

doi:10.3799/dqkx.2010.025

东海内陆架泥质区沉积物古菌群落垂向分布特征

张林宝^{1,2}, 李铁刚^{1*}, 党宏月³, 萨仁高娃¹, 张伟^{1,2}

1. 中国科学院海洋研究所海洋地质与环境重点实验室, 山东青岛 266071

2. 中国科学院研究生院, 北京 100049

3. 中国石油大学(华东)生物工程与技术中心, 山东青岛 266555

摘要: 为研究东海内陆架闽浙沿岸泥质区不同深度沉积物中古菌群落垂向分布特征, 利用古菌 16S rDNA 基因文库得到 473 个有效克隆、50 个 OTUs (Operational Taxonomic Units)。16S rDNA 序列系统进化和统计分析发现古菌分别归属于泉古生菌 (Crenarchaeota) 和广古生菌 (Euryarchaeota), 其中以 Miscellaneous Crenarchaeotic Group (MCG) 为主, 仅含少量的 Marine Benthic Group B (MBG-B)、South African Gold Mine Euryarchaeotic Group (SAGMEG)、Anaerobic Methanotrophs 3 (ANME-3)、Marine Crenarchaeotic Group I (MG-I) 和 Marine Benthic Group D (MBG-D)。该泥质区沉积物可能存在由 ANME-3 催化的甲烷厌氧氧化作用, 同源序列分析表明其古菌群落分布与周边环境有较大联系。UniFrac 与沉积物环境因子分析表明该泥质区古菌群落垂向分布与沉积物有机质含量和粒度变化密切相关。

关键词: 内陆架; 东海; 泥质区; 古菌; 垂向分布; 生物多样性。

中图分类号: P736; Q89

文章编号: 1000-2383(2010)02-0254-07

收稿日期: 2008-12-23

Vertical Distribution of Archaea in Mud Wedge Sediments Located at Inner Continental Shelf of the East China Sea

ZHANG Lin-bao^{1,2}, LI Tie-gang^{1*}, DANG Hong-yue³, SAREN Gao-wa¹, ZHANG Wei^{1,2}

1. Key Laboratory of Marine Geology and Environment, Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China

2. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3. Center for Bioengineering and Biotechnology, China University of Petroleum (East China), Qingdao 266555, China

Abstract: Archaeal 16S rDNA clone libraries were constructed from sediments of different depths to elucidate the distribution and diversity of archaea in the Fujian and Zhejiang coastal mud wedge of the inner continental shelf of the East China Sea. We obtained 473 useable clones and 50 different OTUs (Operational Taxonomic Units). Phylogenetic and statistic analysis of clone libraries show that: archaeal 16S rDNA sequences are within phylums of Crenarchaeota and Euryarchaeota, respectively. The majority of archaeal phylotypes are Miscellaneous Crenarchaeotic Group (MCG), whereas few sequences fall into Marine Benthic Group B (MBG-B), South African Gold Mine Euryarchaeotic Group (SAGMEG), Anaerobic Methanotrophs 3 (ANME-3), Marine Crenarchaeotic Group I (MG-I) and Marine Benthic Group D (MBG-D). There might be anaerobic oxidation of methane carried out by group ANME-3 in the mud wedge. Homologous sequence analyses show that the distribution of archaea in the mud wedge is related to the surrounding environment. UniFrac analysis and sediment environmental parameters indicate that the vertical distribution of archaea closely coincides with the variation of sediment total organic carbon content and grain size.

Key words: inner continental shelf; the East China Sea; mud wedge; archaeal; vertical distribution; biodiversity.

