

新疆两盐湖可培养嗜盐古菌多样性研究

崔恒林^{1,2}, 杨 勇^{1,2}, 迪丽拜尔·托乎提³, 周培瑾¹, 刘双江^{1*}

(¹ 中国科学院微生物研究所 北京 100080)

(² 中国科学院研究生院 北京 100049)

(³ 新疆师范大学生物系 乌鲁木齐 830053)

摘 要: 从新疆地区艾比盐湖和艾丁盐湖卤水及泥土样品中分离到 86 株嗜盐古菌。16S rRNA 基因序列分析结果表明, 分离自艾比湖的嗜盐古菌分别属于 *Haloarcula*、*Halobacterium*、*Halorubrum*、*Haloterrigena*、*Natrinema* 和 *Natronorubrum* 6 个属的 11 个分类单元, 而分离自艾丁湖的嗜盐古菌分别属于 *Haloarcula*、*Halobiforma*、*Halorubrum*、*Haloterrigena*、*Natrialba*、*Natrinema* 6 个属的 8 个分类单元, 这一结果表明艾比湖可培养嗜盐古菌生物多样性稍高于艾丁湖。基于 16S rRNA 基因序列的系统发育分析表明代表菌株 ABH15 应为 *Natronorubrum* 属的中性嗜盐古菌新种, 代表菌株 ABH07、ABH12、ABH17、ABH19、ABH51 和 AD30 可能是 *Halobacterium*、*Halorubrum*、*Haloterrigena*、*Haloarcula* 的新成员。

关键词: 嗜盐古菌; 生物多样性; 艾比盐湖; 艾丁盐湖

中图分类号: Q938, Q939 文献标识码: A 文章编号: 0002-6209 (2006) 02-0171-06

极端嗜盐古菌 (Extremely halophilic archaea) 是嗜盐微生物的一大类群, 其分类地位归属于古菌域 (Archaea)、广古菌门 (Euryarchaeota)、嗜盐菌纲 (Halobacteria)、嗜盐菌目 (Halobacteriales)、嗜盐菌科 (Halobacteriaceae)^[1]。这一类特殊的微生物在自然界中主要分布于天然或人工高盐环境中, 如盐 (碱) 湖、晒盐场、盐矿、人工腌制品等。近十年来, 随着多种分离方法以及分子生物学技术在嗜盐古菌分类研究中的运用, 国内外的学者研究报道了多个新种、新属。到目前为止, 嗜盐菌科包含 20 个属共 61 个种^[1,2]。在我国, 天然高盐环境资源丰富, 东南部沿海分布着数百家盐场, 而西北部地区 1km² 以上的内陆盐湖有 800 多个, 主要分布于西藏、青海、新疆、内蒙古及其周边地区^[3]。在这些盐场、盐湖中蕴藏着大量的嗜盐古菌资源。在这不同的地域环境中, 由于气候条件的差异、盐湖起源的不同, 分布于特定区域的盐场、盐湖可能有特定的微生物区系特征。本文主要对新疆准噶尔盆地的艾比湖和天山山间盆地的艾丁湖的嗜盐古菌多样性进行研究, 旨在阐明两盐湖的嗜盐古菌区系特征, 希望为进一步开展嗜盐古菌理论及应用研究提供种质资源, 同时为盐湖资源开发提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 菌株: 菌株 ABH01~ ABH56 系分离自艾比湖的嗜盐古菌; 菌株 AD01~ AD30 系分离自艾丁湖的嗜盐古菌; *Haloarcula hispanica* AS112049^T、*Haloarcula marismortui* AS111784^T、*Haloarcula vallismortis* AS112048^T、*Halorubrum coriense* AS113492^T、*Halorubrum distributum* AS113491^T、*Halorubrum lacusprofundi* AS113490^T、*Halorubrum saccharovororum* AS112147^T、*Halorubrum sodomense* AS112206^T、*Halorubrum xinjiangense* AS113527^T、*Haloterrigena thermotolerans* AS113709^T、*Haloterrigena turkmenicus* AS112364^T、*Natronorubrum bangense* AS 111984^T、*Natronorubrum tibetense* AS112123^T 来自中国微生物菌种保藏管理委员会普通微生物中心 (CGMCC); *Haloarcula argentinensis* JCM9737^T、*Haloarcula quadrata* JCM11048^T、*Halorubrum trapanicum* JCM10477^T 来自日本微生物菌种保藏中心 (JCM)。

