

海洋交替单胞菌 YTW-10 的鉴定及抑菌活性分析

王磊, 宿红艳, 杨润亚, 王晓杰, 林文杰

(鲁东大学 生命科学学院, 山东 烟台 264025)

摘要: 菌株 YTW-10 分离自山东烟台海域近海盐场泥样中。该菌能在 NaCl 浓度为 1%~15% 的培养基中生长, 最适生长 NaCl 浓度为 7%, 最适生长温度为 37 °C, 最适 pH 值为 8。经过形态学观察、生理生化特性分析及基于 16S rDNA 的系统进化分析, 该菌株鉴定为交替单胞菌属。以 3 株水产生物致病细菌和 3 株农作物致病真菌作为指示菌, 检测其抑菌活性。实验结果表明, YTW-10 对小麦赤霉病菌、西瓜枯萎病菌和玉米弯胞病菌有明显的抑制效果。

关键词: 交替单胞菌; 抑菌活性; 鉴定

中图分类号: Q939

文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2011)07-0014-06

海洋占地球表面积的 71%, 在辽阔的海洋中蕴藏着丰富的微生物资源。海洋微生物生活在海洋高盐、高压、低温、低营养或无光照等特殊环境之中, 这就使海洋微生物能产生陆栖微生物所不能产生的结构新颖、作用独特的生物活性物质。因此, 海洋微生物成为新药筛选的重要资源, 具有广阔的发展前景, 从海洋微生物中寻找生物活性物质已成为国内外研究的热点^[1-2]。海洋细菌是海洋微生物活性物质的一个重要来源, 目前发现的具有潜在开发前景的主要包括芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、交替单胞菌属 (*Alteromonas*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、假交替单胞菌属 (*Pseudoalteromonas*)、微球菌属 (*Micrococcus*)、肠杆菌属 (*Enterobacterium*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、着色菌属 (*Chromatium*) 和钦氏菌属 (*Chainia*)^[3]。研究表明, 这些海洋微生物可产生抗生素等抗菌活性物质, 对细菌、真菌、病毒等的生长有着明显的拮抗作用^[4-6]。

目前, 病原真菌感染是植物病害的重要原因之一。不少由真菌引起的植物病害用传统的化学农药等方法尚不能有效地根治, 同时化学农药的大量使用容易带来环境污染、土壤酸碱化及肥力下降等弊端。近年来人们利用对病原菌具有拮抗活性的微生物或者微生物的代谢物作为生物农药进行生物防治成为一种既有效又环保的新途径^[7-8]。因此, 高盐环境中的嗜盐菌作为一类新型的、极具应用前景的微生物资源, 对其研究既具有理论意义, 又有应用价值^[9]。

作者从山东烟台近海盐场盐池底泥中分离到一株具有抑菌活性的嗜盐菌, 通过对该菌的形态特征、

培养特征、生理生化特性以及系统进化分析的研究, 表明其属于交替单胞菌。本实验为丰富生物防治资源以及工业化生产抗真菌活性物质提供了科学依据, 具有潜在药物开发利用的价值。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 菌株

实验菌株 YTW-10 分离于山东烟台近海盐场盐池底泥经抗菌活性的初筛对病原微生物具有明显的抑制作用, 本实验室保存。

1.1.2 培养基

LB 培养基: 蛋白胨 10 g, 酵母提取物 5 g, NaCl 10 g, 蒸馏水定容至 1 000 mL, 调节 pH 至 6.8~7.0。固体培养基则需加入琼脂 15~20 g。

PDA 培养基: 马铃薯 200 g 切成条, 煮成黏液状, 过滤取汁, 葡萄糖 20 g, 蛋白胨 5 g, KH₂PO₄ 1.0 g, 蒸馏水定容至 1 000 mL, 琼脂 25 g。

2216 培养基: 酵母膏 1 g, 蛋白胨 5 g, 磷酸高铁 0.1 g, NaCl 30 g, 蒸馏水定容至 1 000 mL, pH 为 7.2~7.4, 琼脂 20~25 g。

1.2 方法

1.2.1 菌落形态观察

将经分离纯化的菌株 YTW-10 接种于 LB 固体培

收稿日期: 2010-02-11; 修回日期: 2010-05-02

基金项目: 山东省高等学校科技计划项目(J09LC01); 山东省优秀中青年科学家科研奖励基金(BS2010SW035)

