总是处于来自于植物根系分泌物和其它有机物质的脉冲式输入状态<sup>[32]</sup>,因此土壤缺乏可利用性营养物质的现象是普遍存在的。随着人们对自然生态系统干扰强度的加大,如森林砍伐后的侵蚀裸地、过度放牧的退化草原、过度利用的农田、酸雨及重金属污染造成的矿业废弃地土壤等均具有寡营养环境的特征。到目前为止,人们已经分别从土壤<sup>[15, 16, 34]</sup>、沙表土<sup>[21]</sup>、湖泊河水<sup>[9, 26]</sup>、海洋<sup>[10, 13, 43]</sup>、缺乏有机质的饮用水<sup>[20]</sup>、甚至蒸馏

水<sup>[12]</sup>等环境中分离出了寡营养细菌。这表明寡营养细菌在自然环境中是普遍存在的,并且在绝大多数环境中无论从细菌多样性方面还是种群数量方面均是优势菌群<sup>[18]</sup>。

#### 4 寡营养细菌嗜寡营养和富营养细菌嗜富营养的可能原因

Athur<sup>[3]</sup>对已有的研究成果进行总结,提出了寡营养细菌嗜寡营养和富营养细菌嗜富营养的可能原因:1)富营养条件改变了寡营养细菌的渗透压。细胞膜溶质泵对外部物质转运太迅速以至于细胞来不及消费,导致渗透膨胀;细胞不正确地泵入了无法利用的物质;许多物质同时进入细胞使渗透压太高;细胞泵入某种对细胞有害的物质导致缺少其它生长因子使生长受阻;细胞壁生长受阻,营养物质无法引入。2)富营养条件下,寡营养细菌生长不平衡:可能由于太多的可转运的非代谢物质突然可获得使细胞能量物质 ATP 或质子驱动力大量耗竭;细胞壁的扩展与细胞质的增长不成比例;细胞膜中含有太高的膜蛋白与脂酯比率使细胞质膜的生长成为不可能。因为太多的膜蛋白可能削弱膜或阻碍其生长。3)有毒物质的形成。半乳糖苷以未知的方式增多;在氧化剂(氧)存在的条件下,由于营养物质的代谢使自由基的形成速率太高,从而杀伤或杀死细胞。4)细胞分裂机制的失调。由于染色体复制启动的失败使 DNA 合成过程永久性受阻;细胞分裂由于膜的形成失败或无法正常收缩而受阻;细胞耗竭了蛋白合成所必需的辅助因子而使生长不能进行或恢复;细胞代谢调节失衡,并且不容易恢复。

相对于寡营养细菌的寡营养性,富营养细菌不适应低营养的原因:1)缺乏适当的调节系统。主要表现为:富营养细菌长期以来已经丧失或无法激活饥饿机制(营养不足,细胞代谢降低;营养充足,细胞代谢加快),甚至根本没有或已摒弃了饥饿机制。2)缺乏足够的时间适应于贫营养环境,如保护蛋白的形成等。3)由于缺乏足够的核苷酸供应使 DNA 损伤修复受阻。4)DNA 损伤后,SOS 系统(DNA 损伤修复系统)不能正常发挥功能或不能阻止染色体的复制和细胞分裂。5)在饥饿条件下,细胞内的合成反应向相反的方向进行,如酶和蛋白合成系统被迫催化可逆的反应过程,这个过程除非被阻止,否则水解和渗漏就会发生。6)代谢性或非代谢性物质毒害细胞。如 1-磷酸半乳糖苷在细菌和人体中的致死性就是由于代谢的不平衡所致。7)与寡营养细菌的竞争。自然界中,当一定类型的营养物质可能处于十分低的水平时,由于寡营养细菌的  $K_m$  值较富营养细菌低,寡营养细菌耗竭了该种资源并与进入该环境的富营养菌竞争。8)与寡营养细菌(需要较少的维持能)相比,富营养菌需要较多的能量补偿,以便用于修复和再合成损伤的细胞组成成分。

#### 5 寡营养细菌的主要研究方法

自从 Kuznetsov<sup>[25]</sup>等提出了寡营养细菌的概念以来,人们一直在对寡营养细菌的研究方法进行探讨,提出了不同的研究方法,但主要集中在以下两个方面:寡营养细菌的形态结构和生理生态学方法。在形态结构研究方面,一是利用传

