

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 太湖地区典型菜地土壤微生物16S rDNA的PCR-RFLP分析

作者: 滕齐辉¹ 曹 慧^{1*} 崔中利^{1,2} 王英¹ 孙 波² 郝红涛² 李顺鹏¹

1 南京农业大学农业部农业环境微生物工程重点开放实验室, 南京 210095

2 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008

摘要: 土壤微生物多样性是土壤生态功能的基础, 但长期以来缺乏对高强度土地利用条件下的土壤微生物多样性的认识。作者采用间接法提取了江苏省太湖地区典型菜地土壤微生物的总DNA, 以细菌的通用引物27F和1492R扩增16S rDNA片段, 将扩增产物与T-载体酶连, 转化大肠杆菌, 建立土壤微生物16S rDNA克隆文库。PCR扩增基因文库中插入的16S rDNA外源片段, 用两种限制性内切酶*Hha* I和*Rsa* I分别酶切, 获得该土壤173个克隆的酶切指纹图谱。结果表明, *Hha* I和*Rsa* I联合酶切产生了63个基因分型, 文库的覆盖度达76.30%, 单一酶切产生的基因分型少, 但文库的覆盖度高; 克隆文库中存在两种优势类群, 分别占总克隆的16%和12%。16S rDNA测序结果表明, 太湖地区菜地土壤细菌在分类方面主要属于 α -和 γ -变形杆菌亚门。以上结果为进一步研究太湖地区菜地土壤微生物生态功能提供了基础资料。

关键词: 土壤细菌多样性, 间接提取法, 16S rDNA克隆文库, RFLP分析

通讯作者: 曹 慧 (E-mail: hcao@njau.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 430 次, 全文被下载 375 次。

[下载PDF文件 \(651025 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>