

文章编号: 1674-148X(2017)01-0027-07

一株深海细菌 *Idiomarina* sp. 406-6 的微生物学特征分析

陈国忠, 潘云军, 王文泽, 林慧媛, 张燕娇

(青岛农业大学, 山东省应用真菌重点实验室, 山东 青岛 266109)

摘要: 从印度洋海区水深为 4 517 m 的深海泥样中筛选到一株细菌, 菌株号为 406-6。通过形态学特征和生理生化特征分析表明, 菌株 406-6 为革兰氏阴性菌, 细胞呈稍微弯曲的棒状。菌落为乳白色, 圆形。菌株 406-6 生长需要 NaCl, 62 °C 时生长微弱, 能利用小分子的甘氨酸作为唯一碳源生长, 但不能利用 L-阿拉伯糖、D-木糖、D-葡萄糖、D-半乳糖、D-甘露糖、蔗糖、D-甘露醇、D-海藻糖和 D-纤维二糖作为唯一碳源。能水解酪素、明胶、脱脂奶粉、Tween 40 和 Tween 60, 但是不能水解淀粉、Tween 20 和 Tween 80。16S rRNA 基因序列比对分析表明, 菌株 406-6 与 *Idiomarina* 属的 *I. fontislapidosi* F23^T 相似性最高(98.0%), 和其他属的相似性均低于 94.0%。Neighbor-joining 系统树中, 菌株 406-6 和 *Idiomarina* 属内的菌种相聚成簇。基于以上微生物学特征分析表明, 406-6 为 *Idiomarina* 属内的一个潜在的细菌新物种, 该研究丰富了 *Idiomarina* 属的物种多样性, 为微生物资源的开发利用奠定基础。

关键词: 深海; *Idiomarina* sp.; 微生物学特征

中图分类号: Q935

文献标识码: A

DOI: 10.3969/J. ISSN. 1674-148X. 2017. 01. 007

Microbiological Characterization of Strain *Idiomarina* sp. 406-6 Isolated from Deep-sea

CHEN Guozhong, PAN Yunjun, WANG Wenzhe, LIN Huiyuan, ZHANG Yanjiao

(Shandong Province Key Laboratory of Applied Mycology, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109, China)

Abstract: A bacterium, designated 406-6, was isolated from sediment of the Indian Ocean at a water depth of 4517 m. Based on the results of the morphological and physiological-biochemical characterization of strain 406-6, it is Gram-negative, straight or slightly curved rods. Colonies are white and circular. Strain 406-6 did not grow without NaCl, but could slightly grow at 62°C. Strain 406-6 could utilize small molecules of glycine as sole carbon sources for growth, but not L-arabinose, D-xylose, D-glucose, D-galactose, D-mannose, sucrose, D-mannitol, D-trehalose and D-cellobiose. Hydrolyses casein, gelatin, skimmed milk, Tween 40 and Tween 60, but not starch, Tween 20 and Tween 80. Comparative analysis of the 16S rRNA gene sequence showed that strain 406-6 had the highest 16S rRNA gene sequence similarity to the type strain of *Idiomarina fontislapidosi* F23^T (98.0%), and less than 94.0% sequence similarity to type strains of other known genus. In the neighbor-joining tree, strain 406-6 and the type strains of *Idiomarina* formed a coherent branch. Based on the results of the microbiological characterization of strain 406-6, it represents a potentially novel species of the genus *Idiomarina*. This study enriches the species diversity of the genus *Idiomarina*, and lays the foundation for the development and utilization of microbial resources.

Key words: deep-sea, *Idiomarina* sp., microbiological characterization

收稿日期: 2016-12-01

基金项目: 国家自然科学基金项目(31300005); 青岛农业大学高层次人才科研基金(6631113308)

作者简介: 陈国忠(1989-), 男, 山东庆云人, 在读硕士, 主要研究方向: 微生物学, E-mail: 18765907042@163.com

通讯作者: 张燕娇(1982-), 女, 山东曲阜人, 讲师, 博士, 主要研究方向: 微生物学, E-mail: zhangyanjiao34@163.com

海洋是地球上最重要的生态系统之一,其中海水深度超过 1 000 m 的区域为深海,约占海洋总面积的 $3/4$ ^[1]。深海是一个特殊的生态环境,深海环境的主要特点是低温(少数热液口环境除外)、黑暗、高压、高盐及寡营养,其中孕育着数量巨大种类繁多的生物资源。在深海极端环境条件下,微生物可能具有许多特殊的功能,如耐盐、耐低温、耐高温、耐高压和耐高渗透性等,了解各种极端微生物,有助于对深海微生物资源的开发利用。