统的稀释平板法(培养基为 DNB)分离易培养的寡营养细菌,另一个就是将涂有稀营养培养基的载玻片直接放在水体中进行原位培养难培养的寡营养细菌<sup>[14]</sup>,或将湖水放在铜网支持膜上进行培养<sup>[9]</sup>,然后用扫描/透射电子显微镜对寡营养细菌进行形态与精细结构分析。Button 等<sup>[6]</sup>提出了灭绝稀释培养法(Extinction dilution culturing method)用以最大限度地分离海水中的在数量上占优势的寡营养细菌:将海水样本进行一系列的稀释直到没有微生物细胞存在为止,然后将各稀释管分别培养,观察各管的微生物生长情况,再做进一步的分析。该种方法目前被认为是最有效的分离水生寡营养细菌的方法<sup>[7]</sup>。Kaeberlein 等<sup>[22]</sup>设计了扩散箱培养法,用于分离不可培养的海洋微生物:在扩散箱子的底部装有用 0.03 μm 孔隙的聚碳酸酯膜,膜上面放上含有微生物(作为“合作”微生物)的琼脂,箱子顶部装有同样的聚碳酸酯膜,在顶膜与琼脂之间留有一薄层空间,该空间可充满海水。顶部和底部的膜都能与海水进行化学物质交换,但却限制细胞的移动。Stephanie 等<sup>[44]</sup>对寡营养细菌分离后如何获得最大的寡营养细菌生物量进行探讨,并设计了高产量培养方法(High Throughput Method),以供对不可培养的细菌进行培养、鉴定以及生理特性分析。其主要过程为:利用荧光显微镜对接种物直接计数→将接种物稀释成 1~5 个细胞·ml<sup>-1</sup>,按每井 1 ml 滴加到微量滴定板中→按要求的时间和条件进行培养→从每个井中取 200 μl 培养物,分别排列在过滤膜上,染色,再将滤膜转到载玻片上,用荧光显微镜筛选呈阳性反应的培养物→供进一步分析。尽管上述寡营养细菌研究方法对推动环境中寡营养细菌的研究起到了很大的作用。但由于环境中的大多数寡营养细菌无法在实验室中培养,因而单凭上述方法是不够的。近年来分子生物学的研究方法逐渐被用于寡营养细菌的研究过程中,如通过 DNA 的基因测序(DNA Sequencing)来研究土壤寡营养细菌在系统发育上与其它细菌的关系<sup>[40]</sup>,利用 OFRG(Oligonucleotide fingerprinting of rRNA genes)与荧光抗体技术对寡营养细菌进行鉴定等<sup>[41,51]</sup>。在寡营养细菌的生理生态研究方面,利用<sup>14</sup>C-glucose 营养液处理含寡营养细菌的海水,然后通过聚碳酸酯膜过滤,用 HCl 洗膜,洗脱物放于闪烁瓶中。最后用闪烁记数器来估计<sup>14</sup>C-CO<sub>2</sub> 的释放量以及葡萄糖的利用率<sup>[4,5,38]</sup>,同时用放射性标记与聚丙烯酰胺凝胶电泳技术相结合也可以研究寡营养细菌对饥饿的生理反应<sup>[13]</sup>。利用 BIOLOG 微量滴定板(GN, GP 和 ECO)技术可以研究土壤寡营养细菌对不同碳源的反应以及功能多样性<sup>[24]</sup>。荧光原位杂交(Fluorescent *in situ* hybridization analysis)与狭缝印迹杂交(slot blot hybridization)技术相结合可用于定量地分析寡营养细菌的群落结构组成<sup>[42]</sup>。利用限制性片段长度多态分析(Restriction fragment length polymorphism analysis)技术研究寡营养细菌的遗传多样性<sup>[19]</sup>。放射性同位素标记与分子生物学方法的应用极大地推动了寡营养细菌的系统发育、生理遗传特征、种类组成以及群落结构等方面的研究。