作者简介: 王磊(1975-), 男, 山东泰安人, 副教授, 博士, 研究方向为海洋生物技术, E-mail: wanglei9909@163.com

培养基平板上, 28℃培养 5 d, 观察其菌落大小、颜色、形态等特征。

1.2.2 生长条件的测定

最适盐度实验: 供试菌株单菌落过夜震荡培养, 按照 1%接种量分别接种于 NaCl 浓度为 1%、3%、5%、7%、10%、13%、15%的 LB 液体培养基中, 28℃、150 r/min 震荡培养 12 h, 测定培养液光密度值 (A_{578})。重复 3 次实验, 取其平均值。

最适生长温度实验: 将供试菌株单菌落过夜震荡培养, 按照 1%接种量接种于含 3% NaCl 的 LB 液体培养基中, 分别置于 4、20、30、37、45、55℃中 150 r/min 震荡培养 36 h, 测定培养液光密度值 (A_{578})。重复 3 次实验, 取其平均值。

pH 值对生长影响的测定: 供试菌株单菌落过夜震荡培养, 按照 1%接种量接种于含 NaCl 为 3%, pH 值分别为 4、5、6、7、8、9、10 的 LB 培养液中 28℃、150 r/min 震荡培养 12 h, 测定培养液光密度值 (A_{578})。重复 3 次实验, 取其平均值。

1.2.3 生理生化实验

参照《常见细菌系统鉴定手册》^[10]和《微生物分类学》^[11]中的有关方法进行生理生化特征的鉴定。

1.2.4 16S rDNA 序列测定与系统进化分析

基因组 DNA 的提取: YTW-10 的基因组 DNA 提取采用宝生物工程(大连)有限公司的 TaKaRa Mini-BEST Bacterial Genomic DNA Extraction Kit Ver.2.0 试剂盒。

16S rDNA 序列的 PCR 扩增和测序: 以菌株 YTW-10 基因组 DNA 为模板, 采用正向引物 P₁: 5'-AGA GTT TGA TCA TGG CTC AG - 3'和反向引物 P₂: 5'-AAG GAG GTG ATC CAG CCG CA-3'进行 PCR 扩增。PCR 反应体系(25 μL): 10 × Buffer 2.5 μL, 2.5 mmol/L MgCl₂ 2.0 μL, 2.5 mmol/L dNTP 2.0 μL, Taq DNA 聚合酶 1 U, 10 μmol/L 引物各 2.0 μL, 5 ~ 10 ng 基因组 DNA, 双蒸水补齐体积。扩增条件: 94℃预变性 10 min, 94℃变性 1 min, 55℃退火 1 min, 72℃延伸 2 min, 循环 35 次, 72℃后延伸 5 min。PCR 扩增产物经 Elute milk 小量胶回收试剂盒(上海飞捷生物技术有限公司)纯化后, 送上海生物工程有限公司测序。

系统进化树的构建和分析: 将测定的 16S rDNA 序列在 GenBank 数据库中进行 BLASTN 相似性搜索, 寻找同源序列。将分值较高的序列同本研究获得的相应序列采用 DNASTAR 软件包中的 MegAlign 程序

进行多序列比对, 并采用邻接法(Neighbor-Joining)构建系统进化树^[12]。

1.2.5 抑菌活性实验

指示菌株: 鳃弧菌(*Vibrio anguillarum*)、溶藻弧菌(*Vibrio alginolyticus*)、副溶血弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)等水产生物致病细菌购于上海水产大学水产动物病原库; 玉米弯孢病菌(*Curvularia lunata*)、西瓜枯萎病菌(*Fusarium oxysporum*)和小麦赤霉病菌(*Fusarium graminearum* Schw)等植物致病真菌由西北农林科技大学植物病理实验室提供。

指示菌培养基: 水产生物致病菌采用 2216 培养基, 植物致病真菌采用葡萄糖土豆(PDA)培养基。

供试菌对病原细菌抑菌活性实验: 将培养至对数增长期的病原细菌培养液 150 μL 均匀涂布在 2216 固体培养基平皿上, 然后在培养基中央上打孔, 加入 50 μL 经摇床培养 24 h 的 YTW-10 培养液。在 30℃的温箱中培养 72 h 后, 测量抑菌圈横向和纵向直径, 取平均值。

