

## 目次

应用 16S rDNA-RFLP 方法分析宁夏地区稻田土壤细菌的多样性

张建萍<sup>1</sup>, 董乃源, 余浩滨, 周勇军, 陆永良, 耿锐梅, 余柳青\*

(中国水稻研究所水稻生物学国家重点实验室, 杭州 310006)

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 水稻是宁夏地区主要粮食作物, 水稻种植也具有维持生态系统平衡, 防止土地荒漠化等重要的生态功能。而稻田土壤细菌是维持土壤生态功能的基础。但长期以来缺乏对干旱地区稻田土壤细菌多样性的认识。本研究采用非培养技术提取稻田土壤样品总DNA, 构建其16S rDNA克隆文库, 用PCR-RFLP分析进一步测序后聚类分析细菌群落的多样性。从稻田土样中分离获得了大于23 kb的DNA片段。PCR-RFLP共得到74种酶切带型, 序列分析发现77.3%的克隆序列与环境未培养细菌的16S rDNA序列有较高的相似性, 仅有22.7%的克隆序列与数据库中可培养细菌有较高的相似性, 表明宁夏稻区土壤中的多数细菌尚未培养。系统发育研究发现74个序列分属于12个类群, 其中变形细菌所占比例最大(37.8%), 依次为酸杆菌(16.2%)、放线菌(12.2%)、拟杆菌(10.8%)、绿屈挠菌(10.8%)、浮游霉菌(8.1%), 另外有少量厚壁菌门、芽单胞菌门和疣微菌门细菌克隆。在变形细菌的序列中包括 $\alpha$ 、 $\beta$ 和 $\delta$  4个类型, 比例分别为13.5%、5.4%、12.2%和6.8%。表明宁夏稻区土壤中优势细菌类群为变形杆菌和酸杆菌, 且土壤细菌类群具有丰富的多样性。

**关键词** [水稻田](#) [土壤细菌多样性](#) [16S rDNA克隆文库](#) [RFLP分析](#)

分类号

**DOI:** 10.3724/SP.J.1003.2008.08118

通讯作者:

余柳青 [liuqyu53@yahoo.com.cn](mailto:liuqyu53@yahoo.com.cn)

作者个人主页: 张建萍<sup>1</sup>; 董乃源; 余浩滨; 周勇军; 陆永良; 耿锐梅; 余柳青\*

## 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (382KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (374KB)

▶ [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“水稻田”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [张建萍](#)