

土壤样品中细菌多样性的分析

邱并生

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

微生物分子生态学的研究表明,自然界中只有很小部分的微生物得到了纯培养,绝大多数微生物是未被开发的和未知的,因此探索和培养那些未知的微生物物种可以发掘微生物新的菌种资源^[1-2]。近年来,随着从环境中提取微生物 DNA 方法的不断改进,以核酸一级结构为依据对微生物进行分类的研究获得了长足的发展^[3]。现代分子生物学技术已被广泛应用于微生物多样性及微生物生态的研究,该技术以研究微生物的多样性克服了微生物培养技术的限制,能在遗传本质的层面上对微生物群落进行较客观的分析,较精确地揭示了微生物的种类和遗传多样性。

本刊介绍了苏进进、余利岩等发表的论文“可可西里土壤样品中细菌多样性的分析”^[4],作者采用纯培养、16S rRNA 基因文库和 DGGE 相结合的免培养方法,对土壤样品中微生物群落结构特点、优势种群以及微生物组成进行了分析。并将两种方法组合应用,避免由于方法原理本身所带来的不可避免得偏差,提供了更加全面的群落组成和群落变化方面的信息。另外,该研究采用实验室常用的培养基对来源于极端环境的土壤进行了微生物的分离培养,分离到一些新种和新属。对比纯培养和免培养两种方法的实验结果可以了解到那些存在而未被培养的微生物的相关信息,从而为设计特定培养基、有针对性地分离特定微生物提供参考和启示。对在纯培养中没有分离而免培养中得到验证的微生物种群设计特定的培养基进行分离培养。

关键词: 可可西里, 纯培养, 免培养, ARDRA, 16S rRNA 基因文库, DGGE

参 考 文 献

- [1] Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH, et al. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation[J]. Microbiol Rev, 1995, 59(1): 143-169.
- [2] Hugenholtz P, Pitulle C, Hershberger KL, et al. Novel division-level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring[J]. J Bacteriol, 1998, 180(2): 366-376.
- [3] Chen AC, Imachi H, Sekiguchi Y, et al. Archaeal community compositions at different depths (up to 30 m) of a municipal solid waste landfill in Taiwan as revealed by 16S rDNA cloning analyses[J]. Biotechnology Letter, 2003, 25(9): 719-724.
- [4] 苏进进, 张玉琴, 余利岩, 等. 可可西里土壤样品中细菌多样性的分析[J]. 微生物学通报, 2011, 38(8): 1132-1139.

Diversity of culturable and unculturable bacteria in soil samples

QIU Bing-Sheng

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

Keywords: Hoh Xil, Culture-dependent, Culture-independent, ARDRA, 16S rRNA gene library, DGGE