## 6 寡营养细菌研究的生态意义

众所周知,地球生命出现早期,营养条件极其贫乏,只有能够适应贫营养条件的生物才能生存。Woese 等<sup>[55,56]</sup>根据 rRNA 序列特征的比较所提出的生物系统发育树,总结出最早出现在地球上的生命应属于能在极端环境下生存,并可以利用无机营养的真细菌和古细菌,而能进行光合作用以及以有机物作为碳源和能源的生物在地球上出现的时间相对较晚。因此,寡营养细菌有可能是早期地球环境中的主要微生物。寡营养细菌的发现和研究对于人们认识生物的进化生态学以及早期生物在地球环境有机化过程中的作用具有重要的理论意义。Whitman 等<sup>[53]</sup>研究表明,在世界主要公海寡营养水域中,微生物的数量在 0.5 × 10<sup>5</sup> ~ 5 × 10<sup>5</sup> 个细胞·ml<sup>-1</sup>,在多样性和数量方面是优势生物群体,细胞活性和物质周转速率也是最高的。而 Cole 等<sup>[8]</sup>研究认为,在淡水和咸水中,原核微生物在调节世界上最大的有机碳库(海洋)的积累、输出、重新矿化和转化过程中发挥着至关重要的作用,同时对于水环境中食物链的系统动力学规律也具有巨大的调节作用<sup>[44]</sup>。所有这些研究证明,对寡营养细菌的生态学特性进行研究,可以加深人们对整个生物圈的生物多样性、生态系统结构组成及其物质循环和能量流动的再认识,进而促进极端环境生态学理论的丰富和发展。

## 7 寡营养细菌在环境监测中的应用

1) 在医学方面的应用。在制药车间、手术室等要求无菌环境中,微生物监测是一项常规的工作。传统的微生物监测是采用标准的实验室培养方法,但近些年来,人们发现用稀释培养法能从用传统培养方法已证明无菌的临床各种材料中分离出大量的专一性和兼性寡营养细菌<sup>[46,50,59]</sup>。虽然人们还不知道这些细菌的临床意义,但这充分说明用传统方法进行医学微生物监测存在着很大的局限。Parag 等<sup>[35]</sup>建议寡营养细菌是检测制药车间、手术室等环境无菌状况的有用手段。但由于寡营养细菌分离困难,生长缓慢,所以寡营养细菌真正用于医学微生物监测尚需技术方面的改进。Zlatkin 等<sup>[59]</sup>对寡营养细菌抗生素抗性研究表明,大多数寡营养细菌对普遍临床使用的抗生素均具有较大的抗性,这些抗性来源于细菌细胞中的质粒。这一研究成果一方面为人们寻找抗生素基因提供了较好的实验材料,另一方面也表明传统的测量抗生素效价和杀菌效果的方法是不可靠的。

2) 在水环境有机物和重金属监测中的作用。在寡营养细菌生态学研究过程中,有两个重要的寡营养细菌生态学特性已引起了微生物生态学家及环境学家们的广泛重视:一是寡营养细菌对环境中高浓度的有机物质表现出两种反应:对专性寡营养细菌产生抑制生长的作用,对兼性寡营养细菌则诱导饥饿性反应<sup>[15,18]</sup>。因此,利用寡营养细菌诱导饥饿性反应的特征可能成为监测水体富营养化的重要手段。另一个是寡营养细菌对环境中的重金属变化十分敏感。Tada 等<sup>[45~47]</sup>用重金属(Ag、Hg、Cd、Cr、Pb、Zn、Cu)处理来自土壤中的寡营

养细菌,发现寡营养细菌对重金属十分敏感,Ed<sub>50</sub>(生态剂量)可以达到10<sup>-3</sup>~10<sup>-5</sup>mmol·L<sup>-1</sup>,并于2001年提出了用寡营养细菌监测水环境中重金属污染的方法,指出寡营养细菌对重金属的污染具有良好的生物监测作用。

## 8 结语

从环境的角度来看,目前寡营养细菌的研究主要针对水环境进行的,土壤和沙漠环境中的寡营养细菌研究相对较少,因而人们对寡营养细菌在受损的陆地生态环境的作用研究尚缺乏。从研究内容来看,主要围绕寡营养细菌的生态学、生理学和种系发育进行的。至于寡营养细菌在环境科学中的应用研究刚刚起步,还有大量的理论与技术问题需要探讨,如对退化土壤生态系统的评价,对环境中有毒有害有机物质的分解,对水环境的富营养化监测等问题。对寡营养细菌的生态学做进一步研究无疑将为解决这些问题提供新的思路和手段。