供试菌对病原真菌抑菌活性实验: 将平板培养的指示真菌用打孔器制成圆形菌苔接种到 PDA 培养基中央, 然后在真菌周围一定范围内均匀打 4 个孔, 分别加入 50 μL 经摇床培养 24 h 的 YTW-10 培养液, 同时以不加 YTW-10 培养液的真菌平板作为对照。在 30℃的温箱中培养 72 h, 分别测量对照皿和供试皿中的真菌菌落直径, 二者的差值即为抑菌直径^[13]。

2 结果

2.1 菌落形态观察

菌株 YTW-10 在 LB 固体培养基上菌落形状为圆形, 表面光滑, 扁平凸起, 边缘整齐, 菌落大小(d/mm)为 1 ~ 2, 表面湿润, 白色, 不透明。革兰氏染色阴性。具备《常见细菌系统鉴定手册》中交替单胞菌属的特征。

2.2 生长条件测定

将 YTW-10 接种在不同 NaCl 浓度的 LB 液体培养基中培养, 绘制其在不同盐浓度下的生长曲线。由图 1 可以看出 YTW-10 可在 1% ~ 15% NaCl 浓度的 LB 培养基中生长, 在 NaCl 浓度为 7%左右生长最好, 当 NaCl 浓度在 10%以上时其生长量急剧下降, 到 15%时几乎不生长, 因此我们将其定义为中度嗜盐菌。

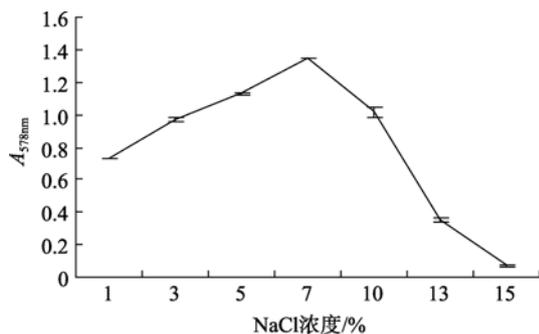


图 1 YTW-10 在不同 NaCl 浓度的 LB 培养基中的生长情况

Fig. 1 Growth of YTW-10 in LB medium with different concentrations of NaCl

从图 2 可以看出 YTW-10 菌株生长的温度范围较为广泛, 从 4 °C 到 55 °C 都有不同程度的生长, 在 30 ~ 45 °C 之间生长较好, 在 37 °C 时生长最快; YTW-10 的 pH 值生长范围在 4 ~ 10 之间, 在 4 和 10 时几乎不生长, 在 pH 为 8 时生长速度最快(图 3)。

