

红树林土壤微生物的研究 过去、现在、未来

蒋云霞¹, 郑天凌^{1,2*}, 田 蕴¹

(厦门大学¹ 生命科学院应用与环境微生物研究所² 近海海洋环境科学国家重点实验室 厦门 361005)

摘 要 红树林土壤生境的独特性决定了其中微生物的多样性及其资源的珍稀性,对于红树林土壤微生物的研究正在成为热点。然而由于传统研究方法等因素的限制,至今人们对红树林土壤微生物的系统了解仍较为有限。近年来,基于 16S rRNA, 18S rRNA 基因的各种分子微生物学技术的迅速发展,红树林土壤微生物的研究亦面临着崭新的局面。文中主要从红树林土壤微生物物种的多样性、生理生化类型的多样性及其在治理污染环境、生物修复作用中的可能性、有效性等方面阐述了红树林土壤微生物的研究进展,并以更合理、有效地开发利用红树林土壤微生物资源为目标,展望了 21 世纪,以新理念、新技术、新方法进行红树林土壤微生物研究及资源开发的巨大前景。

关键词: 红树林; 土壤微生物; 微生物多样性

中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0001-6209 (2006) 05-0848-04

随陆源微生物资源的日益贫乏,海洋尤其是特殊生境的微生物资源已引起人们的高度重视。处于“海洋—陆地”界面潮间带湿地生态系统的微生物资源因其所处生境的独特性,激起了科学家对之进行研究的浓厚兴趣。当今,传统的微生物学研究方法受到严峻挑战,21 世纪微生物学的发展方向成为微生物学家的主要议题之一。运用新的手段不断深入研究微生物的多样性和进化,分析多样性产生的原因及如何更有效进行微生物资源的开发利用是微生物学始终不变的主要任务。

1 红树林土壤生境的特点

由于处于周期性遭受海水浸淹的潮间带环境,红树林土壤兼有海洋和陆地的性质却又与二者不同,具有沼泽化、盐渍化、强酸性、有机质含量高等主要特征。

2 红树林土壤微生物多样性的研究

20 世纪 40 年代以来,人们一直采用分离培养的方法来研究微生物的多样性,而事实上,多数微生物经常处于“活的未培养状态”(VBNC),因而,这种方法只能反映极少数微生物的信息,难以全面地分析微生物的多样性,导致埋没大量极具应用价值的微生物资源。自 1985 年 Pace 等利用核酸序列的测序研究微生物的进化问题以来,微生物多样性的研究进入了一个崭新阶段^[1]。采用 PLFA、基于 16S rRNA 和 18S rRNA 序列分析的现代分子生物学等技术从基因水平上研究微生物多样性,可以克服微生物培养技术的限制,能够对样品进行更客观的分析,较精确地揭示微生物的多样性。

2.1 红树林土壤微生物物种多样性

2.1.1 物种多样性研究:采用平板分离方法研究红树林区

土壤中细菌、放线菌、真菌三大类微生物的结果表明,芽孢杆菌属是细菌的主要属。小单胞菌和链霉菌属是红树林土壤放线菌的主要属,从土壤中还能分离到链轮丝菌、链孢囊菌、小多胞菌、红球菌、诺卡氏菌和游动放线菌等属。土壤中丝状真菌中最常见的属为 木霉、青霉、曲霉、镰孢菌^[2]。

近年来,世界各地红树林土壤中新的微生物物种不断被揭示。如,从日本红树林土壤分离得到一株 *Gordonia rhizosphaera* sp. nov.^[3]。分析分离于日本红树林根际周围的 3 株细菌 *Agromyces luteolus* sp. nov., *Agromyces rhizosphaerae* sp. nov., *Agromyces brachium* sp. nov. 的 16S rRNA 基因序列,进化特征均与甲烷八叠球菌属(genus *Methanosarcina*)相近,序列同源性为 94% ~ 97%,却与本属的其它物种明显不同^[4]。从荷兰红树林沉积物中分离到一株 *Methanosarcina semesiae* sp. nov.,经鉴定其进化特征亦与甲烷八叠球菌相近^[5]。从印度西海岸的红树林土壤中分离得到的一株浅褐色 *Marichromatium indicum* sp. nov.^[6]。Tomohiko 等研究日本红树林土壤放线菌的分布规律时,得到一株 *Asanoa iriomotensis* sp. nov.^[7]。对我国海南清澜港红树林土壤微生物 16S rDNA V3 片段 PCR 产物两个 DGGE 条带进行分子克隆、序列测定和 Blast 分析,发现每个 DGGE 条带包含着许多不同的细菌 16S rDNA V3 片段,并且其中多数为 NCBI 未收录的序列^[8]。世界各地科学家的研究结果证实红树林土壤中存在许多未知的微生物,有待人类不断发现和开发利用。