1.1.2 培养基: 富集培养和菌种分离采用 CM 培养基^[4]: 每升含 Casamino acid (Difco) 7l 5g, Yeast extract (Difco) 10g, 柠檬酸三钠 3g, MgSO₄·7H₂O 20g, KCl

基金项目: 国家 (973 项目) 重点基础研究发展规划项目 (2004CB719601)

* 通讯作者。Tel: 86_10_62527118; Fax: 86_10_62652317; E-mail: liusj@sun.im.ac.cn

作者简介: 崔恒林 (1970-), 男, 江苏东台人, 博士研究生, 主要从事极端环境微生物研究。E-mail: cuihenglin@sohu.com

收稿日期: 2005_09_22; 接受日期: 2005_10_19; 修回日期: 2005_12_18

2g, FeCl₂·4H₂O 0.036g, NaCl 200g, pH 7.2。

11113 主要试剂和仪器:引物由北京奥科生物技术有限责任公司合成,其它试剂均购自北京 TIANGEN 公司。PCR 仪系 BIO_RAD 公司 PTC₂₀₀ 型。

112 样品的采集与菌株的分离

2003年9月,采集新疆艾比盐湖和艾丁盐湖的卤水、底泥及湖边土壤样品,装于无菌塑料离心管,4e 保存。取 1g 样品接种于 100mL 液体 CM 培养基,于 37e 振荡培养 3~5d,稀释涂布平板,培养 7~15d 挑取单菌落,反复划线纯化至获得纯菌。

113 菌株 16S rRNA 基因序列测定

参照周培瑾等^[5]的方法提取菌株的总 DNA。用引物 P0023 (5c_TTCCGGTTGATCCTGCC_3c) 和 P1525 (5c_AAGGAGGTGATCCAGCC_3c) 扩增菌株 16S rRNA 基因。PCR 循环参数为: 95e 5min; 95e 1min, 49e 1min, 72e 115min; 30 个循环; 72e 10min。以 P0023 和 P1525 为测序引物,用 ABI BigDye311 测序试剂盒 (Applied Biosystems) 处理样品,在 ABI 3730 型全自动测序仪上测定菌株 16S rRNA 基因序列。

114 基于 16S rRNA 基因的系统发育学分析

根据测序结果,利用 BLAST 软件从 GenBank、EMBL 等数据库中搜索相关嗜盐古菌菌株的 16S rRNA 基因序列。用 MEGA311 软件^[6]进行多序列对位排列,并采用 MEGA311 软件包中的 Kimura 2-Parameter Distance 模型及 Neighbor_Joining 法构建系统发育树,同时计算各菌株 16S rRNA 基因序列相似性百分比。

115 嗜盐古菌多样性分析

定义嗜盐古菌 16S rRNA 基因序列相似性小于等于 98% 作为不同的分类单元^[7],采用 Shannon-Wiener 指数^[8] (以下简称 Shannon 多样性指数, H) 计算多样性:

$$H_c = - \sum P_i \ln P_i$$

式中 P_i 为属于种 i 的个体在全部个体中的比例。

2 结果

211 艾比湖和艾丁湖可培养嗜盐古菌的分离及 16S rRNA 基因扩增

利用 CM 培养基从艾比湖和艾丁湖样品分别分离纯化了 56 株和 30 株嗜盐古菌。用嗜盐古菌 16S rRNA 基因特异性引物 P0023 和 P1525 扩增菌株的 16S rRNA 基因,并测定其 5c 端的序列 (约 500bp)。