古菌不仅能在极端条件下生存, 而且在大洋、浅海、近岸等普通海洋环境中都有大量分布, 古菌介导的有机碳的降解转化、甲烷的生成氧化、氨氧化等对

海洋乃至全球碳、氮生物地球化学循环都有巨大影响 (Valentine and Reeburgh, 2000; Dang *et al.*, 2008)。另外, 古菌群落对其所在的环境具有指示作

用,如甲烷氧化古菌可作为海底天然气勘探的指示菌(Mogilewskii, 1938).目前,只有极少数量的非典型古菌能在实验室条件下纯化培养(Delong, 1992),因此利用分离培养等传统微生物鉴定、分类方法来分析海底生物圈的古菌数量和种类存在极大偏差,而通过古菌 16S rDNA 序列系统发育分析则可以最大可能性地揭示自然环境状态下的古菌类别和组成(李涛等,2008).

目前国内对古菌的研究主要集中在特殊极端环境和一些能培养的种,而忽视了古菌分布的广泛性.自然海区古菌的研究不够广泛,对其重要的生态学意义也涉及不多.本文利用古菌 16S rDNA 克隆文库对位于东海内陆架闽浙沿岸泥质区深层沉积物中古菌多样性作了系统发育分析,研究该海域深层沉积物中古菌群落的垂向分布特征及其与周边环境的联系.

1 材料与方 法

1.1 实验材料

采用的实验材料来自东海内陆架闽浙沿岸泥质区 MD06-3040 岩心(27°43.37'N, 121°46.88'E),水深 47 m(图 1).该岩心是由法国极地研究所 Marion Dufresne 号科学考察船于 2006 年 6 月 12 日借助中法合作航次 Marco Polo 2,利用国际上独一无二的 Calypso 重力活塞取心器采集.工作人员在船上立即对沉积物进行分样并冷冻于 -20 °C,回到实验室后保存于 -80 °C.

1.2 实验方法

本研究选取岩心 10.5 m、12 m、15 m、18 m、19.4 m 处的沉积物进行分析(柱头 0~10 m 沉积物扰动较大),宏基因组 DNA 提取参照 Dang *et al.* (2008).由上海生工生物工程技术服务有限公司合成了两条扩增古菌 16S rDNA 部分片段的通用引物:Arch21F 和 Arch958R(Delong, 1992).PCR 反应体系(终体积 25 μ L)为 100 μ M dNTP、1.5 μ M MgCl₂、1 \times Taq buffer、0.5 μ M 引物、2~5 μ L 宏基因组 DNA 作为 PCR 模板、32 ng \cdot μ L⁻¹ BSA(Sigma)、1.5 U Taq DNA 聚合酶(MBI, USA).PCR 程序参照 Delong (1992).目的片段纯化、克隆、RFLP 分析和测序参照 Dang *et al.* (2008).克隆文库根据沉积物从上至下的顺序分别命名为 ECS1-5.沉积物总有机碳含量由青岛海洋地质研究所测得.

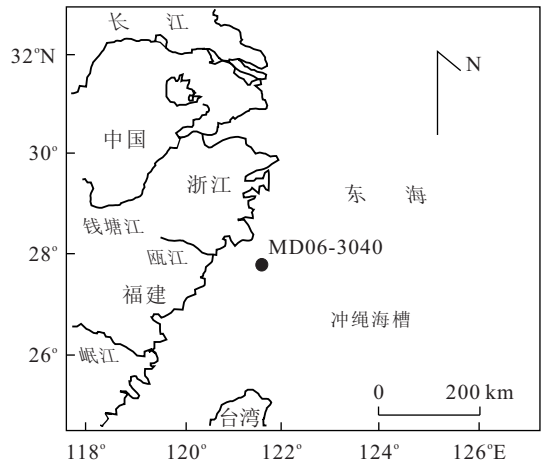


图 1 东海内陆架泥质区 MD06-3040 孔采样站位

Fig. 1 Sample site of core MD06-3040 retrieved from the mud wedge in the inner continental shelf of the East China Sea

样品粒度由中国科学院海洋研究所海洋地质与环境重点实验室 Cilas 940L 型激光粒度分析仪(France)测得(肖尚斌等,2005).