2.1.2 红树林土壤微生物数量及分布规律的研究:目前对红树林土壤微生物数量和分布的时空变化仅仅是一些初步研究。红树林土壤中细菌、放线菌、丝状真菌数量的总体规律为:土壤细菌数量在三大类群土壤微生物中占有绝对优势

基金项目 国家自然科学基金项目(40576054,40476047);长江学者和创新团队发展计划资助项目(40521003)

* 通讯作者。Tel 86-592-2183217 Fax 86-592-2184528 E-mail *wshwzh@xmu.edu.cn

作者简介 蒋云霞(1973-),女,湖北人,博士研究生,研究方向为环境微生物学。E-mail jiangyixia@yahoo.com.cn

收稿日期 2006-04-29 接受日期 2006-05-31 修回日期 2006-06-16

达 $10^6 \sim 10^7$ cfu/g 放线菌数量为 $0.7 \times 10^3 \sim 19.0 \times 10^3$ cfu/g, 真菌数量为 $0.5 \times 10^2 \sim 5.2 \times 10^2$ cfu/g^[9]。阿拉伯湾红树林 1993 ~ 1994 年间的细菌群落 [anoxygenic phototrophs (AP), oxygenic phototrophs (OP), organotrophs (OT), total coliforms (TC), faecal coliforms (FC) and haloalkaliphiles (HA)] 的分布规律为: 靠近陆地的土壤中 OT、AP、TC 和 FC 数量明显高于各类在靠近海洋的土壤中数量, 而 HA 数量却在靠近海洋的土壤中占优势, 推测可能来源于海洋, 由上升流带入。OT、AP 被认为是红树林的土著菌, TC 和 FC 被认为来源于陆地污水管道的释放^[10]。红树林土壤不同位点土壤中氮转化细菌、上层土壤中丝状体蓝细菌-江口鞘丝蓝细菌 (*Lyngbya cf. aestuarii*)、下层土壤中原型体微鞘蓝细菌 (*Mircrocoleus thonoplastes*) 和产甲烷细菌的季节变化规律为: 氮转化细菌数量在冬季最高, 雨季最低, 丝状体蓝细菌——江口鞘丝蓝细菌数量趋于稳定, 原型体微鞘蓝细菌在夏季数增加, 产甲烷细菌数量从每年 2 ~ 6 月逐渐上升, 到 8 月达到最高值, 而后的 10 ~ 12 月数量又逐渐下降, 12 月份为最低值^[11-13]。

研究红树林土壤微生物的分布规律是系统、深入研究红树林微生物的必要基础, 将推动进化分类学研究, 更是菌种资源开发的重要基础。因此, 笔者认为继续运用传统和现代分子生态学的方法相结合的手段探讨此区域土壤微生物的生态学规律十分必要。

2.2 红树林土壤微生物生理生化多样性的研究

2.2.1 土壤酶活性的研究: 土壤酶活性的测定在一定意义上反映土壤微生物群落的代谢状况。红树林土壤蛋白酶、蔗糖酶、转化酶、脲酶、酸性磷酸酶、过氧化氢酶、多酚氧化酶等七种酶活性已有初步研究。随土壤剖面的深度增加酶活性逐渐降低, 季节变化规律因酶而异。红树群落不同, 土壤蔗糖酶、蛋白酶、脲酶、酸性磷酸酶 4 种水解酶和过氧化氢酶的活性大小顺序为红海榄群落 > 木榄群落 > 秋茄群落 > 桐花树群落 > 白骨壤群落, 多酚氧化酶则与此相反^[14]。