本实验室从国际公海印度洋海区($85^{\circ}01.833'E, 00^{\circ}00.549'S$)水深 4 517 m 的深海泥样中筛选到一株细菌,菌株号为 406-6,本论文对该菌株的微生物学特征进行分析,为该菌株进一步的开发利用奠定基础。

1 实验材料

1.1 样品的采集

印度洋沉积物样品由青岛农业大学莫旭华老师提供。

1.2 培养基

1.2.1 人工海水(以下简称 ASW)(g/L)^[2]:

NH_4NO_3 , 0.002 g; H_3BO_3 , 0.027 g; CaCl_2 , 1.14 g; FePO_4 , 0.001 g; MgCl_2 , 5.143 g; KBr , 0.100 g; KCl , 0.69 g; NaHCO_3 , 0.2 g; NaCl , 24.32 g; NaF , 0.003 g; Na_2SiO_3 , 0.002 g; Na_2SO_4 , 4.06 g; SrCl_2 , 0.026 g, 去离子水配制。

1.2.2 2216 E 液体培养基(g/L):

蛋白胨, 5 g; 酵母粉, 1 g; ASW 充分溶解, pH 为 7.5。若需固体培养基,则在液体培养基中加入 1.5% 的琼脂。

1.2.3 离子需求基础培养基(以下简称 TY 培养基)(g/L):

蛋白胨, 5 g; 酵母粉, 1 g, 超纯水配置。

1.2.4 唯一碳源利用基础培养基(g/L):

NH_4Cl , 0.54 g; NaCl , 30 g; $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$, 3 g; K_2SO_4 , 2 g; K_2HPO_4 , 0.2 g; CaCl_2 , 0.01 g; $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$, 0.006 g; $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 0.005 g; $\text{CuCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 0.004 g; Tris, 6 g, 去离子水配置。

2 实验方法

2.1 菌株的分离纯化

菌株的分离与纯化参照 Zhang X. Y. 等^[3]方法操作。

2.2 形态特征

2.2.1 菌落形态和细胞形态特征

菌落形态和细胞形态的透射电镜观察方法参照赵家瑞^[4]方法操作。

2.2.2 革兰氏染色

菌株的革兰氏染色参照咸洪泉^[5]方法操作。

2.3 生理生化特征

2.3.1 生长温度

将菌株 406-6 接种于 2216 E 液体培养基中,在 25°C 、 30°C 、 37°C 、 42°C 和 48°C 下振荡培养,定时取样检测不同温度下的菌液浓度。同时,菌株接种于 2216 E 固体培养基中,置于 4°C 、 10°C 、 52°C 、 58°C 和 62°C 中培养,观察在各温度下菌株 406-6 是否生长。

2.3.2 pH 生长范围

2216E 液体培养基用 1 M 的 HCl 或者 1 M 的 NaOH 调节 pH 分别为 5、6、7、8、9 和 10。接种菌株 406-6 后置于 30°C 振荡培养,定时检测不同温度下的菌液浓度。

2.3.3 耐 NaCl 浓度生长范围

菌株 406-6 接种在改良的 2216 E 液体培养基中(即用去离子水代替人工海水配置而成)加入不同浓度 0%、2%、4%、6% 和 8% 的 NaCl, 30°C 振荡培养,定时检测不同温度下的菌液浓度。

2.3.4 离子需求实验

在 TY 培养基中分别添加以下成分:(1) 0% NaCl; (2) 0.5% MgCl_2 ; (3) 0.5% MgCl_2 和 0.1% KCl; (4) 2.75% NaCl 和 0.1% KCl; (5) 5% NaCl; (6) 2.75% NaCl 和 0.5% MgCl_2 ; (7) 2.75% NaCl、0.5% MgCl_2 和 0.05% CaCl_2 , 配成液体培养基。接种后放在最适温度下培养 7 d, 观察生长情况。

2.3.5 底物分解实验

参照赵家瑞^[8]的方法检测菌株 406-6 的底物分解能力,这些底物分别是酪蛋白、明胶、脱脂奶粉、淀粉、Tween 20、Tween 40、Tween 60 和 Tween 80。