共获得 86 个序列,这些序列的编号分别为: ab01~ab56, ad01~ad30。

212 艾比湖可培养嗜盐古菌与相近物种的 16S rRNA 基因序列相似性及系统发育分析

经 BLAST 分析及 16S rRNA 基因序列相似性计算,与分离自艾比湖的嗜盐古菌 16S rRNA 基因序列相似性最大的嗜盐古菌见图 1。结果表明,56 株菌株归属于 *Haloarcula*、*Halobacterium*、*Halorubrum*、*Haloterrigena*、*Natrinema* 和 *Natronorubrum* 6 个属,并与 *Haloarcula argentinensis*、*Haloarcula hispanica*、*Halobacterium salinarum*、*Halorubrum saccharovorum*、*Halorubrum xinjiangense*、*Haloterrigena saccharevitans*、*Haloterrigena thermotolerans*、*Natrinema altunense*、*Natronorubrum bangense* 9 个种的 16S rRNA 基因序列相似性为 95%~100%。值得注意的是,有 15 株菌株 (ABH07、ABH12、ABH13、ABH14、ABH15、ABH17、ABH18、ABH19、ABH25、ABH31、ABH32、ABH33、ABH49、ABH51、ABH52、ABH56) 与已发表种的 16S rRNA 基因序列相似性在 95%~98%; 其中 ABH07 与 *Halobacterium salinarum* 的 16S rRNA 基因序列相似性为 97%, ABH12 和 ABH32 与 *Halorubrum saccharovorum* 为 98%、ABH13、ABH15、ABH18、ABH31 和 ABH33 与 *Natronorubrum bangense* 为 95%~96%, ABH19 与 *Haloarcula argentinensis* 为 98%, ABH25、ABH49、ABH51、ABH52、ABH56 与 *Haloterrigena thermotolerans* 为 95%~98%, 表明这些菌株可能代表着新的分类单元。

基于 16S rRNA 基因序列的系统发育树 (图 1) 表明,艾比湖嗜盐古菌 ABH05、ABH16、ABH20、ABH21、ABH23、ABH26、ABH28、ABH29、ABH30、ABH34、ABH36、ABH37、ABH39、ABH40、ABH41、ABH44、ABH45、ABH46、ABH47、ABH48、ABH50、ABH55 与 *Natrinema altunense* 以较高的置信度聚成一支,这一支应属于同一物种。ABH25、ABH51、ABH52、ABH56 与 *Natrinema* 聚在一起,但其 16S rRNA 基因序列相似性显示与 *Haloterrigena thermotolerans* 有相对 *Natrinema* 较近的亲缘关系 (95%), 可能是 *Haloterrigena* 的新的分类单元。ABH02、ABH35、ABH38、ABH43、ABH49 与 *Haloterrigena thermotolerans* 相近,应为属同种。而 ABH53、ABH27、ABH42、ABH54 与 *Haloterrigena saccharevitans* 以 99% 的相似性局为一支,属于同种。ABH17 与 *Haloterrigena* 的成员同源,且与 *Haloterrigena thermotolerans* 相似性为 96%, 应为该属新的分类单元。ABH13、ABH14、

ABH15、ABH18、ABH31 和 ABH33 与 *Natronorubrum* 中的 *Natronorubrum bangense* 亲缘关系最近, 16S rRNA 基因序列相似性(95%~ 96%)显示这 6 株菌应代表 *Natronorubrum* 中一个新种。ABH12 和 ABH32 可能是 *Halorubrum* 中与 *Halorubrum saccharovorum* 关系相近的新种。ABH03、ABH04、ABH06、ABH08、ABH09、ABH10、ABH11、ABH22、ABH24 与 *Halorubrum*

xinjiangense 属于同种。ABH07 以与 *Halobacterium salinarum* 97% 的相似性归入 *Halobacterium*, 应为该属的新种。ABH01、ABH19 归入 *Haloarcula*, ABH01 与 *Haloarcula argentinensis* 系同种, ABH19 与 *Haloarcula hispanica* 和 *Haloarcula argentinensis* 的相似性均为 98%, 可能是一新种。