## 参考文献

- 1 Army PS, Morita RY. 1983. Starvation-survival patterns of 16 freshly isolated open-sea bacteria. *Appl Environ Microbiol*, 45(2): 1109~1115
- 2 Arthur LK. 1997. Microbial physiology and ecology of slow growth. *Microbiol Mol Biol Rev*, 61(3):305~318
- 3 Arthur LK. 2001. Oligotrophs and copiotrophs. *Bioessays*, 23(7): 657~661
- 4 Ayo B, Unanue M, Azua I, et al. 2001. Kinetics of glucose and amino acid uptake by attached and free-living marine bacteria in oligotrophic waters. *Mar Biol*, 138:1071~1076
- 5 Bianchi A, van Wambeke F, Garcin J. 1998. Bacteria utilization of glucose in water column from eutrophic to oligotrophic pelagic areas in the eastern North Atlantic ocean. *J Mar Syst*, 14:45~55
- 6 Button DK, Schut F, Quang P, et al. 1993. Viability and isolation of marine bacteria by dilution culture: Theory, procedures and initial results. *Appl Environ Microbiol*, 59(1):881~891
- 7 Cavicchioli R, Fegatella F, Ostrowski M, et al. 1999. *Sphingomonads* from marine environments. *J Ind Microbiol Biotechnol*, 23(2): 268~272
- 8 Cole JJ, Findlay S, Pace ML. 1988. Bacterial production in fresh and saltwater ecosystems: A cross-system overview. *Mar Ecol Program Serv*, 43(1):1~10
- 9 Corpe WA, Jensen TE. 1992. An electron microscopic study of picoplanktonic organisms from a small lake. *Microbial Ecol*, 24(2): 181~197
- 10 Deming JW. 1986. Ecological strategies of barophilic bacteria in the deep ocean. *Microbiol Sci*, 3(2):205~211
- 11 Eguchi M, Nishikawa T, MacDonald K, et al. 1996. Responses to stress and nutrient availability by the marine ultramicrobacterium *Sphingomonas* sp. strain RB2256. *Appl Environ Microbiol*, 62(3):1287~12946.
- 12 Favero MS, Carson LA, Bond WW, et al. 1971. *Pseudomonas aeruginosa*: Growth in distilled water from hospitals. *Science*, 173: 836~838
- 13 Fegatella F, Cavicchioli R. 2000. Physiological responses to starvation in the marine oligotrophic ultramicrobacterium *Sphingomonas* sp. strain RB2256. *Appl Environ Microbiol*, 66(5):2037~2044
- 14 Fry JC, Zia T. 1982. A method for estimating viability of aquatic bacteria by slide culture. *J Appl Bact*, 53(1):189~198
- 15 Hattori R, Hattori T. 1980. Sensitivity to salts and organic compounds of soil bacteria isolated on diluted media. *J Gen Appl Microbiol*, 26(1):1~14
- 16 Hattori T. 1984. Physiology of soil oligotrophic bacteria. *Microbiol Sci*, 1:102~104
- 17 Hirsch P, Bernhard M, Cohen SS, et al. 1979. Life under Conditions of Low Nutrient Concentrations. Strategies of Microbial Life in Extreme Environments. Berlin:Dahlem Konferenzen. 357~372
- 18 Hu SJ, van Bruggen AHC, Grunwald NJ. 1999. Dynamics of bacteria populations in relation to carbon availability in a residue-amended soil. *Appl Soil Ecol*, 13(1):21~30
- 19 Hugenholtz P, Pitulle C, Hershberger KL, et al. 1998. Novel division level bacterial diversity in a yellowstone hot spring. *J Bact*, 180(2):366~376
- 20 Jaeggli NE, Schmidt-Lorenz W. 1990. Bacterial regrowth in drinking water. Bacterial flora in fresh and stagnant water in drinking water purification and in the drinking water distribution system. *Zentralblatt Hygiene Umweltmedizin*, 190(2):217~235
- 21 Jizhong Z, Beicheng X, Heshu H, et al. 2003. Bacterial phylogenetic diversity and a novel candidate division of two humid region, sandy surface soils. *Soil Biol Biochem*, 35(7):915~924
- 22 Kaeberlein T, Lewis K, Epstein SS. 2002. Isolating "Uncultivable" microorganisms in pure culture in a simulated natural environment. *Science*, 296:1127~1129
- 23 Kjelleberg S, Albertson N, Flardh K, et al. 1993. How do non-differentiating bacteria adapt to starvation? *Ant van Leeuwenhoek*, 63(2):333~341
- 24 Krista LDF Sextone AJ. 2001. Differential response of size-fractionated soil bacteria in BIOLOG microtitre plates. *Soil Biol Biochem*, 33:1547~1554
- 25 Kuznetsov SI, Dubinin GA, Lapteva NA. 1979. Biology of oligotrophic bacteria. *Ann Rev Microbiol*, 33(3):377~387
- 26 Lango Z. 1988. Ring-forming, oligotrophic microcyclus organisms in the water and mud of Lake Balaton. *Acta Microbiol Hung*, 35(2): 277~282
- 27 Li G-B(李贵宝), Yin C-Q(尹澄清), Lin Y-B(林永标), et al. 2002. Artificial improvement of soil fertility in a degraded forest ecosystem by using municipal sewage sludge. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 13(2):159~162(in Chinese)
- 28 Long T-R(龙腾锐), Xie C-X(谢朝新), Fang Z-D(方振东). 2004. Behavior analysis of the bacteria in long - term storage water. *Chin J Chongqing Arch Univ*(重庆建筑大学学报), 26(3):55~58(in Chinese)
- 29 Li Y(李影), Wang Y-B(王友保), Liu D-Y(刘登义). 2003. Investigation on the vegetation of copper tailing wasteland in Shizishan, Tongling, Anhui Province. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 14(11):1981~1984(in Chinese)
- 30 Moaledi K. 1978. Qualitative assessment of oligocarboxphilic aquatic microflora in the Plubee. *Arch Hydrobiol*, 82(1):98~113
- 31 Morita RY. 1997. Bacteria in Oligotrophic Environments, Starvation-Survival Lifestyle. New York:Chapman & Hall. 10~12
- 32 Murray RE, Parsons LI, Smith MS. 1992. Competition between two isolates of denitrifying bacteria added to soil. *Appl Environ Microbiol*, 58(8):3890~3895
- 33 Niu S-L(牛书丽), Jiang G-M(蒋高明). 2004. Function of artificial grassland in restoration of degraded natural grassland and its research advance. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 15(9):1662~1666(in Chinese)
- 34 Ohta H, Hattori T. 1983. Oligotrophic bacteria on organic debris and plant roots in a paddy field soil. *Soil Biol Biochem*, 15(1):1~8
- 35 Parag PN, Satish DR, Milind GW. 2001. Oligophilic bacteria as tools to monitor aseptic pharmaceutical production units. *Appl Environ Microbiol*, 67(3):1371~1374
- 36 Peng S-L(彭少麟). 1998. Restoration of degraded ecosystem and agroforestry in tropics and subtropics. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 9(6):587~591(in Chinese)
- 37 Poindexter JS. 1979. Morphological Adaption to Nutrient Concentration. In: Shilo M, ed. *Strategies in Microbial Life in Extreme Environments*. Berlin:Dahlem Konferenzen. 341~356
- 38 Poindexter JS. 1981. Oligotrophy: Feast and famine existence. *Adv Microbiol Ecol*, 5(1):63~90
- 39 Ravenschlag K, Sahm K, Amann R. 2001. Quantitative molecular