2.3.6 唯一碳源利用实验^[4]

所用培养基为唯一碳源利用基础培养基,用添加 0.5% 的蛋白胨为阳性对照,不添加的作为阴性对照,实验组分别添加 0.5% 的 L-阿拉伯糖、D-木糖、D-葡萄糖、D-半乳糖、D-甘露糖、蔗糖、D-甘露醇、D-海藻糖、D-纤维二糖和甘氨酸,调节 pH 到 7.5,每 3 mL 培养基接种 $100 \mu\text{L}$ 菌液,在最适温度下培养 14 d,根据其生长情况判定该菌株是

否能利用该添加物作为唯一碳源和能源。

2.4 基因特征

2.4.1 菌株 16S rRNA 基因的序列克隆与测序

参照赵家瑞^[4]的方法操作,具体内容包括基因组 DNA 的提取、PCR 扩增 16S rRNA 基因序列、扩增产物的检测与胶回收、胶回收产物与载体连接、质粒重组子的转化和重组子的筛选。

2.4.2 菌株 16S rRNA 基因的序列分析及系统发育分析

将测序结果的 DNA 序列在 EzBiocloud 数据库中进行序列比对分析。获得与其相似性比较高的其他菌株的 16S rRNA 基因序列。使用软件 MEGA 6.0^[6]对得到的序列进行多序列匹配排列,然后构建系统发育树。通过 Jukes and Cantor 模型^[7]计算矩阵距离;然后使用 Neighbor-joining 方法^[8]构建系统进化树。Bootstrap(1000 次)自举检验计算各分支的置信度^[9]。

3 实验结果与分析

3.1 菌株的分离纯化

菌株 406-6 分离自印度洋(85°01.833'E,00°00.549'S)水深 4 517 m 的深海沉积物样品,纯化后将该菌株将纯化后的菌株挑选单菌落进行液体培养,待菌液浑浊后用终浓度为 15% 的甘油进行保种,先放到-20℃冰箱过渡后,放到-80℃冰箱长期保存。

3.2 形态特征

3.2.1 菌落形态特征

菌株 406-6 在 2216 E 固体培养基中 30℃ 培养 48 h,菌落为乳白色,圆形,直径约 1~3 mm,菌落边缘较规则,表面湿润,易与培养基分离(图 1)。

3.2.2 细胞形态特征

菌株 406-6 细胞呈棒状或稍有弯曲的棒状(图

2),细胞宽约 0.7~0.9 μm,长约 1.3~3.5 μm;具有单根极生鞭毛,具有运动性。

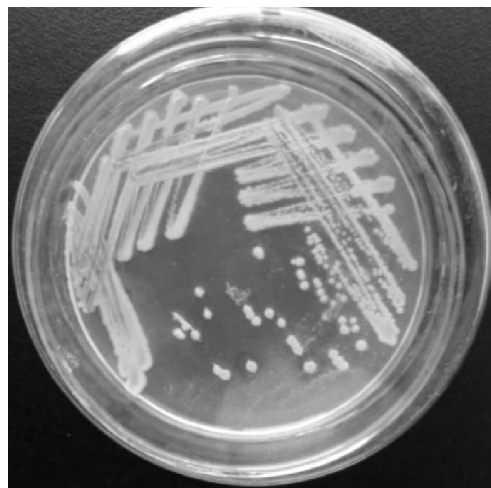


图 1 菌株 406-6 的菌落形态

Fig. 1 Colony morphology of strain 406-6

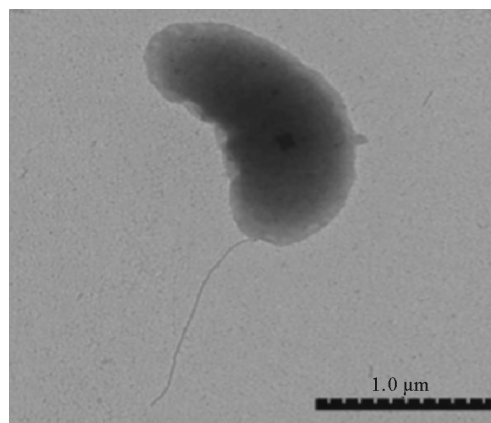
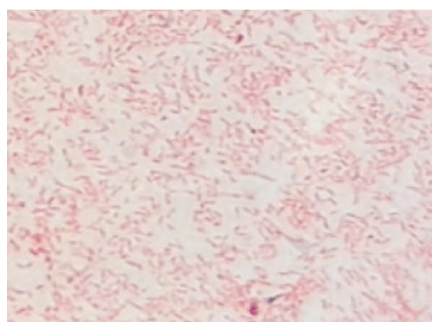