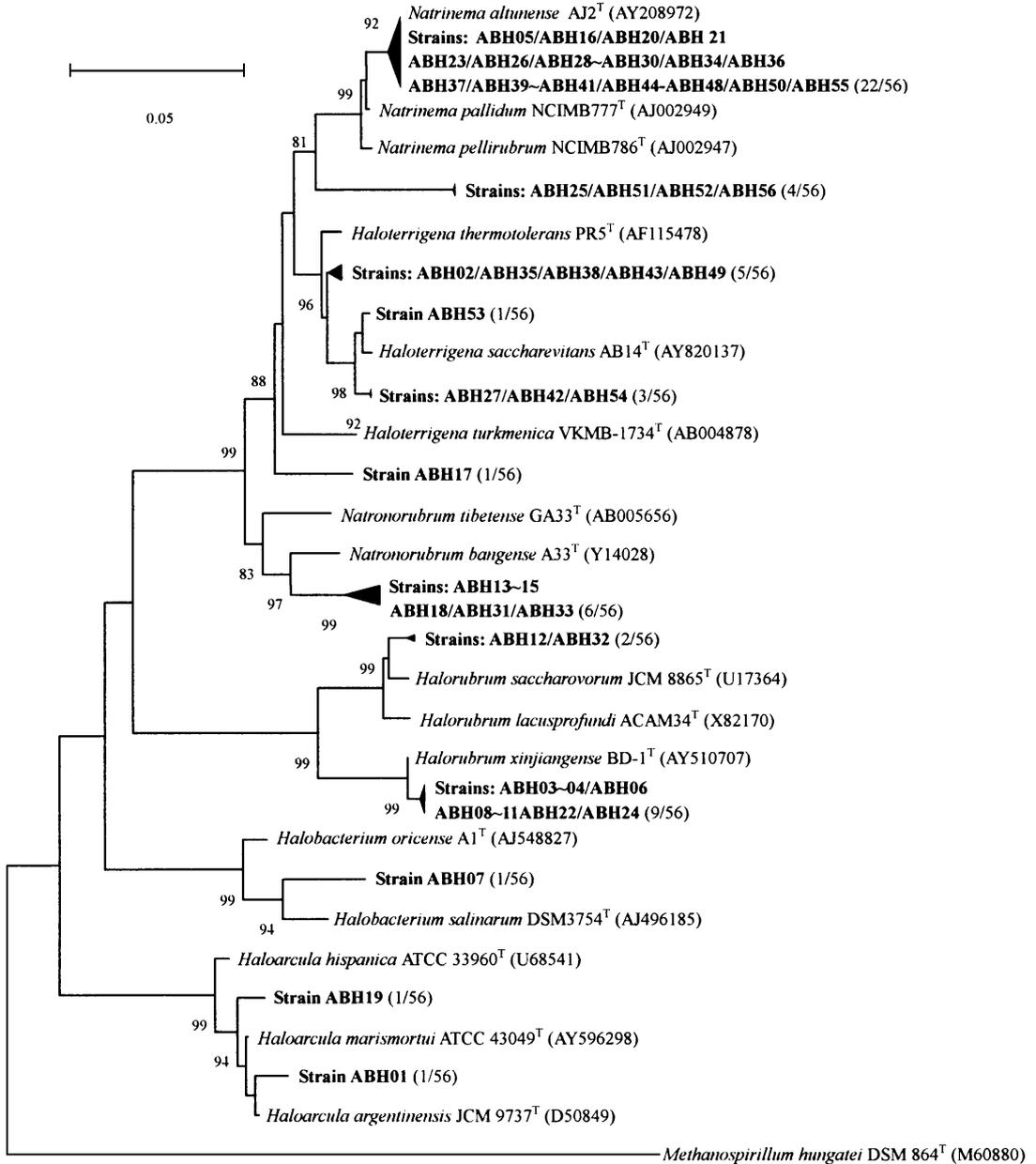


图 1 艾比湖可培养嗜盐古菌与相关种的系统发育树

Fig. 1 Phylogenetic tree based on 16S rRNA gene sequences showing the relationship between strains isolated from Aibi salt lake and related members of the family Halobacteriaceae. Bootstrap values (%) are based on 1000 replates. Bar, 0.05 expected changes per site.

213 艾丁湖可培养嗜盐古菌与相近物种的 16S rRNA 基因序列相似性
经 BLAST 分析及 16S rRNA 基因序列相似性计

算, 与分离自艾丁湖的嗜盐古菌 16S rRNA 基因序列相似性最大的嗜盐古菌见图 2。结果表明, 30 株菌归属于 *Haloarcula*、*Halobiforma*、*Halorubrum*、