1.3 系统进化和统计学分析

测序得到序列用 Dotur 软件根据序列相似性大于或等于 97% 归类到同一 OTU 中(Schloss and Handelsman, 2005).系统进化和统计学分析都是基于序列 97% 相似度水平之上.

1.3.1 系统进化分析 所有古菌 16S rDNA 序列提交到在线杂合子检测程序,检测其是否为杂合子序列(<http://rdp8.cme.msu.edu/cgis/chimera.cgi?su=ssu>) (Maidak *et al.*, 2001).非杂合子序列在 NCBI GenBank 数据库中应用 BLASTN 程序(www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/)进行比对,搜索最相似序列(Altschul *et al.*, 1997).然后用 PHYLIP 软件包(Version 3.65c)中的 DNADIST 和 NEIGHBOR 程序构建系统进化树(Felsenstein, 1989).

1.3.2 统计学分析 基因文库的多样性覆盖率百分率通过公式 $[1 - (n/N)] \times 100$ 计算,其中 n 指每个 16S rDNA 文库中只包含一个克隆的 OTU 数, N 指每个基因文库的克隆总数(Mullins *et al.*, 1995).香农-威纳(Shannon-Wiener) (H')、辛普森(Simpson) (D)和均匀度(J')等多样性指数计算方法参照 Hill *et al.* (2003)(表 1).克隆文库稀释曲线由 aRarefactWin 软件(<http://www.uga.edu/strata/software/index.htm>)生成(图 2).不同群落的聚

表 1 古菌 16S rDNA 克隆文库分析

Table 1 Analysis of the archaeal 16S rDNA clone libraries

文库	总克隆数	RFLP 带型数	OTUs 数	覆盖率* (%)	香农-威纳指数(H')	辛普森指数(D)	均匀度指数(J')
ECS1	101	33	18	92.1	3.4	8.1	0.8
ECS2	98	32	19	91.9	3.4	8.6	0.8
ECS3	98	32	17	90.8	2.9	5.1	0.7
ECS4	94	29	18	94.7	3.4	7.9	0.8
ECS5	87	38	26	86.3	3.9	10.3	0.8