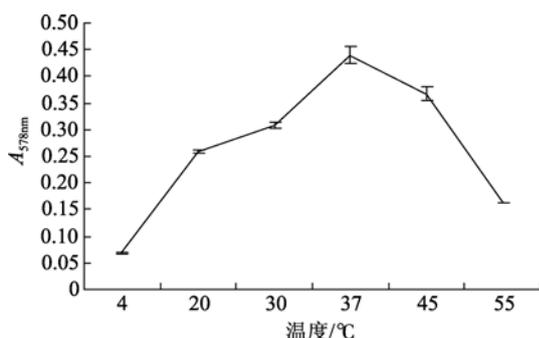


图 2 YTW-10 在不同温度下生长的情况

Fig. 2 Growth of YTW-10 at different temperatures

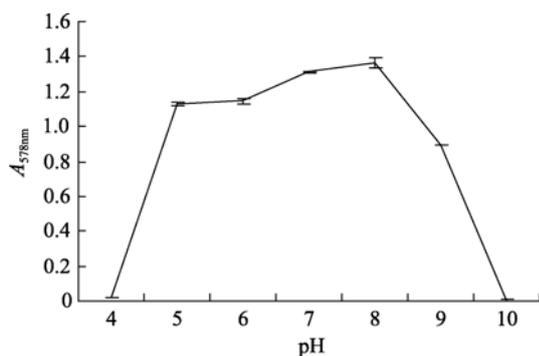


图 3 pH 值对 YTW-10 生长的影响

Fig. 3 Effects of pH on YTW-10 growth

2.3 理化性质实验

菌株 YTW-10 的生理生化特征如表 1 所示, 可以利用木糖、麦芽糖、蔗糖、葡萄糖、甘露糖为唯

一碳源生长, 但不能利用核糖和阿拉伯糖作为唯一碳源生长; 能以水解明胶作为唯一氮源生长, 不能利用酪蛋白为唯一氮源生长; 能产硫化氢, 葡萄糖氧化产酸(M.R 反应为阳性), V.P 反应为阴性; 其过氧化氢酶、氧化酶、卵磷脂酶为阳性, 反硝化、精氨酸脱羧、苯丙氨酸脱氨、淀粉水解等实验均为阴性。

初步鉴定结果表明, YTW-10 的形态和生理生化特性与交替单胞菌属较为一致, YTW-10 与交替单胞菌的两个确定种的生理鉴定结果的比较见表 1。

2.4 基于 16S rDNA 序列的系统进化分析

为进一步鉴定 YTW-10, 在理化分析的基础上, 对 YTW-10 进行 16S rDNA 序列分析。通过对 YTW-10 的 16S rDNA 序列扩增获得了 1 494 bp 的序列, 并提交到 GenBank 中(登陆号为 FJ171338)。将该 16S rDNA 序列在 NCBI 数据库中进行 Blastn 比对, 结果表明在前 50 个同源性较高的序列中已确定的属名均为交替单胞菌属, 同源性为 99 %, 但全部是未定种。其中比对分值最高的是 *Alteromonas* sp. CF14-3 和 *Alteromonas* sp. CF11-5 的 16S rDNA 序列。与 YTW-10 同源性最高的已确定种是 *Alteromonas macleodii*, 同源性为 97%。选取与 YTW-10 同源性较高的代表菌株进行系统进化分析, 以交替单胞菌科(*Alteromonadaceae*)中的另一个属假交替单胞菌属(*Pseudoalteromonas*)为外类群构建系统进化树(图 4)。系统进化树表明 YTW-10 与所有的 *Alteromonas* 聚在一起, 其中 YTW-10 与 *Alteromonas* sp. CF14-3 的亲缘关系最近。结合前期完成的培养特征和生理生化特征等实验的结果, 我们最终确定 YTW-10 为交替单胞菌属 *Alteromonas* 细菌。

2.5 抑菌实验

以水产生物致病菌鳃弧菌、溶藻弧菌和副溶血弧菌以及植物致病真菌玉米弯孢病菌、西瓜枯萎病菌和小麦赤霉病菌为敏感指示菌, 进行拮抗对峙实验, 抑菌谱结果见表 2。

实验结果表明 YTW-10 对水产生物致病细菌的拮抗作用不明显, 但对植物致病真菌具有较强的抑菌活性。图 5 所示是 YTW-10 对不同植物致病真菌生长的抑制效果, 结果表明没有接种 YTW-10 的植物致病真菌生长速度较快, 长势好; 而接种 YTW-10 的生长速度缓慢很多, 长势较差。因此, 菌株 YTW-10 对小麦赤霉病菌、西瓜枯萎病菌和玉米弯孢病菌都有明显的抑制效果。

表 1 菌株 YTW-10 与相近菌株生理生化特征比较

Tab. 1 Comparison of physiological and biochemical characteristics between YTW-10 and the related strains

特性	YTW-10	<i>Alteromonas putrefaciens</i> ^[14]	<i>Alteromonas macleodii</i> ^[15]
过氧化氢酶	+	+	+
氧化酶	+	+	+
卵磷脂酶	+	+	0
反硝化作用	-	-	-
产生 H ₂ S 实验	+	+	+
淀粉水解实验	-	-	+
琼脂水解实验	+	0	+
明胶水解实验	+	+	+
酪蛋白水解实验	-	+	0
Phe 脱氨实验	-	-	0
Arg 脱羧实验	-	-	0
M.R 实验	+	-	+
V.P 实验	-	-	-
木糖	+	-	0
麦芽糖	+	-	+
蔗糖	+	-	+
葡萄糖	+	-	+
甘露糖	+	-	+
核糖	-	-	-
阿拉伯糖	-	-	0