图 2 菌株 406-6 的细胞形态(透射电镜)

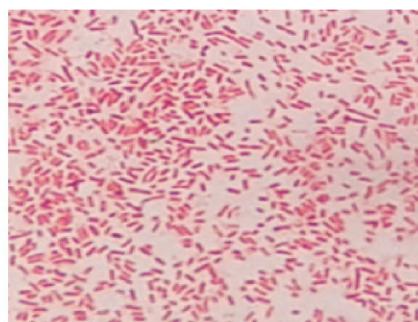
Fig. 2 Cellular morphology of strain 406-6 (transmission electron microscope)

3.2.3 革兰氏染色

菌株 406-6 经革兰氏染色后呈红色(图 3),表明菌株 406-6 为革兰氏阴性菌。



A 菌株406-6



B 大肠杆菌

图 3 革兰氏染色结果(A:菌株 406-6;B:大肠杆菌)

Fig. 3 The results of the Gram-staining (A: Strain 406-6; B: *Escherichia coli*)

3.3 生理生化特征

3.3.1 生长温度

菌株 406-6 生长的温度范围是 10—62℃,可在 25~48℃ 之间良好生长(图 4),62℃ 生长微弱,4℃ 无生长现象。由此表明菌株 406-6 为中温微生物。

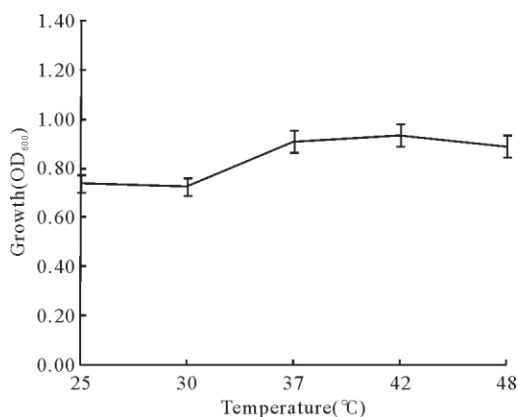


图 4 菌株 406-6 的温度生长曲线

Fig. 4 Growth curve of temperature of strain 406-6

3.3.2 pH 生长范围

菌株 406-6 生长的 pH 范围是 5.0~10(图 5),生长的最适 pH 范围是 6.0~8.0。

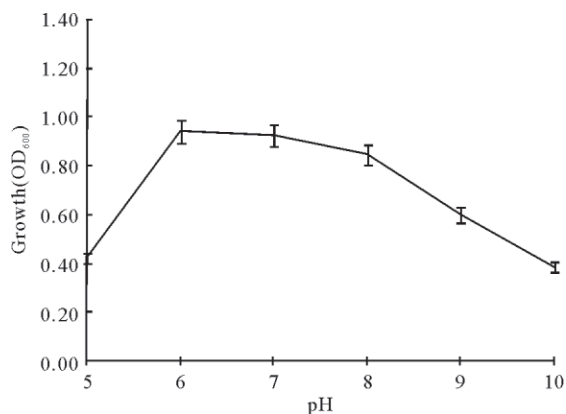


图 5 菌株 406-6 的 pH 生长曲线

Fig. 5 Growth curve of pH of strain 406-6

3.3.3 耐 NaCl 浓度生长范围

菌株 406-6 最适生长氯化钠浓度为 6%(图 6),在 0% 的 NaCl 浓度下无生长现象。

3.3.4 离子需求实验

菌株 406-6 在 TY 培养基中添加以下三种离子成分后均无生长现象:(1) 0% NaCl;(2) 0.5% MgCl₂;(3) 0.5% MgCl₂ 和 0.1% KCl。在 TY 培养基中添加了 2.75% NaCl 和 0.1% KCl 时,有少量生长,但菌浓较低;在 TY 培养基中添加以下三种