Haloterrigena, Natrialba, Natrinema 6 个属, 并与 Haloarcula hispanica, Halobiforma salilacus, Halorubrum lacusprofundi, Halorubrum saccharovorurum, Halorubrum xinjiangense, Haloterrigena thermotolerans, Natrialba aegyptiaca, Natrinema altunense 7 个种的 16S rRNA 基因序列相似性为 98%~100%。在这些菌株中菌株 AD30 与 Halorubrum lacusprofundi 的 16S rRNA 基因序列相似性只有 98%, 该菌株可能代表着新的分类单元。

艾丁湖可培养嗜盐古菌与相关种的系统发育树 (图 2) 表明, 艾丁湖嗜盐古菌 AD02、AD03、AD04、AD05、AD06、AD08、AD09、AD10、AD11、AD12、AD13、AD15、AD16、AD17、AD24、AD25、AD27、AD28 与

Natrinema altunense 以较高的相似性(99%~100%)聚成一支, 属于同一物种。AD14、AD20、AD22 与 Haloterrigena thermotolerans 亲缘关系近(99%)是同种。AD07 与 Natrialba aegyptiaca 归于同一种, 相似性为 99%。AD18 归入 Halobiforma lacisalsi。AD19 与 Halorubrum xinjiangense 相似性为 99%, 为同一种。AD01、AD 23、AD 29 与 Halorubrum saccharovorurum 相似性为 99%, 同属于 Halorubrum saccharovorurum 的不同菌株。AD30 与 Halorubrum saccharovorurum 和 Halorubrum lacusprofundi 聚成一支, 但相似性为 98%, 可能代表新的物种。AD21 以 99% 的相似性成为 Haloarcula marismortui 的一个菌株。