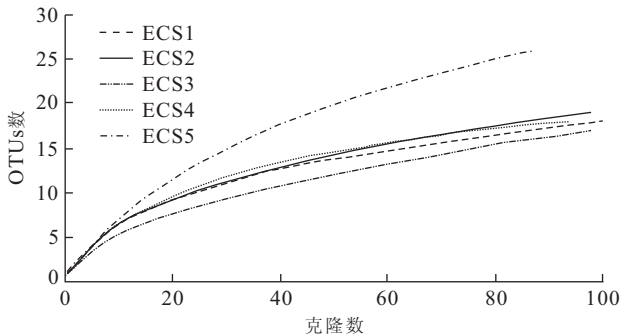


图 2 古菌 16S rDNA 克隆文库稀释曲线

Fig. 2 Rarefaction curves of archaeal 16S rDNA clones

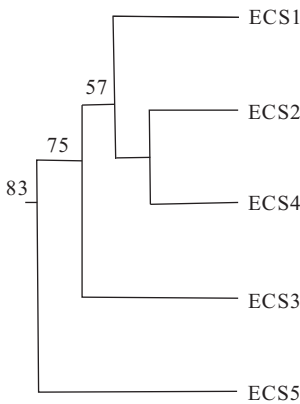


图 3 古菌 16S rDNA Jackknife Cluster 分析

Fig. 3 Analysis of archaeal 16S rDNA Jackknife Cluster

类分析用 UniFrac 中的 Jackknife Cluster 方法生成 (Lozupone *et al.*, 2006) (图 3)。

1.4 16S rDNA 序列注册登录号

本研究所测 109 个 16S rDNA 序列已提交到 GenBank, 注册号为: FJ200074-FJ200182。

2 结果

2.1 古菌 16S rDNA 文库分析

从 MD06-3040 站位 10.5~19.4 m 深度的沉积物中构建 5 个古菌 16S rDNA 文库, 筛选 478 个克

隆得到 109 个 RFLP 带型并测序 (除去杂合子)。序列经归类后得到 50 个 OTUs, 每个文库与其他文库 OTU 重叠率在 47.1%~83.3% 之间。5 个文库的样品统计覆盖率都较高 (表 1), 稀释曲线在克隆数达到 100 以后也趋于平缓 (图 2), 因此本研究构建的古菌 16S rDNA 文库基本上能反映真实环境中古菌群落结构。文库 ECS5 统计覆盖率 (86.3%) 最低, 辛普森、香农-威纳、均匀度等多样性指数比其他文库都高 (表 1), 说明 MD06-3040 站位最底层沉积物与其上层沉积物相比具有更高的古菌多样性。文库 ECS3 具有较高的统计覆盖率 (90.8%) 和最低的辛普森指数、香农-威纳指数、均匀度 (表 1), 表明 MD06-3040 站位 15 m 处沉积物古菌多样性最低。Jackknife Cluster 分析结果表明 10.5 m、12 m、18 m 三个层位最为相似聚在一起, 15 m 与上述较相似, 而 19.4 m 与其他层位相似度最低 (图 3)。

2.2 古菌 16S rDNA 序列分析

所有古菌 16S rDNA 序列均来自两个大类 (图 4): 泉古生菌 (Crenarchaeota) 和 广古生菌 (Euryarchaeota), 其中 91.8% 为 泉古生菌 (表 2)。泉古生菌又分为 3 个类群, 主要为 Miscellaneous Crenarchaeotic Group (MCG) (83.9%), 仅少量 Marine Benthic Group B (MBG-B) (6.7%) 和 Marine Crenarchaeotic Group I (MG-I) (1.3%) (表 2); 广古生菌 (8.2%) 亦有 3 个类群, 分别是 South African Gold Mine Euryarchaeotic Group (SAGMEG) (5.9%)、Anaerobic Methanotrophs 3 (ANME-3) (1.9%) 和 Marine Benthic Group D (MBG-D) (0.4%) (表 2)。

在 5 个不同层位样品所构建的文库中共有 35 个 OTUs (代表 401 个克隆) 属于 MCG。无论是从数量还是多样性上看, MCG 均广泛分布于 MD06-3040 站位深层沉积物的各个层位 (克隆丰度介于 79.6%~87.4% 之间)。这个类群中 70% 以上的克隆其同源序列来自维多利亚港及其西边坪洲近岸海底沉积物 (94.4%~99.6% 相似性) (图 4), 如最典型的 OTU ECS1-5 (代表 91 个克隆) 与分离自维多利亚港近岸的古菌 16S rDNA 序列 EF203529 具有 98.2% 的序列相似性。另外有 15% 左右的克隆其同源序列来自河口沉积物 (图 4)。还有一部分克隆其同源序列来自海洋地壳和深海含水合物的沉积物, 如鄂霍次克海冷泉区、秘鲁边缘深海、日本海沟、墨西哥湾等 (图 4)。

