微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
49(2):251 – 256;4 February 2009
ISSN 0001 – 6209;CN 11 – 1995/Q
http://journals.im.ac.cn/actamicrocn

广西水牛瘤胃中的细菌多样性

刘利[1,2],唐纪良[1],冯家勋[1*]
([1]广西大学生命科学与技术学院,广西亚热带生物资源保护利用重点实验室,南宁 530005)
([2]贺州学院,贺州 542800)

摘要:【目的】了解广西水牛瘤胃中细菌的组成及其可能的降解纤维素细菌的主要类群。【方法】提取水牛瘤胃内容物和高效降解滤纸的水牛瘤胃内容物的富集培养物的宏基因组 DNA,以宏基因组 DNA 为模板,扩增 16S rRNA 基因序列,构建该两种样品的细菌的 16S rRNA 基因文库。通过对 16S rRNA 基因序列的分析,了解这两种样品的细菌群体种类及数量。【结果】水牛瘤胃内容物与其富集培养物中均主要含有 LGCGPB (low G + C Gram-Positive Bacteria)、CFB (*Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides*) 两大类菌群和少数的螺旋体菌(*Spirochaetes*),且 LGCGPB 所占的比例都是最高的,LGCGPB 在水牛瘤胃内容物细菌中的比例为 56.66%,而在富集培养物细菌中的比例升高为 73.33%。在水牛瘤胃内容物中,丝状杆菌(*Fibrobacteres*)占 3.33%,但在富集培养物中未被检测到。而在富集培养物中占 13.33% 的变形杆菌(*Proteobacteria*),在水牛瘤胃内容物中未被检测到。本研究还发现了分类地位尚未明确的一菌群(R46)。【结论】细菌类群 LGCGPB、*Proteobacteria* 可能在水牛瘤胃中的纤维素降解过程中起重要作用。此外,水牛瘤胃中的细菌组成和牦牛、牛、羊瘤胃中的细菌组成较相似但比例有所不同。

关键词:瘤胃细菌;16S rRNA 基因;细菌多样性
中图分类号:Q938　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:0001-6209(2009)02-0251-06

水牛是我国南方主要的役用和肉用牛,在农业生产和肉制品加工行业中占有举足轻重的地位。我国南方约有 2000 多万头水牛,而绝大部分属于沼泽型。广西水牛普遍以甘蔗叶、稻草、玉米秸杆等富含纤维素的草料为食。水牛是典型的反刍动物,它们的瘤胃中存在大量能降解纤维素的微生物帮助宿主获得能量。反刍动物瘤胃是一个复杂特殊的生态系统,瘤胃微生物与宿主之间、微生物与微生物之间存在协同又制约的动态平衡关系。大部分瘤胃微生物目前还不能在实验室分离培养。

分子生物学技术的发展使得人们对生境微生物的组成、分布、丰度和动态等的研究更直接、更深入。16S rRNA 基因是原核生物进化的标尺[1],当前 16S rRNA 基因文库方法被广泛应用于各种环境的细菌菌群分析中。1999 年,Tajama 运用 16S rRNA 基因序列分析方法揭示了牛瘤胃细菌的多样性[2]。2007 年,石鹏君等的研究表明了寄主是影响山羊瘤胃细菌群落构成的重要因素,某些瘤胃细菌具有寄主特异性,其个体差异性更加说明了瘤胃微生物组成的复杂性[3]。我国学者已对荷斯坦奶牛[4]、黄牛(晋南牛)和牦牛[5]的瘤胃细菌多样性进行了分析,但对水牛瘤胃细菌多样性的研究却未见报道。

本研究运用 16S rRNA 基因文库方法分析广西水牛瘤胃中细菌的多样性以及稳定高效降解滤纸的

基金项目:国家自然科学基金(30560003);广西亚热带生物资源保护利用重点实验室开放课题(SB0708)
* 通信作者。Tel/Fax:+ 86-771-3239413;E-mail:jxfeng001@163.com。
作者简介:刘利(1974 –),女,湖南祁东人,硕士,主要从事微生物学研究。E-mail:lililaoshi163@163.com
收稿日期:2008-08-16;修回日期:2008-11-02