- analysis of the microbial community in marine arctic sediments (svalbard). *Appl Environ Microbiol*, 67(1):387~395
- 40 Saito A, Mitsui H, Hattori R, et al. 1998. Slowing-growth and oligotrophic soil bacteria phylogenetically close to *Bradyrhizobium japonicum*. *FEMS Microbiol Ecol*, 25:277~286
- 41 Schut F, Jansen M, Pedro GTM, et al. 1995. Substrate uptake and utilization by a marine ultramicrobacterium. *Microbiology*, 141(1): 351~361
- 42 Schut F, Prins RA, Gottschal JC. 1997. Oligotrophy and pelagic marine bacteria: Facts and fiction. *Aquat Microbiol Ecol*, 12(1): 177~202
- 43 Stahl DA, Key R, Flesher B, et al. 1992. The phylogeny of marine and freshwater caulobacters reflects their habitat. *J Bact*, 174(4): 2193~2198
- 44 Stephanie AC, Stephen JG. 2002. High-throughput methods for culturing microorganisms in very-low-nutrient media yield diverse new marine isolates. *Appl Environ Microbiol*, 68(8):3878~3885
- 45 Tada Y, Ihmori M, Yamaguchi J. 1995. Oligotrophic bacteria isolated from clinical materials. *J Clin Microbiol*, 33(2):493~494
- 46 Tada Y, Inour T. 2000. Use of oligotrophic bacteria for the biological monitoring of heavy metals. *J Appl Microbiol*, 88(1): 154~160
- 47 Tada Y, Kobata T, Nakaoka C. 2001. A simple and easy method for the monitoring of environmental pollutants using oligotrophic bacteria. *Lett Appl Microbiol*, 32(1):12~15
- 48 Tilman D. 1982. Resource Competition and Community Structure. Princeton, NJ: Princeton University Press. 324~326
- 49 Wainwright M, Barakah F, Turk I, et al. 1991. Oligotrophic organisms in industry, medicine and the environment. *Sci Prog*, 75(2): 313~322
- 50 Wang Y, Lau PCK, Button DK. 1996. A marine oligobacterium harboring genes known to be part of aromatic hydrocarbon degrada-
- tion pathways of soil Pseudomonads. *Appl Environ Microbiol*, 62(2):2169~2173
- 51 Wang Y-Q(王颖群), Yan G-H(严共华). 1995. Oligotrophic bacteria. *Chin Microbial Bull(微生物学通报)*, 22(5):302~304(in Chinese)
- 52 Weber CA. 1907. Aufbau und vegetation der moore norddeutschlands. *Beiblatt zu den Botanischen Jahrbuchern*, 90:19~34
- 53 Whitman WB, Coleman DC, Wiebe WJ. 1998. Prokaryotes: The unseen majority. *PNAS, USA*, 95(8):6578~6583
- 54 Woese CR, Kandler O, Wheelis ML. 1990. Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains archaea, bacteria, and eucarya. *PNAS, USA*, 87(6):4576~4579
- 55 Woese CR. 2000. Interpreting the universal phylogenetic tree. *Evolution*, 97(15):8392~8396
- 56 Xia H-P(夏汉平), Cai X-A(蔡锡安). 2002. Ecological restoration technologies for mined lands: A review. *Chin J Appl Ecol(应用生态学报)*, 13(11):1471~1477(in Chinese)
- 57 Yanagita T, Ichikawa T, Tsuji T, et al. 1978. Two trophic groups of bacteria, oligotrophs and eutrophs: their distributions in fresh and sea water areas in the central northern Japan. *J Gen Appl Microbiol*, 24(1):59~88
- 58 Yoshifumi T, Masaki I, Junji Y. 1995. Oligotrophic Bacteria Isolated from Clinical Materials. *J Clin Microbiol*, 33(2):493~494
- 59 Zlatkin IV, Vishnevetskaia O, Nikitin DI. 1991. Some aspects of antibiotic resistance of oligotrophic bacteria. *Antibiot Khimioter*, 36(1):34~37