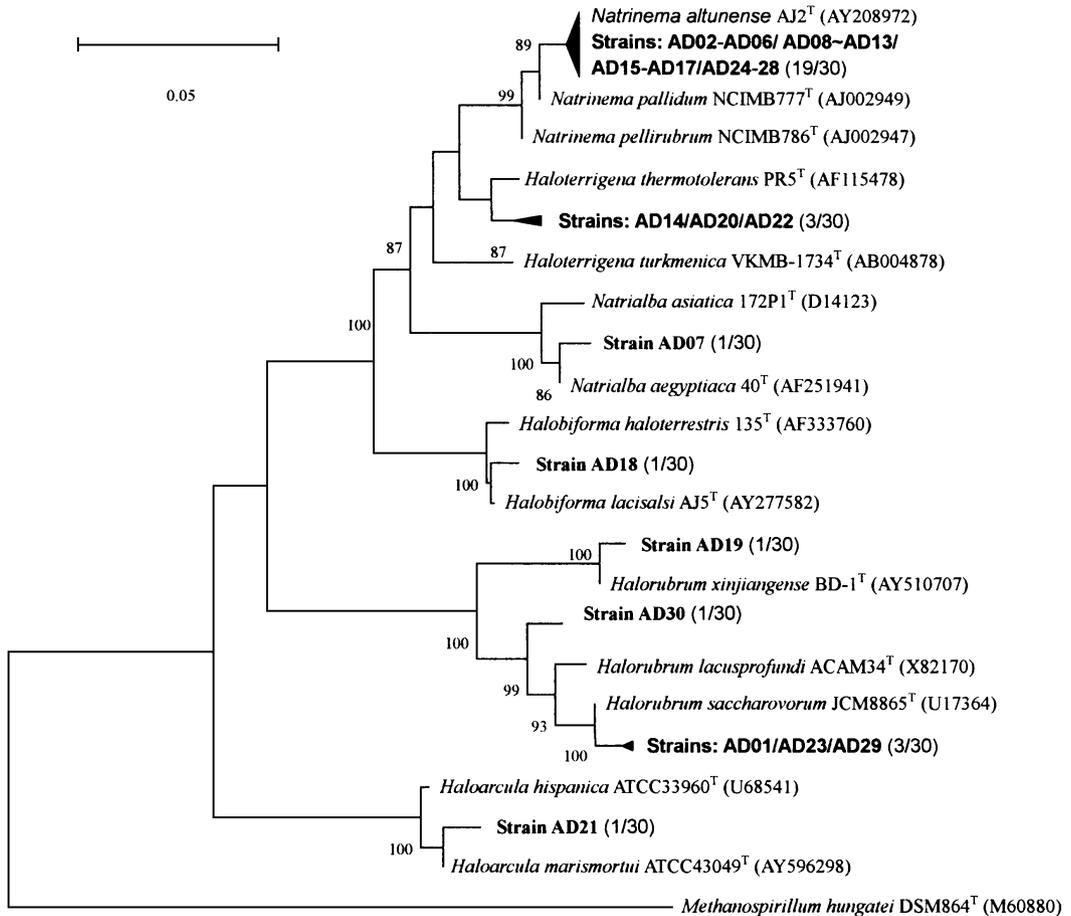


图 2 艾丁湖可培养嗜盐古菌与相关种的系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree based on 16S rRNA gene sequences showing the relationship between strains isolated from Aiding salt lake and related members of the family Halobacteriaceae. Bootstrap values (%) are based on 1000 replates. Bar, 0.05 expected changes per site.

214 艾比湖和艾丁湖嗜盐古菌多样性

从艾比湖分离的 56 株嗜盐古菌中属于 Haloarcula 2 株 (316%)、Halobacterium 1 株 (118%)、Halorubrum 11 株 (1916%)、Haloterrigena 14 株 (25%)、Natrinema 22 株 (3913%)、Natronocubrum 6 株 (1017%)。以 16S rRNA 基因序列相似性小于或等于

98% 时作为不同分类单元进行多样性计算, 上述 56 株嗜盐古菌可分为 11 个不同的分类单元, Shannon 多样性指数(Hc)为 11899。

从艾丁湖分离的 30 株嗜盐古菌中属于 Haloarcula 1 株 (313%)、Halobiforma 1 株 (313%)、Halorubrum 5 株 (1617%)、Haloterrigena 3 株 (10%)、

Natrialba 1 株(313%), Natrinema 19 株(6313%)。以 16S rRNA 基因序列相似性小于或等于 98% 时作为不同分类单元进行多样性计算, 上述 30 株嗜盐古菌可分为 8 个不同的分类单元, Shannon 多样性指数为 11317。

3 讨论

艾比湖位于新疆博尔塔拉蒙古自治州精河县境内, 地理坐标: 82b35c~ 83b16cE, 44b05c~ 45b08cN。卤水分湖表卤水和晶间卤水, 以湖表卤水为主^[2]。湖表卤水, 相对密度 11079, pH 值 8109, 矿化度 11214g。晶间卤水, 赋存于石盐和芒硝层中, 相对密度 11237, pH 值 6191, 矿化度 37717g。湖盆在天山与阿拉山口之间, 气候温暖干旱, 年平均气温 717e, 最高气温 42123e, 最低气温 - 3614e, 年降水量 105117mm, 年蒸发量 222113mm, 年日照时数 2699187h。

艾丁湖位于新疆吐鲁番市南部, 地理坐标: 89b10c32d~ 83b54c32dE, 42b32c10d~ 42b49c13dN。卤水分湖表卤水和晶间卤水和淤泥卤水, 以晶间卤水为主^[2]。湖表卤水, 相对密度 112000, pH 值 7149, 矿化度 336147g。晶间卤水, 相对密度 11194, pH 值 7133, 矿化度 327159g。湖盆为封闭内流盆地, 年平均气温 1412e, 最高气温 4813e, 年降水量 10mm, 年蒸发量 3800mm~ 4000mm, 年日照时数 3200~ 3400h。

两盐湖在卤水及气候特征方面存在相似性但也有一定差异, 因而两盐湖在嗜盐古菌物种多样性上各有特点。艾比湖具有 6 个属的嗜盐古菌即: Haloarcula、Halobacterium、Halorubrum、Haloterrigena、Natrinema 和 Natronorubrum 的 11 个分类单元, 而艾丁湖则蕴藏了 Haloarcula、Halobiforma、Halorubrum、Haloterrigena、Natrialba 和 Natrinema 的 8 个分类单元。其中两湖共有的属是 4 个属即 Haloarcula、Halorubrum、Haloterrigena 和 Natrinema。在这四个属中, Halorubrum、Haloterrigena 和 Natrinema 菌株相对百分比均在 10% 以上, 属于优势属, 说明这 3 个属成员在不同的高盐生境中有着较强的适应能力。