MBG-B 也称 Deep-Sea Archaeal Group (DSAG), 在本研究中除最底层的沉积物中没有检

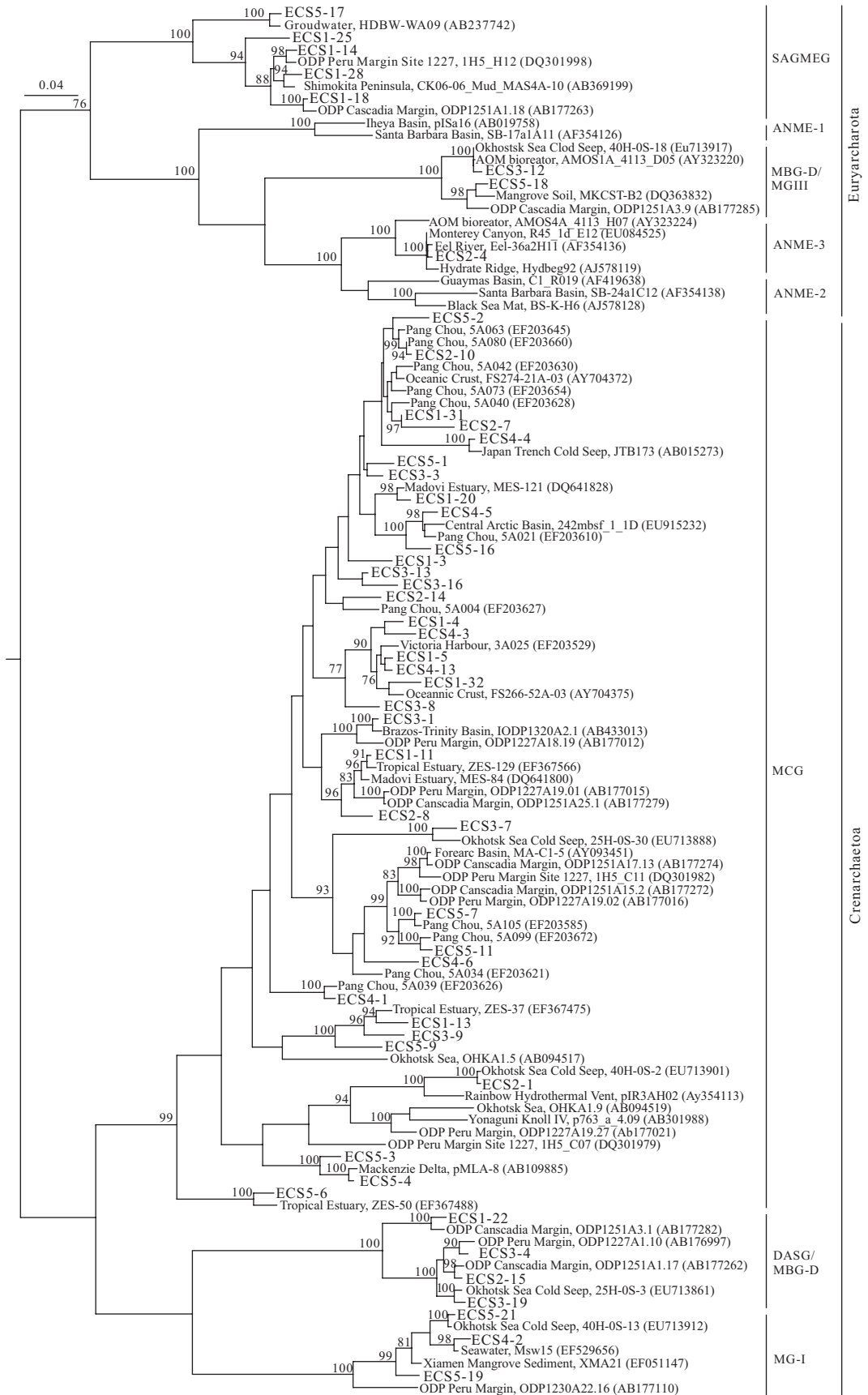


图 4 东海内陆架泥质区古菌 16S rDNA 序列系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree of archaeal 16S rDNA sequences recovered from the East China Sea mud wedge 置信度值大于 70%的标在相应分支的节点上(经过 100 次计算)

表 2 古菌 16S rDNA 文库克隆系统发育归属关系

Table 2 Phylogenetic affiliations of archaeal 16S rDNA clone libraries

系统发育类群	克隆数				
	ECS1	ECS2	ECS3	ECS4	ECS5
Euryarchaeota					
SAGMEG	13	4	3	5	3
MBG-D	ND*	ND	1	ND	1
ANME-3	ND	2	4	ND	3
Crenarchaeota					
MCG	82	84	78	81	76
MG-I	ND	1	ND	1	4
MBG-B	6	7	12	7	ND
总计	101	98	98	94	87