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac.cn

水牛瘤胃内容物的富集培养物中的主要细菌类型，同时也根据文库中 16S rRNA 基因序列出现的频率，比较这两个样品的细菌类群构成，推测水牛瘤胃中对纤维素降解起主要作用的细菌类群，并比较分析广西水牛瘤胃与其它反刍动物瘤胃的细菌多样性的差异。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 样品采集：2006 年 11 月在广西南宁市肉联厂屠宰场采集水牛瘤胃内容物样品作为研究对象。选择 12 头成年健壮的水牛，宰杀后立即用无菌保鲜袋分别收集它们的瘤胃内容物，带回实验室后，保存于 -20℃冰箱备用。据屠宰场工作人员介绍，这些水牛是南宁市郊区农户的役用牛，属于广西本地沼泽型水牛，喂的饲料主要为甘蔗叶和干稻草。

1.1.2 主要试剂：PCR 引物、PCR 试剂和酶均购自 TaKaRa 公司；pGEM-T Easy 载体购自 Promega；B 型小量 DNA 片段快速胶回收试剂盒购于北京博大泰克生物基因技术有限责任公司；Sephadex G200 和聚乙烯聚吡咯烷酮（PVPP，Polyvinypolypyrrolidone）购自 Sigma 公司；*E. coli* DH5α 由本实验室保存。

1.2 水牛瘤胃内容物的富集培养

将采集到的 12 个水牛瘤胃样品按 1∶40 的比例添加到含滤纸的 pH 6.7 的 G-S 培养基[6] 中，抽真空充入氮气后置于 37℃培养箱静置培养。于不同时间观察滤纸发生崩溃降解的情况，以滤纸条的崩解作为指示，并对滤纸崩解效果最好的培养物进行连续转接培养，待滤纸完全降解后即转接传代，直至获得稳定高效降解滤纸的富集培养物。

1.3 宏基因组 DNA 的提取与纯化

宏基因组 DNA 的提取按 Zhou 等[7] 的方法。分别对水牛瘤胃内容物及其富集培养物进行离心收集菌体，用提取缓冲液（Na_2HPO_4：100 mmol/L，pH 8.0；Tris-HCl：100 mmol/L，pH 8.0；EDTA：100 mmol/L，pH 8.0；NaCl：1.5 mol/L；CTAB：1%；SDS：2%）悬浮菌体。提取的总 DNA 的纯化和回收按 Feng 等[8] 描述的方法。

1.4 16S rRNA 基因文库的构建

根据文献报道选取引物 27f 和 1492r 扩增细菌的 16S rRNA 基因[9]，引物序列为：27f：5′-AGAGTTTGATCATGGCTCAG-3′；1492r：5′-TAGGGTTACCTTGTTACGACTT-3′。PCR 采用 50 μL 反应体系，以上述纯化的宏基因组 DNA 为模板，反应条件为：95℃ 5 min；94℃ 30 s，55℃ 30 s，72℃ 1.5 min，共 30 个循环；72℃ 10 min。用电洗脱法回收 PCR 产物，连接到 pGEM-T Easy 载体上并采用化学法转化到大肠杆菌 DH5α，构建水牛瘤胃内容物及其富集培养物的细菌的 16S rRNA 基因文库。

1.5 16S rRNA 基因序列测定和分析

随机挑取该水牛瘤胃内容物细菌 16S rRNA 基因文库的 60 个克隆及瘤胃内容物富集培养物的细菌 16S rRNA 基因文库的 30 个克隆，以 27f 为引物对克隆的 16S rRNA 基因测序一个反应。将细菌 16S rRNA 基因文库序列都输入 Ribosomal Database Project 中用 CHECK-CHIMERA 程序分析检查，以去除嵌合序列。用选取的 16S rRNA 基因的部分序列搜索 GenBank（http://www.ncbi.nlm.nih.gov/）。使用 Cluxtal1.83 软件对所克隆的 16S rRNA 基因部分序列及代表性细菌的 16S rRNA 基因序列进行多序列比对，在 MEGA2.1 软件中，用 Neighbor-joining 法[10] 选择 Bootstrap 为 1000 个重复构建进化树，并对所构建的树进行分析。将序列相似性达到 95% 以上的 16S rRNA 基因确定为同一操作分类单位（Operational Taxonomic Unit，OTU）[11]。