离子成分的情况下生长良好:(1) 5% NaCl;(2) 2.75% NaCl 和 0.5% MgCl₂;(3) 2.75% NaCl、0.5% MgCl₂ 和 0.05% CaCl₂;由此可见,菌株 406-6 生长需要 NaCl,不能在无 NaCl 的培养基中生长(表 1)。

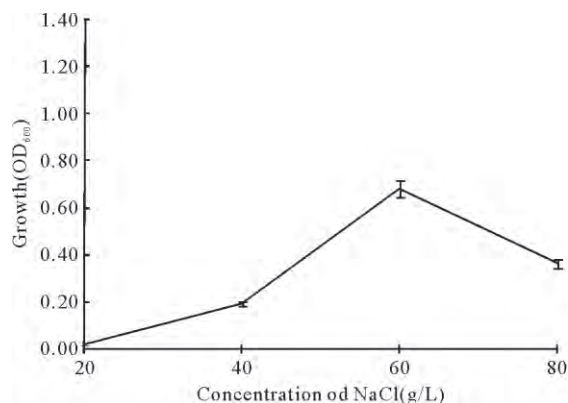


图 6 菌株 406-6 耐 NaCl 浓度生长曲线

Fig. 6 Growth curve of tolerance of NaCl of strain 406-6

表 1 菌株 406-6 离子需求实验结果

Table 1 Ionic requirements of strain 406-6

TY 培养基中添加的盐离子组分 Salt combinations supplemented in TY medium	生长状况 Growth status
0% NaCl	无生长现象
0.5% MgCl ₂	无生长现象
0.5% MgCl ₂ 和 0.1% KCl	无生长现象
2.75% NaCl 和 0.1% KCl	微弱生长
5% NaCl	生长
2.75% NaCl 和 0.5% MgCl ₂	生长
2.75% NaCl、0.5% MgCl ₂ 和 0.05% CaCl ₂	生长

3.3.5 底物分解实验

菌株 406-6 能水解酪素、明胶、脱脂奶粉、Tween 40 和 Tween 60,但是不能水解淀粉、Tween 20 和 Tween 80。

3.3.6 唯一碳源利用实验

在唯一碳源利用基础培养基中分别添加了各种碳源,菌株 406-6 只有在添加甘氨酸和阳性对照组中表现出生长现象,在分别添加 L-阿拉伯糖、D-木糖、D-葡萄糖、D-半乳糖、D-甘露糖、蔗糖、D-甘露醇、D-海藻糖和 D-纤维二糖的情况下均未见生长现象,表明菌株 406-6 可以利用小分子的甘氨酸作为唯一碳源,但不能利用 L-阿拉伯糖、D-木糖、D-葡萄糖、D-半乳糖、D-甘露糖、蔗糖、

D-甘露醇、D-海藻糖和 D-纤维二糖作为唯一碳源,这暗示了菌株 406-6 的碳源利用能力较低。

3.4 基因型特征

3.4.1 PCR 鉴定结果

菌株 406-6 的 16S rRNA 基因序列 PCR 扩增,琼脂糖凝胶电泳结果显示在 1500 bp 左右有特异性条带(图 7)。

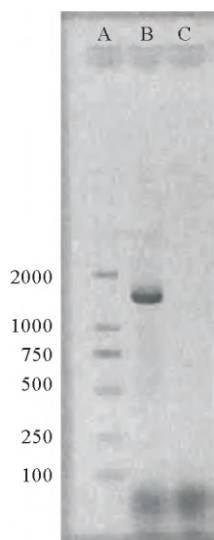


图 7 菌株 406-6 的 PCR 扩增结果

(A:Marker DL 2000;B:菌株 406-6;C:阴性对照)

Fig. 7 Results of PCR amplification of the strain 406-6

(A: Marker DL2000; B: Strain 406-6; C: Negative control)

3.4.2 16S rRNA 基因的序列分析及系统发育分析

菌株 406-6 的 16S rRNA 基因序列长为 1500 bp。通过 16S rRNA 基因序列比对分析,该菌株和 *Idiomarina* 属相似性最高,与 *Idiomarina* 属内 *Idiomarina fontislapidosi* F23^T 最高相似性仅为 98.03%。表 2 统计了菌株 406-6 与 *Idiomarina* 属内 16S rRNA 基因序列相似性大于 96% 的部分模式种。由此表明菌株 406-6 为 *Idiomarina* 属的细菌。