注:ND*,未探测。

测到 MBG-B 外,其他各层位都有分布(6~12 个克隆)(表 2)。SAGMEG 在 MD06-3040 站位深层沉积物的 5 个层位中均有分布,10.5 m 层位的数量最多(表 2)。这两个类群同源序列(94.9%~98.7%相似性)都来自甲烷丰富或含甲烷水合物的沉积物,包括卡斯卡底古陆边缘、鄂霍次克海、秘鲁边缘深海(图 4)。MG-I 是海水中古菌的主要类群(Karner *et al.*, 2001),仅在最底层、12 m 及 18 m 的沉积物中发现极少数的 MG-I。478 个克隆中仅检测到 2 个克隆属于 MBG-D(表 2)。另外,MD06-3040 站位深层沉积物 12 m、15 m、19.4 m 三个层位各检测到了 2~4 个克隆属于 ANME-3(表 2),其同源序列均分离自蒙特里海底峡谷深海沉积物(序列相似性大于 99%)(Goffredi *et al.*, 2008)。

3 讨论

东海内陆架泥质区不同深度沉积物中古菌序列主要来自泉古生菌,并以 MCG 为主。有报道指出海洋中古菌主要为泉古菌门,仅有小部分广古菌门种类(Karner *et al.*, 2001)。本研究结果再次证实了这种观点。MCG 广泛存在于多种陆地和海洋环境,是秘鲁边缘 1227 和 1229 站位、地中海腐殖质、鄂霍次克海近岸火山灰沉积物以及 Nankai 海槽等环境中古菌的优势菌群(Sørensen and Teske, 2006)。MBG-B 是冷泉环境中古菌群落的优势类群,而在无水合物的沉积物中却较少发现,推测它们要么直接参与甲烷厌氧氧化作用,要么吸收甲烷厌氧氧化过程中的特定过渡态碳(Knittel *et al.*, 2005; Biddle *et al.*, 2006)。研究者认为秘鲁边缘 1227 站位甲烷

—硫酸盐转换带中活跃的 MBG-B 和 MCG 直接或间接得益于甲烷厌氧氧化作用(Biddle *et al.*, 2006)。ANME-3 在很多环境中都有发现(Knittel *et al.*, 2005),并与硫酸盐还原细菌 *Desulfobulbus* (DBB) 共生,共同催化甲烷厌氧氧化作用(Lösekan *et al.*, 2007)。由上可推断,在该泥质区的深层沉积物中可能存在由 ANME-3 催化的甲烷厌氧氧化作用,大量存在的 MCG 和一定数量的 MBG-B 可能促进或参与这一生物地球化学过程。

序列进行网上比对后,发现其同源序列基本上来源于 3 个环境,即维多利亚港及其临近海区、河口及冷泉环境(图 4)。维多利亚港位于香港岛和九龙之间(22°~23°N, 113°~115°E)的近岸海区,在地理位置上较接近于本次研究站位(图 1)。来自东海内陆架泥质区的大部分古菌与维多利亚港及其附近海区的古菌具有很高的 16S rDNA 序列同源性,因此这两个海区沉积物中影响微生物分布的环境因子可能较相似。东海内陆架泥质区自长江口开始,向南沿闽浙近岸一直延伸至台湾海峡北部,其大部分沉积物来源于长江以及附近的一些较小河流(Liu *et al.*, 2007)。因此推测在沉积物的迁移沉积过程中,一些河口的古菌也随之迁移沉积,并逐渐适应新迁移的环境。本研究检测到部分 MCG,全部的 MBG-B 和 SAGMEG 其同源序列均来自冷泉或富含水合物的沉积物,另外结合检测到的甲烷厌氧氧化古菌 ANME-3,从天然气水合物区微生物群落特征方面,可推测东海内陆架闽浙沿岸泥质区或临近海区可能蕴藏有天然气水合物,这在一定程度上与栾锡武等(2008)认为东海陆坡及临近海槽天然气水合物前景广阔的观点相符合。