不同的是, 艾比湖孕育了 Halobacterium 和 Natronorubrum 中各 1 个新的分类单元, 其中 Natronorubrum 成员占总菌株的 1017%, 加之 Natronorubrum 的新分类单元最适生长 pH 值为 810))) 与艾比湖湖表卤水 pH 值相近, 也许这就是 Natronorubrum 的新分类单元成为艾比湖优势菌群的一个主要原因。而艾丁湖独特地具有 Halobiforma

和 Natrialba 的两个种, Natrialba 的成员一般需要高浓度的盐环境, 艾丁湖较低的年降水量和较高的年蒸发量则造就了高盐环境, 从而为 Natrialba 的成员提供了高盐的生境。

从系统发育树以及 16S rRNA 基因序列相似性来看, ABH07、ABH12、ABH15、ABH17、ABH19、ABH51、AD30 可能代表了 Haloarcula、Halobacterium、Halorubrum、Haloterrigena 和 Natronorubrum 的未发现的新种。在这 6 株菌株中有 6 株分离自艾比湖, 而艾丁湖的只有 1 株可能的新种。

从绝对的物种数量上看, 艾比湖的嗜盐古菌物种多样性要高于艾丁湖。另外, 通过计算两湖多样性指数, 艾比湖嗜盐古菌的 Shannon 多样性指数也稍高于艾丁湖。

综上所述, 艾比湖的嗜盐古菌生物多样性要高于艾丁湖。造成这一现象的主要原因在于两盐湖的卤水特性的差异, 气候的不同, 除此之外, 艾比湖是准噶尔盆地最低洼的湖盆, 为地表水和地下水的汇集中心, 有 23 条河流直接或间接流入, 带来丰富的有机及矿物资源, 这对艾比湖的嗜盐古菌生物多样性也有很大的影响。而艾丁湖湖盆系封闭内流盆地, 虽有少数几条小河和数十条小溪流入, 但由于每年 2 亿立方米的蒸发量只能得到几十分之一的补给水源, 又因人口增加、生产事业发展对水源的大量索取, 使艾丁湖水域面积急剧缩小, 这对艾丁湖嗜盐古菌多样性也造成一定影响。

我国是个多盐湖的国家, 这些盐湖分布于气候各异的不同地域环境, 有许多盐湖则处在人迹罕至的地域, 在这些盐湖中肯定蕴藏着比较丰富的嗜盐古菌资源。通过优化嗜盐古菌的分离、培养技术并运用多相分类方法系统地研究不同气候、不同地域高盐环境的嗜盐古菌区系, 必定能为进一步的嗜盐古菌理论和应用研究提供更多新的物种资源, 并且更加丰富嗜盐古菌的物种多样性, 更重要的是通过对嗜盐古菌))) 这一只能生存于高盐环境的生命现象的研究, 了解人类相关活动对盐湖生态系统的影响, 探索人类与其赖以生存的家园的和谐发展。

参 考 文 献

- [1] Grant WD, Kanekura M, McGenity TJ, et al. Class III. Halobacteria class. nov. In: Boone DR, Castenholz RW. Bergey's manual of systematic bacteriology, vol. II 2nd eds. New York: Springer, 2001, 294- 334
- [2] Xue Y, Fan H, Antonio V, et al. Halalkalicoccus tibetensis gen. nov., sp. nov., representing a novel genus of halobalkaliphilic archaea. Int J Syst Evol Microbiol, 200, 55: 2501- 2501

- [3] 郑喜玉, 张明刚, 徐 昶, 等. 中国盐湖志. 北京: 科学出版社, 2002
- [4] Gochner MB, Kushner DJ. Growth and nutrition of extremely halophilic bacteria. *Can J Microbiol*, 1969, 15: 1157- 1165
- [5] 周培瑾, 徐 毅, 马允卿, 等. 极端嗜盐菌 16S rDNA 的 PCR 扩增. *微生物学报*, 1991, 34(1): 6- 8
- [6] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 2004, 5: 150- 163
- [7] Rees HC, Grant WD, Jones BE, et al. Diversity of Kenyan soda lake alkaliphiles assessed by molecular methods. *Extremophiles*, 2004, 8: 63- 71
- [8] Hill TCJ, Walsh KA, Harris JA. Using ecological diversity measures with bacterial communities. *FEMS Microbiol Ecology*, 2003, 43: 1 - 11

Biodiversity of halophilic archaea isolated from two salt lakes in Xinjiang region of China