**作者简介** 张崇邦,男,1964年生,教授,中山大学在读博士。研究方向为土壤微生物生态学,发表论文近40篇。E-mail:llhzcb@163.com

## ·书讯·

### 《Wind on Tree Windbreaks》出版

中国科学院沈阳应用生态研究所朱教君(Zhu Jiaojun)研究员、姜凤岐(Jiang Fengqi)研究员,日本国立新泻大学松崎健(Matsuzaki Takeshi)教授共同编著的《Wind on Tree Windbreaks》(英文版)(风与树木防护林)一书由中国林业出版社出版发行。该书是作者在近20年来从事防护林科学的研究工作成果的总结。本书以防护林通过改变风的运行方式从而实现其防护效益为基本出发点,较系统地阐述了风在单株树木内、农田林带附近、海岸林分内、林冠上的分布规律;建立了风速分布与树木、林带、林分结构之间的关系模型;阐明了树木或林带对风的反应规律;并从防护林防风效益的角度论述了树木防护林营造与更新等问题。本书可供从事林业、生态建设的科研、教学、工程技术人员、学生参考。

该书标准A4开本,235页,全书共分7章36节,有148幅图、63张表,附有400余篇国内外参考文献。有需要者请与以下地址联系。

联系地址:辽宁省沈阳市沈河区文化路72号,中国科学院沈阳应用生态研究所《应用生态学报》或《生态学杂志》编辑部

邮编:110016

电话:024-83970394, 83970393, 83970342

E-mail:cjae@iae.ac.cn, cje@iae.ac.cn, jiaojunzhu@iae.ac.cn