注: + 表示阳性, -表示阴性, 0 表示未做

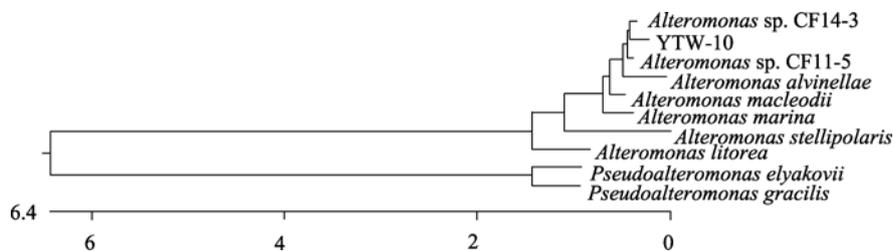


图 4 YTW-10 菌株的 16S rDNA 序列的系统进化树

Fig. 4 Phylogentic tree of YTW-10 based on 16S rDNA sequences

构建进化树所使用的序列的注册号如下: *Alteromonas* sp. CF14-3(FJ170033); *Alteromonas* sp. CF11-5(FJ170012); *Alteromonas macleodii* (AB238950); *Alteromonas* sp.SHY1-1(AB078014); *Alteromonas alvinellae*(AF288360); *Alteromonas marina*(AF529060); *Alteromonas stellipolaris*(AY831615); *Alteromonas litorea*(AY428573); *Pseudoalteromonas elyakovii*(AB000389); *Pseudoalteromonas gracilis* (AF038846)。标尺长度代表遗传距离

The accession numbers used for tree construction are *Alteromonas* sp. CF14-3 (FJ170033); *Alteromonas* sp. CF11-5 (FJ170012); *Alteromonas macleodii* (AB238950); *Alteromonas* sp.SHY1-1 (AB078014); *Alteromonas alvinellae* (AF288360); *Alteromonas marina* (AF529060); *Alteromonas stellipolaris* (AY831615); *Alteromonas litorea* (AY428573); *Pseudoalteromonas elyakovii* (AB000389); *Pseudoalteromonas gracilis* (AF038846). The branch length represents the evolutionary distance

3 讨论

陆生微生物发酵产物长期以来一直是医药业和工农业的重要来源,然而由于该领域研究的深入,近年来从陆生微生物中寻找新的资源难度越来越大。另外传统抗生素的滥用,使得耐药病原菌不断出

现^[16]。由于海洋微生物独特的生存环境,海洋微生物中常蕴含着陆生生物所不具备的活性物质^[17]。因此,从海洋微生物的次级代谢产物中寻找开发有别于陆栖微生物产生的生理活性物质已成为当前微生物学研究的一个重要方向。已有的研究表明海洋细菌的代谢产物种类繁多,结构新颖多样,存在着丰富的

抗菌资源^[18]。我国海岸线长, 海域辽阔, 蕴含着丰富的海洋微生物资源, 需要加强这方面的研究和开发工作。

表 2 YTW-10 的抑菌谱

Tab. 2 Inhibition spectra of YTW-10

指示菌	抑菌直径(mm)
鳗弧菌	—
溶藻弧菌	—
副溶血弧菌	11.2
玉米弯孢病菌	22.5
西瓜枯萎病菌	25.3
小麦赤霉病菌	17.7

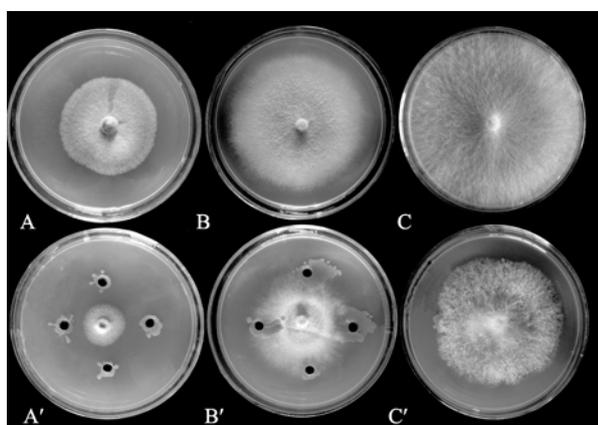


图 5 菌株 YTW-10 对病原真菌的抑制

Fig. 5 Antibacterial test

A. 玉米弯孢病菌; B. 西瓜枯萎病菌; C. 小麦赤霉病菌。A、B、C 为对照组; A'、B'、C' 为实验组

A. *Curvularia lunata*; B. *Fusarium ozysporum*; C. *Fusarium graminearum* Schw. A, B and C are control groups; A', B', and C' are experimental groups