3.4.3 系统发育分析

基于菌株 406-6 的 16S rRNA 基因构建了 neighbor-joining 系统树(图 8),在进化树中,菌株 406-6 和 *Idiomarina* 属内的菌种都相聚成簇,分支点的数值表示 bootstrap(%) 的值(只有大于 50% 的才显示)。比例尺长度表示每个核苷酸位置有 0.01 个替换。由进化树的图形进一步证明了菌株 406-6 为 *Idiomarina* 属的细菌。

表 2 菌株 406-6 与 *Idiomarina* 属内部分模式种的 16S rRNA 基因相似性

Table 2 The 16S rRNA gene sequence similarities of strain 406-6 and some type species in the genus *Idiomarina*

序号 Rank	菌株名称 Name	菌株号 Strain	16S rRNA 基因相似性 16S rRNA gene sequence similarity/%
1	<i>Idiomarina fontislapidosi</i>	F23 ^T	98.03
2	<i>Idiomarina seosinensis</i>	CL-SP19 ^T	98.02
3	<i>Idiomarina piscisalsi</i>	TPS4-2 ^T	97.64
4	<i>Idiomarina baltica</i>	OS145 ^T	97.63
5	<i>Idiomarina zobellii</i>	KMM 231 ^T	97.13
6	<i>Idiomarina abyssalis</i>	KMM 227 ^T	96.66
7	<i>Idiomarina loihiensis</i>	L2TR ^T	96.10
8	<i>Idiomarina ramblicola</i>	R22 ^T	96.00

4 讨 论

菌株 406-6 的 16S rRNA 基因序列比对分析表明,该菌株与 *Idiomarina* 属的 *I. fontislapidosi* F23^T 相似性最高(98.0%),和其他属的相似性均低于 94.0%。基于 16S rRNA 基因构建的 neighbor-joining 系统树中,菌株 406-6 和 *Idiomarina* 属内的菌种相聚成簇,形成一个进化分支。

Idiomarinaceae 科是 2004 年由 Ivanova 根据海洋来源的类交替单胞菌的系统发育关系建立的^[10]。*Idiomarinaceae* 科属于变形菌门,γ-变形菌纲,交替单胞菌目。2009 年以前该科包含两个属,即 *Idiomarina*^[11] 和 *Pseudidiomarina*^[12]。后来,由于两属之间表型特点和化学分类特征的区别越来越小,Marco Taborda 把两个属合并为单一属 *Idiomarina*^[13]。目前,该属总共有 25 个种,均来自不同的海洋或盐环境,该属区别于近源其他属的两大特点是:异构/前异构支链脂肪酸含量高,碳水化合物利用能力弱^[10,12,14]。

Idiomarina 属模式种是 *I. abyssalis* KMM 227^[11],本属内菌株的主要特点为:革兰氏阴性,细胞呈杆状。绝大部分菌株具有单根极生鞭毛,具有运动性。菌落呈无色或轻微浅黄色。菌体生长需要 NaCl,生长的盐度范围是 0.5%~25%,生长的最适含盐量为 1%~10%。中温菌。生长的最适 pH 约