本研究所得到的 74 个 16S rRNA 基因部分序列在 GenBank 中的索引号为：EU981932-EU982005。

2 结果

2.1 水牛瘤胃内容物样品的富集培养与筛选

在对采集到的 12 个水牛瘤胃内容物样品分别进行富集培养时，我们观察到这 12 个样品均能使滤纸得到不同程度的崩解，其中有一个富集样品对滤纸的崩解效果是最高效稳定的，对该样品共转接了 6 次，且第四、第五、第六代富集培养物均保持了 40 h 就能使滤纸完全崩解的能力，因此选择该样品第六代富集培养物及其原始的瘤胃内容物用于构建 16S rRNA 基因文库。

2.2 16S rRNA 基因的扩增和 16S rRNA 基因文库的构建

分别以纯化后的水牛瘤胃内容物及其富集培养物的宏基因组 DNA 作为模板扩增 16S rRNA 基因，通过 PCR 均得到一条 1.5 kb 的特异产物。采用电透析法回收 PCR 产物，连接到 pGEM-T Easy 载体上并转化大肠杆菌 DH5α，分别构建了一个含 630 个克隆的水牛瘤胃内含物中细菌的 16S rRNA 基因文库（命名为 R）和一个含 450 个克隆的水牛瘤胃内含物第六代富集培养物样品的细菌的 16S rRNA 基因文

© 中国科学院微生物研究所期刊出版中心 http://journals.im.ac.cn

库(命名为 RE)。

2.3 水牛瘤胃内容物 16S rRNA 基因文库分析

随机挑选水牛瘤胃内容物中细菌的 16S rRNA 基因文库中的 60 个克隆(DH5α/pR01 ~ DH5α/pR60),用 27f 作引物测定重组质粒一端的序列。所得到的 60 个 16S rRNA 基因部分序列(620 bp)经 BlastN 比对,在 GenBank 中搜索到与各序列同源性最高的 16S rRNA 基因,将同源性比对结果相同的序列看作一个独立序列,共得到 56 个独立序列。把序列相似性大于 99.5% 的归为同一细菌的序列。结果发现这 56 个序列可以代表 51 个不同的细菌,其中 49 个(占 96.1%)序列的最高同源序列为来自牛瘤胃未培养细菌的 16S rRNA 基因。可见,水牛瘤胃中存在着大量的未培养细菌。只有 2 个序列与已知细菌的 16S rRNA 基因具有最高的同源性。其中序列 R11 与 *Fibrobacter succinogenes* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(99%),序列 R58 与 *Butyrivibrio fibrisolvens* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(98%),且 *F. succinogenes*、*B. fibrisolvens* 都是瘤胃中典型的纤维素降解菌。

用所得的水牛瘤胃细菌 16S rRNA 基因部分序列、富集培养物样品的 16S rRNA 基因部分序列和瘤胃中已知的代表性细菌的 16S rRNA 基因序列构建了遗传进化树(图 1)。从进化树上可看出,本工作所获得的细菌的 16S rRNA 基因位于进化树不同的分支上,说明水牛瘤胃中的细菌种类丰富。这些序列主要来源于 LGCGPB (the low G + C Gram-Positive Bacteria)(56.66%)、CFB (the *Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides*) (36.66%)、*Fibrobacteres* (3.33%)、*Spirochaetes*(1.72%),及通过 BlastN 序列比较分析,序列 R46 与 GenBank 中同源性最高的是 *Proteobacteria* 的 16S rRNA 基因(87%),故认为 R46 与目前 GenBank 中已知的菌群的亲缘关系较远。