UniFrac 分析结果显示 MD06-3040 站位 10.5 m、12 m、18 m 沉积物的古菌 16S rDNA 序列最为相似聚在一起,15 m 与上述较相似,而 19.4 m 沉积物与其他层位沉积物的序列相似度最低(图 3)。另外根据多样性指数及稀释曲线可知最底层沉积物中古菌的多样性最高。与之相应,该站位最底层沉积物的有机碳含量和粒度突然减小,砂的含量由零增加到近 50%(表 3)。沉积物有机碳含量和可降解度是影响微生物在沉积物中垂直分布特征的最主要因素,一般在营养物质贫乏的沉积物中微生物量小而多样性相对要高一些(Parkes *et al.*, 2000)。含氧量的高低被认为是影响沉积物微生物分布的另一个重要因素(Diaz and Trefry, 2006),而含氧量很大程度上受沉积物粒度对氧扩散的限制影响(Glud *et al.*,

表 3 东海内陆架泥质区沉积物环境因子

Table 3 Environmental parameters of mud wedge sediments in the inner continental shelf of the East China Sea

深度 (m)	总有机碳 TOC(%)	中值 粒径	平均 粒径	砂 (%)	粉砂 (%)	粘土 (%)
10.5	0.56	7.2	7.4	0	64.7	35.3
12	0.58	7.5	7.7	0	59.8	40.2
15	0.59	7.4	7.6	0	59.8	40.2
18	0.57	6.8	7.2	0	67.7	32.3
19.4	0.34	4.3	4.9	47.7	37.4	14.9

1996; Diaz and Trefry, 2006). 根据沉积物有机碳含量和粒度变化特点研究古菌群落在最底层的垂向变化,推测这可能与沉积物中有机质和氧含量有关。

4 结论

东海内陆架闽浙沿岸泥质区沉积物古菌序列主要为泉古生菌并以 MCG 为主,发现少量甲烷厌氧氧化古菌(ANME-3)和可能参与甲烷厌氧氧化作用的 MBG-B、MCG。同源序列大部分来自维多利亚港及其临近海域,少量序列与河口、冷泉环境古菌序列具有很高同源性。另外,古菌群落垂向分布结构总体没有显著差异,最底层沉积物有机质含量和粒度变化可能是古菌群落在最底层发生垂向变化的原因。这些研究结果不仅揭示了东海内陆架闽浙沿岸泥质区古菌垂向分布特征及与环境因子的联系,又为今后大范围自然海区古菌生态学研究提供了科学依据。

致谢:分析样品来自 IMAGES XIV, MD-155—马可波罗 2 航次,感谢本航次所有工作人员!

References

Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., et al., 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res*, 25(17):3389—3402.

Biddle, J. F., Lipp, J. S., Lever, M. A., et al., 2006. Heterotrophic archaea dominate sedimentary subsurface ecosystems off Peru. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 103(10):3846—3851.

Dang, H. Y., Zhang, X. X., Sun, J., et al., 2008. Diversity and spatial distribution of sediment ammonia-oxidizing crenarchaeota in response to estuarine and environmental gradients in the Changjiang Estuary and East China Sea. *Microbiology*, 154:2084—2095.

Delong, E. F., 1992. Archaea in coastal marine environments. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89(12):5685—5689.

Diaz, R. J., Trefry, J. H., 2006. Comparison of sediment profile image data with profiles of oxygen and Eh from sediment cores. *Journal of Marine Systems*, 62(3—4):164—172.

Felsenstein, J., 1989. PHYLIP—phylogeny inference package (Version 3.2). *Cladistics*, 5:164—166.

Glud, R., Ramsing, N. B., Gundersen, J. K., et al., 1996. Planar optodes: a new tool for fine scale measurements of two-dimensional O₂ distribution in benthic communities. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 140:217—226.

Goffredi, S. K. K., Wilpiseski, R., Lee, R., et al., 2008. Temporal evolution of methane cycling and phylogenetic diversity of archaea in sediments from a deep-sea whale-fall in Monterey Canyon, California. *ISME Journal*, 2(2):204—220.