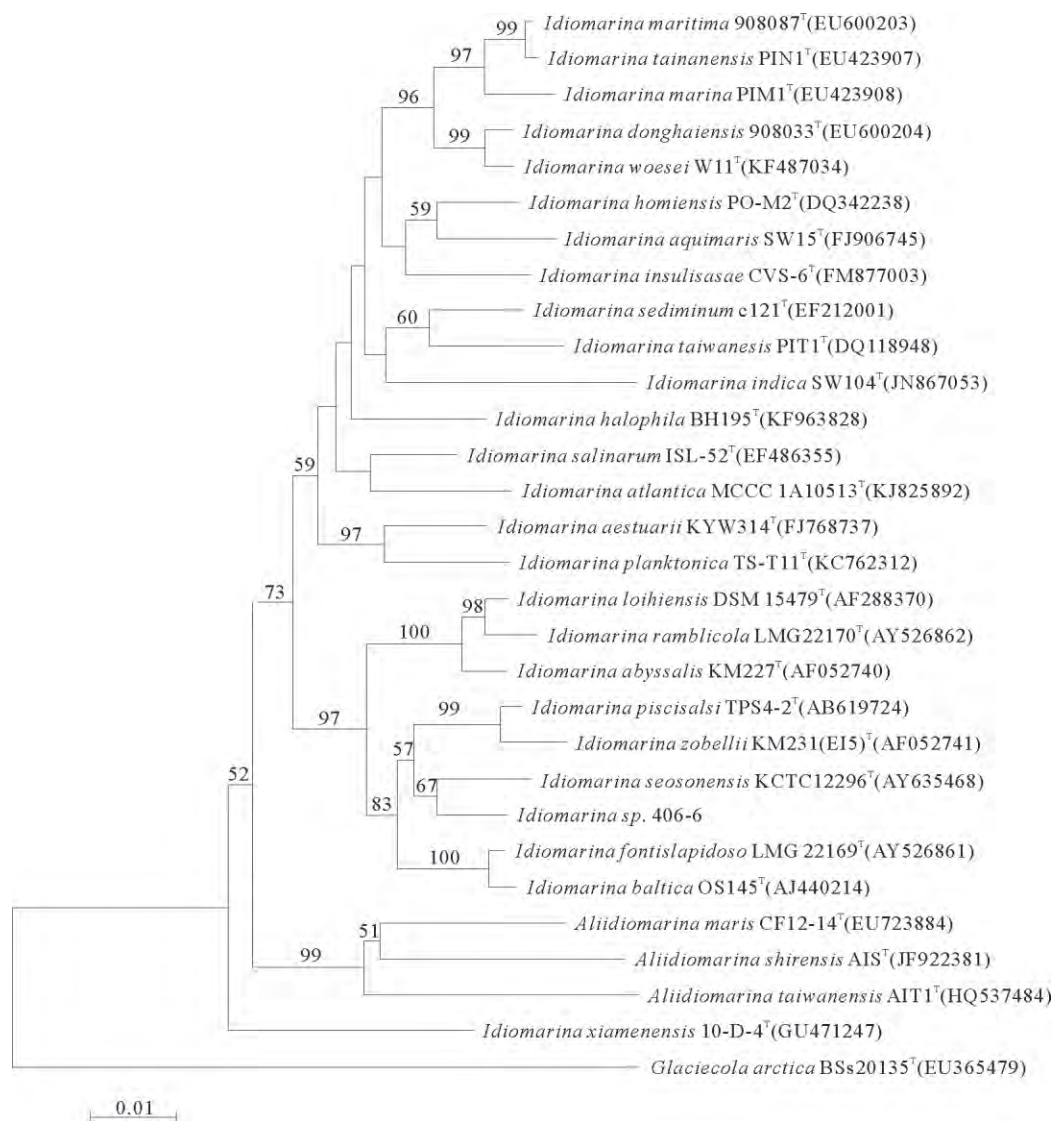


图 8 基于 16S rRNA 基因构建的菌株 406—6 和其他相关菌株的进化树

Fig. 8 Neighbour-joining phylogenetic tree based on 16S rRNA gene sequences of the strain 406—6 and representatives of some other related genera

为 7。严格好氧,有机营养。氧化酶和过氧化氢酶实验均为阳性。本属内的菌种来源于含盐环境。

菌株 406—6 和 *Idiomarina* 属内菌株具有很多共同的特征^[10,15-19],如:利用碳源底物的能力很弱,具有比较宽的生长温度范围,生长均需要钠离子,这些特征都支持菌株 406—6 隶属于 *Idiomarina* 属。菌株 406—6 也有一系列的特征不同于 *I. fontislapidosi* F23^T,比如菌株 406—6 能耐受 62 ℃,而 *I. fontislapidosi* F23^T 生长的最高温度仅为 45 ℃。菌株 406—6 不能水解 Tween 20 和 Tween 80,而 *I. fontislapidosi* F23^T 具有分解 Tween 20 和 Tween 80 的能力,这些特征都表明菌株 406—6 和 *I. fontislapidosi* F23^T 不同。因此菌株 406—6 可

能是 *Idiomarina* 属内不同于任何已知物种的潜在的新物种。并且,菌株 406—6 不能利用 L—阿拉伯糖、D—木糖、D—葡萄糖、D—半乳糖、D—甘露糖、蔗糖、D—甘露醇、D—海藻糖和 D—纤维二糖作为唯一碳源,表明菌株 406—6 的碳水化合物利用能力弱,但能分泌胞外酶,水解酪素、明胶和脱脂奶粉等,揭示菌株 406—6 在高氮污水处理中具有潜在的应用价值。总之,本研究丰富了 *Idiomarina* 属的物种多样性,为微生物资源的开发利用奠定基础。