2.2.2 红树凋落叶自然分解过程中微生物酶活性的研究: 红树凋落叶自然分解过程中有细菌、真菌、放线菌等微生物共同参与, 分解过程中, 细菌、丝状真菌的数量均明显增多, 而放线菌数量却减少^[15]。红树林内的大部分微生物能产生纤维素分解酶、木质素分解酶、果胶酶、蛋白酶、脂肪酶和琼脂糖酶等多种有用的酶^[16]。真菌对红树叶片进行分解时的酶学变化规律为: 分解初期, 纤维素酶产量最大, 第 2 阶段, 木聚糖酶产量较多, 且分解各个时期均能检测到果胶酶、淀粉酶和蛋白酶^[17]。除真菌外, 红树林放线菌也能产生具分解活性的酶, 如几丁质酶^[18]。近期研究进一步证实了红树林真菌主要担负着半纤维素降解者的作用, 从香港海岸红树林分离到的 77 株真菌, 其中 34 株可产生木聚糖酶, 其中菌株 CY4786 在液体培养基中培养 7d 产酶最佳, 木聚糖酶活力可达 1.7×10^4 U/mL^[19]。分解过程中微生物的种类、生物量及相关微生物酶活性的相互关系有待于进一步研究。

2.3 红树林土壤微生物次级代谢产物多样性的研究

红树林生态系统中微生物次级代谢产物的研究目前还集中在红树植物叶片的内生真菌, 我国中山大学以林永成教授为首的研究组先后从来自中国南海红树林、香港海红树叶

片、叶柄的内生真菌培养液中分离得到多个代谢产物, 其中很多化合物以前均未报道^[20]。来自红树林的放线菌能产生核苷类抗生素^[21]。然而, 从红树土壤微生物开发次级代谢产物的研究尚刚起步, 有待深系统地研究。

3 红树林土壤微生物资源的开发应用研究

3.1 治理环境污染

红树林土壤微生物在环境污染的治理与修复中发挥着多重功能效应, 表现在: 能降解多种有机污染物及对废水的净化处理。对处于海洋污染物黑名单之首——“多环芳烃”的生物降解已有较系统的研究。结果显示, 红树林土壤中存在 PAHs (Fl、Phe 和 Pyr 的混合物) 的降解细菌, 无论单个或混合 PAHs 的降解菌均能对 PAHs 起到较好的生物作用, 经富集后的细菌组优先选择降解低分子量的 PAHs。环境因子对混合菌的降解能力的影响较小。如: 高盐度对混合菌的降解菲的能力影响很小, 但却抑制单种菌对菲的降解能力, 葡萄糖的加入可减小盐度的影响作用^[22]。

红树林土壤微生物对石油有降解作用^[23], 且对柴油、农药甲胺磷均呈现有较强的降解力, 其降解率是同潮带无红树林土壤微生物的 2 ~ 3 倍^[24,25], 同时也是生物降解聚乙烯和塑料的很好来源, 其降解过程中有细菌和真菌的共同参与^[26]。此外, 红树林土壤微生物对邻苯二甲酸二丁基酯 (DBP)、二甲基对苯二酸盐 (DMT)、吡啶、pentacyclic triterpenol 等有机物几乎能完全降解^[27-31]。

鱼虾等动物粪便若处理不当会引起一系列环境问题, 如可能引发水体富营养化最终导致赤潮发生。研究发现分离于红树林沉积物的细菌能发酵海洋淤泥 (Sea sludge), 其中一株细菌经 16S rDNA 测序, 与 *Bacillus fumarioli* LMG17489 有高度同源性^[32]。红树林土壤微生物在一定程度上可能将废水中 Cu、Zn、Cd 等重金属元素吸附固定, 而 P、N 等营养物则被微生物本身利用而使废水得到净化^[33]。

3.2 医用价值

历史记载生活于红树林地带的居民身体健康, 一度引起人们的好奇, 原来他们一直利用红树植物的提取物用于预防治疗疾病, 那些是天然的宝贵良药^[34]。而红树林土壤微生物的药用价值如同未经开采的宝藏, 对我们充满诱惑, 但需要微生物学家的辛苦挖掘。

4 红树林土壤微生物研究的发展趋势及资源开发利用前景

4.1 运用新的研究手段深入进行土壤微生物多样性的研究是发展方向

微生物多样性的研究是开发微生物资源的前提。如今, 分子微生物学的内容日益丰富, 今后开展红树林土壤微生物研究, 应努力从基因水平上认识红树林土壤微生物的遗传多样性, 从分子水平上了解微生物生态功能的多样性, 深刻了解微生物之间的亲缘关系, 获取环境微生物群落的真实信息, 并努力发现鉴定新的微生物物种, 站在一个全新的高度揭示着红树林土壤微生物生命活动的奥秘。在对其多样性的探索基础上, 开发全新的化合物造福于人类。笔者已运用