2.4 水牛瘤胃内容物的富集培养物 16S rRNA 基因文库分析

通过对水牛瘤胃内容物的富集培养物细菌多样性的分析,可以了解瘤胃微生物在离开宿主影响时仍对降解纤维素(滤纸)起重要作用的菌群,这些菌群很可能在瘤胃中在纤维素降解过程中起重要作用。随机挑选水牛瘤胃内容物的富集培养物中细菌的 16S rRNA 基因文库的 30 个克隆(DH5α/pRE-1 ~ DH5α/pRE-30)进行测序分析,也是用 27f 作引物测定重组质粒一端的序列。同源性比对结果相同的序列看作一个独立序列,结果得到 18 个独立序列,把序列相似性大于 99.5% 的归为同一细菌的序列。结果发现这 18 个序列可以代表 16 个不同的细菌,其中 11 个(占 68.7%)序列的最高同源序列来自未培养细菌,有 5 个序列与已知细菌的 16S rRNA 基因具有最高的同源性。其中序列 RE4 与 *Desulfotomaculum kuznetsovii* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(99%),序列 RE11 与 *Clostridium saccharolyticum* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(99%),序列 RE13 与 *Pseudomonas* sp. 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(99%),序列 RE18 与 *Proteus mirabilis* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(100%),序列 RE19 与 *Streptococcus bovis* 的 16S rRNA 基因具有最高的同源性(100%)。

从进化树(图 1)上可看出,所获得水牛瘤胃内容物的富集培养物样品中的细菌的 16S rRNA 基因位于进化树不同的分支上,说明水牛瘤胃内容物的富集培养物的细菌具有一定的多样性。这些序列主要来源于 LGCGPB (73.33%)、CFB (10%)、*Proteobacteria*(13.33%)、*Spirochaetes*(3.33%)。

2.5 水牛瘤胃内容物及其富集培养物的主要细菌组成比较

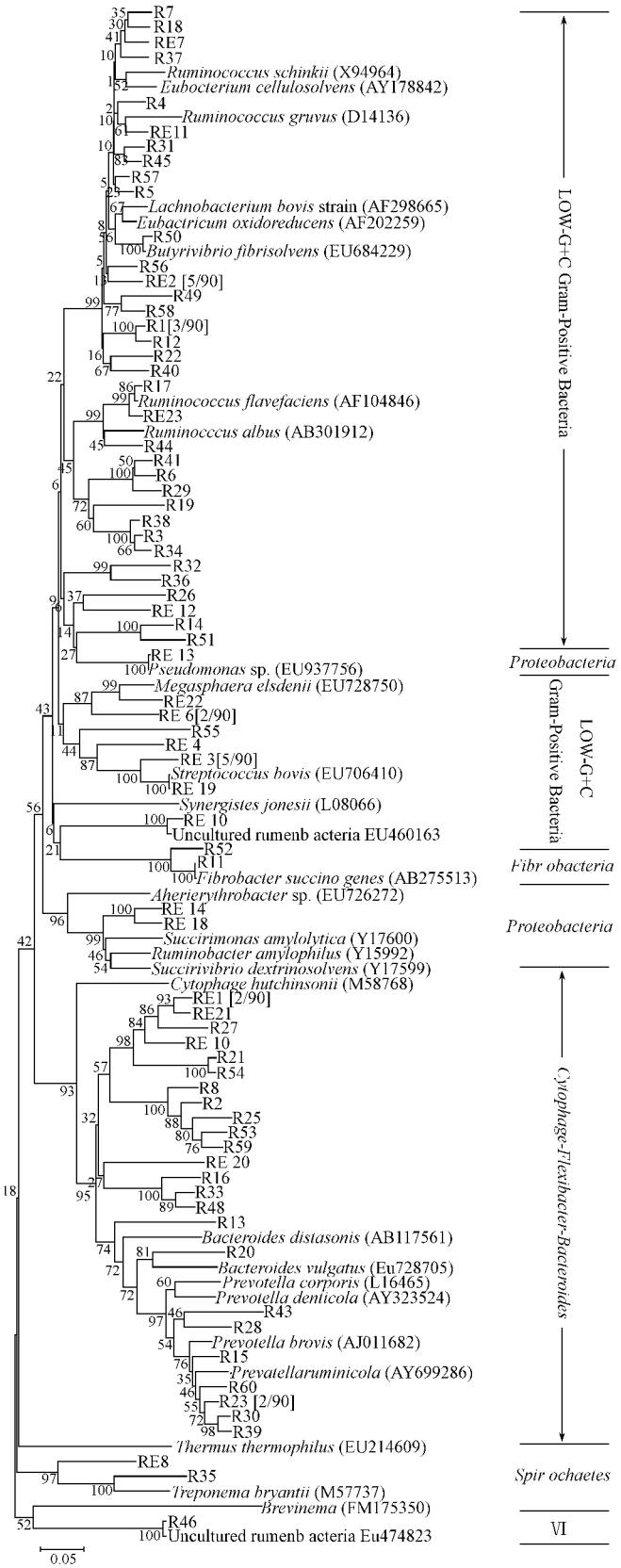
水牛瘤胃内容物与其富集培养物中均主要含有 LGCGPB、CFB 这两大类菌群和少数的螺旋体(*Spirochaetes*),且 LGCGPB 所占的比例都是最高的,LGCGPB 在水牛瘤胃内容物细菌中的比例为 56.66%,在富集培养物细菌中的比例提高到 73.33%。但在水牛瘤胃内容物中占 3.33% 的丝状杆菌(*Fibrobacteres*)和分类地位尚未明确的菌群 WJ 在富集培养物中没有被检测到。而在富集培养物中检测到的变形杆菌(*Proteobacteria*)占 13.3%,在水牛瘤胃内容物中没有检测到。推测在富集培养物中占优势的、且比例高于水牛瘤胃内容物的菌群 LGCGPB、*Proteobacteria* 可能在水牛瘤胃中的纤维素降解过程中起重要作用。