致谢:感谢青岛农业大学莫旭华老师提供的印度洋深海沉积物样品。

参考文献:

- [1] Brunnegard J, Grandel S, Stahl H, et al. Nitrogen cycling in deep-sea sediments of the Porcupine Abyssal Plain[J]. NE Atlantic Prog Oceanogr, 2004, 63: 159-181
- [2] Smibert R M, Krieg N R. Phenotypic characterization. In: Methods for General and Molecular Bacteriology [M]. American Society for Microbiology, Washington DC, 1994
- [3] Zhang Xi Ying, Zhang Yan Jiao, Yu Yong, et al. *Neptunomonas antarctica* sp. nov isolated from marine sediment[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2010, 60 (8): 1958-1961
- [4] 赵家瑞. 黄海可培养细菌的多样性研究及新菌分类鉴定[D]. 青岛: 青岛农业大学, 2016: 9-36
- [5] 咸洪泉, 郭立忠, 李树文, 等. 微生物学实验教程[M]. 高等教育出版社, 北京, 2010
- [6] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6. 0[J]. Mol Biol Evol, 2013, 30: 2725-2729
- [7] Jukes T H, Cantor C R. Evolution of protein molecules//Munro H N. (eds) Mammalian Protein Metabolism[M]. Academic Press, New York, 1969
- [8] Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. Mol Biol Evol, 1987, 4: 406-425
- [9] Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap[J]. Evolution, 1985, 39: 783-791
- [10] Ivanova EP, Flavier S, Christen R. Phylogenetic relationships among marine *Alteromonas*-like proteobacteria: emended description of the family *Alteromonadaceae* and proposal of *Pseudoalteromonadaceae* fam. nov., *Colwelliaceae* fam. nov., *Shewanellaceae* fam. nov., *Moritellaceae* fam. nov., *Ferrimonadaceae* fam. nov., *Idiomarinaceae* fam. nov and *Psychromonadaceae* fam. nov. [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2004, 54: 1773-1788
- [11] Ivanova E P, Romanenko L A, Chun J, et al. *Idiomarina* gen. nov comprising novel indigenous deep-sea bacteria from the Pacific Ocean, including descriptions of two species, *Idiomarina abyssalis* sp. nov. and *Idiomarina zobellii* sp. nov.[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2000, 50: 901-907
- [12] Jean WD, Shieh WY, Chiu HH. *Pseudidiomarina taiwanensis* gen. nov., sp. nov., a marine bacterium isolated from shallow coastal water of An-Ping Harbour, Taiwan, and emended description of the family *Idiomarinaceae*[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2006, 56: 899-905
- [13] Euzéby JP. List of new names and new combinations previously effectively, but not validly, published[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2010, 60: 1-2
- [14] Taborda M, Antunes A, Tiago I, et al. Description of *Idiomarina insulisalae* sp. nov., isolated from the soil of a sea salt evaporation pond, proposal to transfer the species of the genus *Pseudidiomarina* to the genus *Idiomarina* and emended description of the genus *Idiomarina*[J]. Syst Appl Microbiol, 2009, 32: 371-378
- [15] Martínez-Cánovas M J, Béjar V, Martínez-Checa F et al. *Idiomarina fontislapidosi* sp. nov. and *Idiomarina ramblicola* sp. nov isolated from inland hypersaline habitats in Spain [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2004, 54: 1793-1797
- [16] Choi D H, Cho, B C. *Idiomarina seosinensis* sp. nov, isolated from hypersaline water of a solar saltern in Korea[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2005, 55: 379-383
- [17] Sitdhipol J, Visessanguan W, Benjakul S, et al. *Idiomarina piscisalsi* sp. nov from fermented fish (pla-ra) in Thailand. J Gen Appl Microbiol, 2013, 59: 385-391
- [18] Brettar I, Christen R., Hofle M G. *Idiomarina baltica* sp. nov a marine bacterium with a high optimum growth temperature isolated from surface water of the central Baltic Sea[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2003, 53: 407-413
- [19] Donachie S P, Hou S, Gregory T S, et al. *Idiomarina loihiensis* sp. nov a halophilic γ -*Proteobacterium* from the Loihi submarine volcano, Hawaii [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2003, 53: 1873-1879