DGGE、RFLP 等手段进行了不同季节天然红树林土壤微生物的多样性研究,结果将另文发表。

4.2 充分开发红树林土壤微生物资源是微生物学家的主要任务

4.2.1 红树林土壤微生物资源的特色 红树林土壤生境的独特性决定其中必然蕴藏独特酶资源和基因资源。如今,海洋赤潮爆发频率上升,而有红树林区的海域却不易发生赤潮,其奥秘何在?笔者认为这与红树林区独特的微生物群落密切相关,并认为可能从红树林土壤微生物中可以开发海藻解壁酶制剂,用于治理富营养化水体与控制赤潮爆发。再则,红树林土壤具含盐高、富含纤维素、木质素和几丁质等大分子有机物特征,土壤微生物中耐盐基因和纤维素高效分解酶基因必定存在。红树林土壤将是新纤维素酶的丰富来源,其中的耐盐基因可转入植物,以开发出适应于高盐土壤环境的农作物,从而提高全球的农产品产量。

放线菌一直是抗生素的主要产生菌,一般适宜于干燥、偏碱性的环境,而红树林土壤中的放线菌长期生存于湿润、强酸性、高盐的环境,必然有其独特的分子适应机制,具备形成独特新颖的次级代谢产物的潜能,若加强研究,定能拓展新型的抗生素。红树植物内生真菌资源的研究开发已取得了较大的进展,如真菌多糖、鞘氨醇类化合物在体内外均有抗肿瘤、抗突变、降血糖、抗病毒、抗氧化、抗辐射等作用,具有开发成为新药的巨大潜力,土壤真菌代谢次级产物的开发利用工作还应强化。

4.2.2 开发具有特色的红树林土壤微生物资源的新战略:分两点叙述。

(1)微生物资源开发的限制因子 有些生物活性物质在生态系统中存量极微,大规模进行样品采集和分离提纯这些化合物又存在一定的困难,例如,以 $FADH_2$ 为辅酶的卤化酶是含卤素抗生素合成中至关重要的一类酶,然而至今还未能野生型菌株中分离纯化到^[35]。另外,许多活性物质因其独特的结构,难于进行人工化学合成。再则,大多数具有产生生物活性物质的微生物在现有实验室条件下却不能人工培养。鉴于以上制约因素,探索 and 开发新的方法势在必行。

(2)立足于宏基因组学的微生物资源开发平台 运用宏基因组学的研究策略作为新活性物质开发的技术平台,将加速特殊生境微生物资源化进程。科学已证实:土壤宏基因组文库的筛选是发现新药的有效工具。因细菌合成活性产物的基因通常以基因簇的形式出现的,直接构建一个比可培养微生物遗传信息大得多的环境微生物全基因组,使得捕捉这些基因和操纵子成为可能。Randon 首先构建了大片段土壤细菌宏基因组文库,并从文库中成功克隆、表达出一系列生理活性物质,包括细菌药物,脂肪酶,淀粉酶,核酸酶,和溶血活性酶等^[36]。

目前采用宏基因组方法从红树林土壤微生物中寻找新资源的报道极少,笔者开展了相关研究工作,已获得大片的天然红树林土壤微生物的总 DNA,大小为 50Kb 左右,构建大片段红树林土壤细菌宏基因组文库的工作正在进行之中。

综上所述,现阶段红树林土壤微生物的研究还主要集中在污染环境的生物修复方面,从分子水平上进行微生物的多

样性,群落结构系统研究还甚少,对于微生物次级代谢产物的研究亦多集中在红树叶片内生真菌。21 世纪,人们应综合应用微生物分子生物学、功能基因组学和生物信息学等前沿手段,在充分重视未培养微生物资源的平台上,深入进行红树林土壤微生物多样性的研究,努力分离、克隆、并积累关键功能基因,采用基因工程途径表达新型的活性物质,同时,应注意合理的开发利用并保护红树林微生物资源,促进整个人类社会的可持续发展。