CUI Henglin^{1,2}, YANG Yong^{1,2}, DILBR Tohty³, ZHOU Peijun¹, LIU Shuangjiang^{1*}

(¹ Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China)

(² Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

(³ Department of Biology, Xinjiang Normal University, Urumqi 830053, China)

Abstract: There are more than 1000 salt lakes situated in northern and western regions of China and 790 of these salt lakes are in Xinjiang Uigur Autonomous Region and Qinghai, Tibet, Inner Mongolia. To better understand halophilic archaeal diversity of salt lakes in Xinjiang, water and sediment samples were collected from two salt lakes, namely Aibi salt lake and Aiding salt lake, and the halophilic archaeal diversity of these samples was determined. Totally eighty six halophilic archaeal strains, of which 56 isolated from Aibi salt lake and 30 isolated from Aiding salt lake, were isolated respectively using CM agar medium. All the strains were subjected to 16S rRNA gene sequencing analysis. Similarity analysis based on 16S rRNA gene sequences of all these strains indicated that the isolates from Aibi salt lake belong to 11 different species of genera *Haloarcula*, *Halobacterium*, *Halorubrum*, *Haloterrigena*, *Natronema* and *Natronorubrum*, and that the isolates from Aiding salt lake belong to 8 different species of genera *Haloarcula*, *Halobiforma*, *Halorubrum*, *Haloterrigena*, *Natronema*. Among the 86 strains, members of *Natronorubrum*, *Natronema*, *Halorubrum* and *Haloterrigena*, are dominant groups in Aibi salt lake. However, the dominant group in Aibi salt lake are the members of *Natronema*, *Halorubrum* and *Haloterrigena*. Phylogenetic analysis based on 16S rRNA gene sequences indicated that strains ABH13, ABH 14, ABH 15, ABH 18, ABH 31 and ABH 33 may represent a novel species of *Natronorubrum*; ABH12, ABH32 and AD30 two novel species of *Halorubrum*; ABH17 and ABH25, ABH51, ABH52, ABH56 two novel species of *Haloterrigena* respectively; strain ABH19 a novel species of *Haloarcula*; strain ABH07 a novel species of *Halobacterium*. The Shannon Wiener's index of Aibi salt lake is 11899, the same index of Aiding salt lake is 11317, which indicated that the biodiversity of halophilic archaea from Aibi salt lake was slightly higher than that of Aiding salt lake. Different characteristics in pH of salt concentrations, average annual precipitation, annual evaporation and mankind's impact on two salt lakes might play important roles on halophilic archaeal diversity of two salt lakes.

Keywords: Halophilic Archaea; Biodiversity; Aibi salt lake; Aiding salt lake

Foundation item: Key Project of National Programs for Fundamental Research and Development of China (2004CB719601)

* Corresponding author. Tel: 86_10_62527118; Fax: 86_10_62652317; E-mail: liusj@sun.im.ac.cn; cuihenglin@sohu.com

Received: 22 September 2005 Accepted: 19 October 2005 Revised: 18 December 2005

5 微生物学报6 真诚欢迎刊登广告

5 微生物学报6 (双月刊) 创刊于 1953 年, 由中国科学院微生物研究所和中国微生物学会主办, 是我国微生物学领域唯一的综合性学报级期刊和国家自然科学基金核心期刊, 被国内外多家重要的文摘刊物和数据库收录。

本刊历史悠久, 发行量大, 内容涵盖面广, 主要报道普通微生物学, 工业、农业、医学和兽医微生物学, 病毒学, 免疫学以及生物工程等方面的研究成果和科研进展。一直受到国内外科研工作者、高等院校师生和相关企业界的欢迎。

本刊可以为您定期发布与微生物学相关的试剂、药品、仪器、设备及生物技术等方面的产品信息, 可为您开拓在微生物学领域新的发展空间。另外, 与生命科学有关的各类服务信息也在本刊发布之列。

本刊态度严谨, 信守协议, 由中国科学院科学出版社广告部代理广告业务(广告经营许可证: 京东工商广字第 0034 号)。编辑部备有最新的期刊简介和报价单, 欢迎与我们联系。

电话/传真: (010)62630422; 电子信箱: actamicro@sun.im.ac.cn