作者从烟台海域分离到一株对植物致病真菌具有明显拮抗作用的菌株 YTW-10, 根据 YTW-10 的形态学特征和生理生化鉴定, YTW-10 与交替单胞菌较为接近。基于 16S rDNA 序列的分子生物学鉴定显示, 该菌在基因库中与未确定种名的 *Alteromonas* sp. CF14-3 最为接近, 相似度达 99%; 与 YTW-10 最接近的确定种是 *Alteromonas macleodii*, 同源率为 97%。应用 16S rDNA 序列分析法能快速、准确地对微生物进行分类鉴定, 在环境微生物多样性研究、菌种鉴定及微生物资源的开发中得到了广泛的应用, 目前随着分子分类的理论和方法的日趋成熟以及数据库的日趋完善, 它已经逐步成为微生物资源调查和环境生态研究的一种强有力的工具。一般认为, 16S rDNA 序列同源性小于 98%, 可以认为属于不

同的种^[19]。因此, YTW-10 有可能是交替单胞菌属的潜在新种, 值得进一步研究。

交替单胞菌属的菌能够产生多种新颖活性物质, 易实现工业化的生产, 具有广阔的开发前景^[20]。杜宗军等^[21]从青岛近海海水中分离得到的交替单胞菌 *Alteromonas addita* 具有降解琼胶活性。王海丽等^[22]利用取自南极的交替单胞菌 *Alteromonas stellipolaris* 提取外膜蛋白和脂多糖, 研究它们对黑鲟非特异性免疫功能的影响, 发现可以起到免疫增强剂的作用, 能增强黑鲟血清中的抗菌活力、溶菌酶的活力和酚氧化酶活力, 显著提高黑鲟的白细胞吞噬活性。郑立等^[23]对从海洋生物、海水和海泥中分离的海洋细菌进行抗菌活性研究, 发现多种交替单胞菌对枯草芽孢杆菌、金黄色葡萄球菌、根瘤土壤杆菌具有不同效果的抑菌作用。目前, 国内对交替单胞菌研究相对较少, 特别是在其产生抗病原真菌活性物质方面的研究尚属空白。我们首次对从烟台海域筛选分离得到的 YTW-10 开展针对抗水产致病菌和植物病原菌的活性研究, 发现其具有广谱的抗植物病原真菌的作用, 为丰富生物防治资源以及工业化生产抗真菌活性物质提供了科学依据。

参考文献:

- [1] Frette L, Johnsen K, Jorgensen N, et al. Functional characteristics of culturable bacterioplankton from marine and estuarine environments[J]. *Int Microbiol*, 2004, 7(3): 219-227.
- [2] 林白雪, 黄志强, 谢联辉. 海洋细菌活性物质的研究进展[J]. *微生物学报*, 2005, 45(4): 657-660.
- [3] 邓祖军, 曹理想, 谭红铭, 等. 一株秋茄内生真菌 (MF59) 对植物病原真菌拮抗活性的研究[J]. *科技论坛*, 2007, 7: 86-89.
- [4] 姜健, 杨宝灵, 元起, 刘松梅, 等. 具有抑菌活性的海洋细菌的分离与鉴定[J]. *生物技术*, 2004, 6: 28-30.
- [5] 林敏, 宁喜斌. 具抑菌活性海洋微生物的筛选[J]. *微生物学杂志*, 2005, 5: 23-25.
- [6] 詹萍, 梁静娟, 庞宗文, 等. 假交替单胞菌 JIV_49 产抗真菌活性物质的发酵条件研究[J]. *生物技术*, 2007, 1: 69-72.
- [7] Sun Y, Tian L, Huang Y F, et al. A new cyclotetrapeptide from marine fungus *Trichoderma reesei*[J]. *Pharmazie*, 2006, 61(9): 809-810.
- [8] 石瑛, 田黎, 王婧, 等. 海洋放线菌 *Micromonospora* sp. 与细菌 *Oceanospirillum* sp. 发酵液中化学成分的研究