参 考 文 献

- [1] Pace NR, Stahl DA, Lane DJ, et al. The analysis of natural microbial populations by ribosomal RNA sequence. *Advance in Microbial Ecology*, 1986, **9**: 1–55.
- [2] 林 鹏,张瑜斌. 九龙江口红树林土壤微生物的类群及抗菌活性. *海洋学报*, 2005, **27**(3): 133–141.
- [3] Takeuchi M, Hatano K. *Gordonia rhizosphaera* sp. nov. isolated from the mangrove rhizosphere. *Int J Syst Bacteriol*, 1998, **48**: 907–912.
- [4] Takeuchi M, Hatano K. *Agromyces luteolus* sp. nov., *Agromyces rhizosphaerae* sp. nov. and *Agromyces brachium* sp. nov., from the mangrove rhizosphere. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2001, **51**: 1529–1537.
- [5] Lyimo TJ, Pol A, Opden Camp HJM, et al. *Methanosarcina semesiae* sp. nov., a dimethylsulfide-utilizing methanogen from mangrove sediment. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2000, **50**: 171–178.
- [6] Arunasri K, Sasikala C, Raman CV, et al. *Marichromatium indicum* sp. nov., a novel purple sulfur gammaproteobacterium from mangrove soil of Goa. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2005, **55**: 673–679.
- [7] Tomohiko T, Takeshi S. *Asanoa iriomotensis* sp. nov., isolated from mangrove soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2005, **155**: 725–727.
- [8] 王岳坤,洪 葵. 红树林土壤细菌群落 16S rDNA V3 片段 PCR 产物的 DGGE 分析. *微生物学报*, 2005, **45**: 201–204.
- [9] 王岳坤,洪 葵. 红树林土壤因子对土壤微生物的影响. *热带作物学报*, 2005, **26**(3): 109–114.
- [10] Hashim A Al-Sayed, Essam HG, Kareema MS. Bacterial community and some physico-chemical characteristics in a subtropical mangrove environment in Bahrain. *Mar Pollut Bull*, 2005, **50**: 147–155.
- [11] Routray TK, Satapathy GG, Mishra AK. Seasonal fluctuation of nitrogen transforming microorganisms in Bhitarkanika mangrove forest. *J Environ Biol*, 1996, **17**: 325–330.
- [12] Karsten U, Maier J, Garciapichel F. Seasonality in UV-absorbing compounds of cyanobacterial mat communities from an intertidal mangrove flat. *Aquatic Microb Ecol*, 1998, **16**: 37–44.
- [13] Mohanraju R, Natarajan R. Methanogenic bacteria in mangrove sediments. *Hydrobiologia*, 1992, **247**: 187–193.
- [14] 何 斌,温远光. 广西英罗港不同红树植物群落土壤理化性质与酶活性的研究. *林业科学*, 2002, **38**(2): 21–26.
- [15] 庄铁诚,林 鹏. 红树林凋落物叶自然分解过程中土壤微生物的数量动态. *厦门大学学报(自然科学版)*, 1993, **32**(3): 365–370.

