

## 目次

### 乌梁素海富营养化湖区浮游细菌多样性及系统发育分析

孙鑫鑫, 刘惠荣, 冯福应\*, 孟建宇, 李蘅, 玛丽娜

内蒙古农业大学生物工程学院应用与环境微生物研究所, 呼和浩特 010018

收稿日期 2009-4-16 修回日期 网络版发布日期 接受日期 2009-6-24

**摘要** 水生生态系统富营养化与细菌群落之间的关系尚不明确。本文通过构建和分析16S rRNA基因片段克隆文库, 以期揭示乌梁素海富营养化水体细菌的多样性及其系统发育关系, 并探讨富营养化与细菌多样性之间的关系。利用 *Hae* III 对文库中的87个克隆子进行单酶切, 产生了23种带型, 文库覆盖度达到了73.6%, 反映出文库有良好的代表性。选择每种OTU的一个代表克隆进行测序分析, 基因序列系统发育分析结果表明, 乌梁素海中多数细菌与淡水生态系统中常见的细菌门类相同, 即 $\alpha$ -、 $\beta$ -、 $\gamma$ -Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, 它们分别占总菌数的10.3%、41.4%、4.6%和6.9%, 其中 $\beta$ -Proteobacteria和Bacteroidetes是优势细菌类群。与典型淡水生态系统细菌群落组成不同的是, 乌梁素海中存在约10.3%的轻度嗜盐碱细菌。水体中83.9%的细菌与已培养的细菌的同源性低于97%, 其中58.9%的细菌未能鉴定到属; 其余总菌数16.1%的克隆与具有降解污染物生物活性的已知菌相近。Bacteroidetes、Firmicutes和 $\beta$ -Proteobacteria中的某些类群成为优势菌群可能是对乌梁素海水体富营养化的响应。

**关键词** [乌梁素海](#) [浮游细菌](#) [群落结构](#) [RFLP](#) [系统发育分析](#)

分类号

**DOI: 10.3724/SP.J.1003.2009.09101**

通讯作者:

冯福应 [forefeng@hotmail.com](mailto:forefeng@hotmail.com)

作者个人主页: 孙鑫鑫; 刘惠荣; 冯福应\*; 孟建宇; 李蘅; 玛丽娜

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(1394KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)

### 参考文献

### 服务与反馈

- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“乌梁素海”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
  - [孙鑫鑫](#)
  - [刘惠荣](#)
  - [冯福应](#)