- [J]. 中国海洋药物, 2006, 25(1): 6-10.
- [9] 张锐, 曾润颖. 极端微生物产碱性蛋白酶菌株的筛选及发酵条件研究[J]. 微生物学通报. 2001, 28(4): 5-8.
- [10] 东秀珠, 蔡妙英. 常见细菌系统鉴定手册[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 99-121.
- [11] 沈萍, 范秀容, 李光武. 微生物学实验[M]. 北京: 高等教育出版社, 2004: 215-221.
- [12] Burland, T G. DNASTAR's Lasergene sequence analysis software[J]. Methods in Molecular Biology, 2000, 132: 71-91.
- [13] 曹理想, 田新莉, 周世宁. 香蕉内生真菌、放线菌类群分析[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2003, 42(2): 70-73.
- [14] 鲜海军. 对两株具有多种染料脱色能力的腐败交替单胞菌(*Alteromonas putrefaciens*)的研究[J]. 应用与环境生物学报, 2002, 8(3): 294-297.
- [15] Han B Q, Dai J X, Wang H. Isolation and identification of algina-degrading bacteria and formation of alginase[J]. Acta Oceanologica Sinica, 1999, 118(4): 555-561.
- [16] 程福亮, 韩文瑜, 雷连成, 等. 33 株临床分离的药敏试验分析[J]. 动物医学进展, 2007, 28(2): 15-18.
- [17] 李越中, 陈琦. 海洋微生物资源及其产生生物活性代谢产物的研究[J]. 生物工程进展, 2000, 20(5): 28-31.
- [18] 李大志, 韩宝芹. 海洋细菌活性代谢产物的研究进展[J]. 中国海洋药物杂志. 2006, 25(5): 51-55.
- [19] Fry N K, Warwick S, Saunders N A, et al. The use of 16S ribosomal RNA analyses to investigate the phylogeny of the family Legionellaceae [J]. J Gen Microbiol, 1991, 137(5): 1215-1222.
- [20] 席宇, 朱大恒, 刘红涛, 等. 假交替单胞菌及其胞外活性物质研究进展[J]. 微生物学通报, 2005, 32(3): 108-112.
- [21] 杜宗军, 赵苑, 李美菊, 等. 青岛近海琼胶降解细菌的筛选和多样性分析[J]. 中国海洋大学学报, 2007, 37(2): 277-282.
- [22] 王海丽, 杨季芳. 南极超微细菌 ANT52(*Alteromonas stellipolaris*)外膜蛋白和脂多糖的提取物对黑鲷的免疫活性研究[J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(2):242-248.
- [23] 郑立, 林伟, 严小军, 等. 海洋细菌抗菌和细胞毒活性的初步研究[J]. 应用生态学报, 2004, 15(9): 1633-1636.

Identification and antimicrobial activity analysis of a marine *Alteromonas* YTW-10

WANG Lei, SU Hong-yan, YANG Run-ya, WANG Xiao-jie, LIN Wen-jie
(College of Life Sciences, Lu Dong University, Yantai 264025, China)

Received: Feb., 11, 2010

Key words: *Alteromonas*; antimicrobial activity; identification

Abstract: The strain YTW-10 was isolated from marine sediments collected from the Yantai beach. It was able to grow in the medium containing 1% ~ 15% NaCl with the optimal growth salinity of 7%. The optimum growth temperature was 37 °C and the initial pH value was 8. Based on morphology, biochemical characteristics, as well as phylogenetic analysis, the strain YTW-10 was identified as *Alteromonas*. Three marine pathogenic bacteria and three crop pathogenic fungi were used as indicators in YTW-10 antimicrobial experiment. The result showed that YTW-10 had strong antimicrobial activity to *Curvularia lunata*, *Fusarium ozysporum*, and *Fusarium graminearum* Schw.

(本文编辑: 张培新)