- [16] Pointing SB, Buswell JA, Jones EBG, *et al.* Extracellular cellulolytic enzyme profiles of five lignicolous mangrove fungi. *Mycological Research*, 1999, **103** :696 – 700.
- [17] Raghukumar C, Raghukumar S, Chinnaraj A, *et al.* Laccase and other lignocellulose modifying enzymes of marine fungi isolated from the coast of India. *Bot Mar*, 1994, **37** :515 – 5231.
- [18] 郑志成,周美英,姚炳新. 红树林根际放线菌的组成及生物活性. 厦门大学学报(自然科学版), 1989, **28** (3) :306 – 310.
- [19] Yuan KP, Guan LP, Feng GM. Survey of coastal mangrove fungi for xylanase production and optimized culture and assay conditions. *Acta Microbiol Sinic*, 2005, **45** :91 – 96.
- [20] Lin YC, Wu XY, Deng ZJ, *et al.* The metabolites of the mangrove fungus, *Verruculina enalia* No. 2606 from a salt lake in the Bahamas. *Phytochemistry*, 2002, **59** :469 – 471.
- [21] 廖文彬,鲍时翔. 红树林放线菌产抗菌活性物质的分离纯化研究. 药物生物技术, 2004, **11** (6) :376 – 380.
- [22] Yu KSH, Wong AHY, Yau KKY, *et al.* Natural attenuation, biostimulation and bioaugmentation on biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in mangrove sediments. *Mar Pollut Bull*, 2005, **51** :1071 – 1077.
- [23] Burns KA, Codil S, Swannell RJP, *et al.* Assessing the oil degradation potential of endogenous micro-organisms in tropical marine wetlands. *Mangroves and Salt Marshes*, 1999, **3** :67 – 83.
- [24] 庄铁诚,林 鹏. 红树林下土壤微生物对柴油的降解. 厦门大学学报(自然科学版), 1995, **34** (3) :442 – 446.
- [25] 徐美珠,庄铁城,郑天凌. 红树林区细菌对甲胺磷农药的降解. 海洋学报, 2000, **22** :300 – 3058.
- [26] Kathiresan K. Polythene and plastics-degrading microbes from the mangrove soil. *Rev Biol Trop*, 2003, **51** :629 – 634.
- [27] 李魁晓,顾继东. 红树林细菌 *Rhodococcus ruber* 1K 降解邻苯二甲酸二丁酯的研究. 应用生态学报, 2005, **16** (8) :1566 – 1568.
- [28] Yin B, Gu JD, Wan NS. Degradation of indole by enrichment culture and *Pseudomonas aeruginosa* Gs isolated from mangrove sediment. *Int Biodeterior Biodegrad*, 2005, **56** :243 – 248.
- [29] Li JX, Gu JD, Yao JH. Degradation of dimethyl terephthalate by *Pasteurella multocida* Sa and *Sphingomonas paucimobilis* Sy isolated from mangrove sediment. *Int Biodeterior Biodegrad*, 2005, **56** :158 – 165.
- [30] Xu XR, Li HB, Gu JD. Biodegradation of an endocrine-disrupting chemical di-n-butyl phthalate ester by *Pseudomonas uorescens* B-1. *Int Biodeterior Biodegrad*, 2005, **55** :9 – 15.
- [31] Boris PK, Jens H, Rube'n JL, *et al.* The effect of selective microbial degradation on the composition of mangrove derived pentacyclic triterpenols in surface sediments. *Org Geochem*, 2005, **36** :273 – 285.
- [32] Yoshihiro A, Mistsugi N. Initial fermentation of sea sludge using aerobic and thermophilic microorganisms in a mangrove soil. *Bioresour Technol*, 2001, **80** :83 – 85.
- [33] Tam NFY. Effects of wastewater discharge on microbial populations and enzyme activities in mangrove soils. *Environ Pollut*, 1998, **102** :233 – 242.
- [34] Bandaranayake WM. Traditional and medicinal uses of mangroves. *Mangroves and Salt Marshes*, 1998, **2** :133 – 148.
- [35] Kimer S, Hammer PE, Hill DS, *et al.* Functions encoded by pyrrolnitrin biosynthetic genes from *Pseudomonas fluorescens*. *J Bacteriol*, 1998, **180** :1939 – 1943.
- [36] Rondon MR, August PR, Bettermann AD, *et al.* Cloning the soil metagenome: a strategy for accessing the genetic and functional diversity of uncultured microorganisms. *Appl Environ Microbiol*, 2000, **66** :2541 – 2547.

Research on mangrove soil microorganisms : past, present and future

JIANG Yun-xia¹, ZHENG Tian-ling^{1,2*}, TIAN Yun¹

(¹ School of Life Sciences, ² State Key Laboratory of Marine Environmental Science, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract Special Mangrove soil niches possesses valuable microbial resources. Unfortunately, up to the present, so far there is very little knowledge on the mangrove soil microbial communities. It mainly due to the limitations of research methods. Culture-independent approaches based on 16S rRNA, 18S rRNA gene analysis open the window to study microbial diversity in mangrove soil. The progress had achieved about studying on mangrove soil microbial species diversity, metabolic diversity and treating environmental pollutions was summarized in the paper. In addition, the bright future of mangrove soil microorganisms was described.

Keywords : Mangrove ; Soil microorganisms ; Microbial diversity

Foundation item : National Natural Science Foundation of China (40576054, 40476047) ; Program for Changjiang Scholars and Innovative Research Team in Xiamen University (40521003)

* Corresponding author. Tel 86-592-2183217 ; Fax 86-592-2184528 ; E-mail : wshwzh@xmu.edu.cn

Received : 29 April 2006 / Accepted : 31 May 2006 / Revised : 16 June 2006