

PCR-DGGE 技术在土壤微生物多态性研究中的应用

罗青[1,2]

[1]福建省农业科学院,福建福州 350003 [2]福建农林大学,福建福州 350002

【关键词】PCR-DGGE 微生物多样性

【文 摘】实验室中传统的微生物分离、培养和分类方法,在反映土壤微生物的基因信息上有很大的局限性。将逐步被分子生物学方法所替代。本文在阐述 PCR-DGGE 方法原理的基础上,分析了其在微生物多样性研究中的具体运用、方法缺陷及改进措施。

信阳农业高等专科学校学报.2006,16(3).-105-107

滑桃树不同器官伴生细菌多样性的分子特征

王浩鑫[1,2] 焦军影[1,2] 曾英[1] 沈月毛[1]

[1]中国科学院昆明植物研究所,云南昆明 650204 [2]中国科学院研究生院,北京 100039

【关键词】微生物富集 植物伴生菌 16S rDNA 微生物多样性 滑桃树 不可培养微生物

【文 摘】应用不依赖于培养的 16S rRNA 基因技术,揭示滑桃树根皮、茎皮以及种子伴生细菌的种类多样性,为建立伴生细菌的宏基因组文库奠定基础。基于我们新近发表的植物伴生菌富集方法,建立富集和未富集样品的全长 16S rRNA 基因文库,随机挑取至少 100 个克隆进行酶切分型并测序,根据 16S rDNA 的部分序列推测其所属伴生菌的种类。结果表明,所检测的细菌克隆大部分属于 γ -Proteobacteria,有少量来源于 α -Proteobacteria 或放线菌(Actinobacteria),也包括不可培养或分类地位不明确的细菌。经过富集,16S rRNA 基因文库中细菌克隆的比例和序列多样性显著增加,根皮的伴生细菌种类最为丰富,其次是成熟种子和茎皮;幼嫩种子 16S rDNA 文库的细菌克隆比例较小(1.18%),说明幼嫩种子的伴生菌最少。

云南植物研究.2006,28(3).-289-294

膜 - 生物反应器中污泥膨胀对生物相及微生物多样性影响

孙寓姣[1,2] 王勇[2]

[1]哈尔滨工业大学环境生物技术研究中心,黑龙江哈尔滨 150090 [2]清华大学环境模拟与污染控制国家重点联合实验室,北京 100084

【关键词】膜 - 生物反应器 生物多样性 无脊椎动物 优势种群 活性污泥

【文 摘】针对丝状细菌引起污泥膨胀并对系统运行造成影响的现象,采用处理生活污水的 MBR 工艺连