3 讨论

本研究分别构建了水牛瘤胃内容物及其稳定高效降解滤纸的富集培养物的 16S rRNA 基因文库,通过对文库中 16S rRNA 基因部分序列的分析,阐述了广西水牛瘤胃细菌的多样性以及稳定高效降解滤纸的水牛瘤胃内容物富集培养物中的主要细菌类群。

从所构建的系统发育树(图 1)可以看出,本研究所得到的 74 个 16S rRNA 基因序列分属 51 个 OTU 分类单位,比报道的荷斯坦奶牛瘤胃细菌[4]多

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac.cn



1 水牛瘤胃内容物及其富集培养物中的细菌 16S rRNA 基因序列构建的系统发育树

Fig.1 Phylogenetic tree constructed based on the 16S rRNA gene sequences of the bacteria in buffalo rumen contents and the enrichment culture. Numbers at nodes represent percentage levels of bootstrap support, based on a neighbour-joining analysis of 1000 resampled data sets. Accession numbers of nucleotide sequences are given in parentheses. Bar, indicates 5% sequence divergence.

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac.cn

样性(45 个 16S rRNA 基因序列分属 28 个 OTU)的菌群更丰富多样。水牛瘤胃内容物的细菌大部分为未培养细菌,未培养细菌的比例高达 96.1%。而其富集培养物中也有 68.7%的细菌是未培养的。本研究中还发现了分类地位尚未明确的一菌群(R46),它可能代表着潜在的新属。

瘤胃微生物菌群的数量及整个微生物区系的组成受到其年龄、健康状况、地理位置、饲料组成、季节等多方面的影响[2]。广西水牛瘤胃中的细菌的 16S rRNA 基因序列主要来源于 LGCGPB(56.67%)、CFB(36.67%)、*Fibrobacteres*(3.33%)、*Spirochaetes*(1.72%),该研究结果与 An 等[5]、Edwards 等[11]、Koike 等[12]的研究结果相似,其中 An 等[12]在其研究报道中阐述了中国牦牛瘤胃中的细菌的 16S rRNA 基因序列中属于 LGCGPB 类群的占 54.12%、属于 CFB 的占 30.93%、属于 *Fibrobacteres* 的占 3.09%、属于 *Spirochaetes* 的占 4.64%;中国晋南牛瘤胃中的细菌的 16S rRNA 基因序列中 LGCGPB 类群占 22.34%、CFB 类群占 39.59%、*Fibrobacteres* 类群占 3.55%、*Spirochaetes* 类群占 1.07%。Edwards 等人[11]在其报道中阐述了牛瘤胃中的细菌主要有 LGCGPB、CFB 组成,其中 LGCGPB 的比例为 54%,CFB 的比例为 40%。Koike 等人[12]报道在其所研究的羊瘤胃中,LGCGPB 和 CFB 所占的比例分别为 44%和 43%。比较这些动物代表性个体的瘤胃中的微生物类群的组成,水牛、牦牛、牛、羊瘤胃中的细菌组成主要类群较相似但比例有所不同。不同瘤胃中菌群的相似性说明了在漫长的进化过程中反刍动物与其瘤胃微生物之间具有特定的协同进化关系,而菌群存在的比例不同可能主要是因为寄主的影响。