Hill, T. C. J., Walsh, K. A., Harris, J. A., et al., 2003. Using ecological diversity measures with bacterial communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 43(1):1—11.

Karner, M. B., Delong, E. F., Karl, D. M., 2001. Archaeal dominance in the mesopelagic zone of the Pacific Ocean. *Nature*, 409:507—510.

Knittel, K., Lösekann, T., Boetius, A., et al., 2005. Diversity and distribution of methanotrophic archaea at cold seeps. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71(1):467—479.

Li, T., Wang, P., Wang, P. X., 2008. Bacterial and archaeal diversity in surface sediment from the south slope of the South China Sea. *Acta Microbiologica Sinica*, 48(3):323—329 (in Chinese with English abstract).

Liu, J. P., Xu, K. H., Li, A. C., et al., 2007. Flux and fate of Yangtze River sediment delivered to the East China Sea. *Geomorphology*, 85(3—4):208—224.

Lösekann, T., Knittel, K., Nadalig, T., et al., 2007. Diversity and abundance of aerobic and anaerobic methane oxidizers at the Haakon Mosby mud volcano, Barents Sea. *Appl. Environ. Microbiol.*, 73(10):3348—3362.

Lozupone, C., Hamady, M., Knight, R., 2006. UniFrac—an online tool for comparing microbial community diversity in a phylogenetic context. *BMC Bioinformatics*, 7:371—385.

Luan, X. W., Lu, Y. T., Zhao, K. B., et al., 2008. Geological factors for the development and newly advances in exploration of gas hydrate in East China Sea slope and Okinawa Trough. *Geoscience*, 22(3):342—355 (in Chinese with English abstract).

Maidak, B. L., Cole, J. R., Lilburn, T. G., et al., 2001. The

- RDP-II (Ribosomal Database Project). *Nucleic Acids Res.*, 29(1):173-174.
- Mogilewskii, G. A., 1938. Microbiological investigations in connecting with gas surveying. *Razvedka Nedr.*, 8: 59-68.
- Mullins, T. D., Britschgi, T. B., Krest, R. L., et al., 1995. Genetic comparisons reveal the same unknown bacterial lineages in Atlantic and Pacific bacterioplankton communities. *Limnol. Oceanogr.*, 40(1):148-158.
- Parkes, R. J., Cragg, B. A., Wellsbury, P., 2000. Recent studies on bacterial populations and processes in sub-seafloor sediments: a review. *Hydrogeology Journal*, 8(1):11-28.
- Schloss, P. D., Handelsman, J., 2005. Introducing DOTUR, a computer program for defining operational taxonomic units and estimating species richness. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71(3):1501-1506.
- Sørensen, K. B., Teske, A., 2006. Stratified communities of active archaea in deep marine subsurface sediments. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72(7):4596-4603.
- Valentine, D. L., Reeburgh, W. S., 2000. New perspectives on anaerobic methane oxidation. *Environ. Microbiol.*, 2(5):477-484.
- Xiao, S. B., Li, A. C., Chen, M. H., et al., 2005. Recent 8 ka mud records of the East Asian winter monsoon from the inner shelf of the East China Sea. *Earth Science—Journal of China University of Geosciences*, 30(5):573-581 (in Chinese with English abstract).

附中文参考文献

- 李涛, 王鹏, 汪品先, 2008. 南海南部陆坡表层沉积物细菌和古菌多样性. *微生物学报*, 48(3):323-329.
- 栾锡武, 鲁银涛, 赵克斌, 等, 2008. 东海陆坡及邻近槽底天然气水合物成藏条件分析及前景. *现代地质*, 22(3):342-355.
- 肖尚斌, 李安春, 陈木宏, 等, 2005. 近 8 ka 东亚冬季风变化的东海内陆架泥质沉积记录. *地球科学——中国地质大学学报*, 30(5):573-581.