水牛瘤胃内容物与其富集培养物的细菌种群的优势菌群比例有所不同。富集培养物中的 LGCGPB 比例提高了 16.6%,*Proteobacteria* 经过富集后成为了优势菌群,推测 LGCGPB、*Proteobacteria* 可能在水牛瘤胃中的纤维素降解过程中起重要作用。众所周知,瘤胃中含有丰富的纤维素降解细菌,本研究所得到的 R11、R52 和已知的瘤胃主要纤维素细菌 *F. succinogenes* 在同一个 OTU,R17、RE23 和已知的另一瘤胃主要纤维素细菌 *B. fibrisolvens* 在同一个 OTU。

水牛瘤胃内容物及其富集培养物中均含有拟杆菌 Bacteroidetes(CFB)和厚壁菌 Firmicutes(LGCGPB)这两类重要优势菌。Turnbaugh 等[13]的研究表明小鼠肠道微生物的拟杆菌(Bacteroidetes)和厚壁菌(Firmicutes)参与宿主的能量吸收和代谢。推测水牛瘤胃中的 Firmicutes 和 Bacteroidetes 也是参与宿主营养代谢的主要菌群。

参考文献

[1] Woese CR. Bacterial evolution. *Microbiological Reviews*, 1987,51:221 – 271.

[2] Tajama K. Rumen bacterial diversity as determined by sequence analysis of 16S rDNA libraries. *FEMS Microbiology Ecology*,1999,29:159 – 169.

[3] 石鹏君,柏映国,袁铁铮,等. 应用 *rpo*B 和 16S rDNA 基因的变性梯度凝胶电泳技术对山羊瘤胃细菌多样性的研究. 微生物学报(*Acta Microbiologica Sinica*),2007,47:285 – 289.

[4] 王远亮,杨瑞红,毛爱军,等. 采用未培养技术对荷斯坦奶牛瘤胃细菌多样性进行初步分析. 微生物学报(*Acta Microbiologica Sinica*),2005,45:915 – 919.

[5] An DD, Dong XZ, Dong ZY. Prokaryte diversity in the rumen of yak (*Bos grunniens*) and Jinnan Cattle (*Bos taurus*) estimated by 16S rDNA homology analyses. *Anaerobe*,2005,11:207 – 215.

[6] Garcia-Martinez DV, Shinmyo A, Madiu A, et al. Studies on cellulase production by *Clostridium thermocellum*. *European Journal Applied Microbiology Biotechnology*,1980,9:189 – 197.

[7] Zhou J, Bruns MA, Tiedje JM. DNA recovery from soils of diverse composition. *Appl Environ Microbiol*,1996,62(2):316 – 322.

[8] Feng Y, Duan CJ, Pang H, et al. Cloning and identification of novel cellulase genes from uncultured microorganisms in rabbit cecum and characterization of the expressed cellulases. *Appl Microbiol Biotechnol*,2007,75:319 – 328.

[9] Lane DJ. 16S/23S rRNA sequencing. In: Stackebrandt and M. Goodfellow (ed.), Nucleic acid techniques in bacterial systematics. United Kingdom: John Wiley & Son, Chichester,1991,pp115 – 175.

[10] Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology Evolution*,1987,4:406 – 4251.

[11] Edward JE, McEwan NR, Travis AJ, et al. 16S rDNA library-based analysis of ruminal bacterial diversity. *Antonie van Leeuwenhoek*,2004,86:263 – 281.

[12] Koike S, Yoshitani S, Kobayashi Y, et al. Phylogenetic analysis of fiber-associated rumen bacterial community and PCR detection of uncultured bacteria. *FEMS Microbiology Ecology*,2003,229:23 – 30.

[13] Turnbaugh PJ, Ley RE, Mahowald MA, et al. An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest. *Nature*,2006,444:1027 – 1131.

© 中国科学院微生物研究所期刊出版编辑部 http://journals.im.ac.cn

Bacterial diversity in Guangxi buffalo rumen

Li Liu[1,2], Jiliang Tang[1], Jiaxun Feng[1]*
([1] College of Life Science and Technology, Guangxi University, Guangxi Key Laboratory of Subtropical Bioresources Conservation and Utilization, Nanning 530005, China)
([2] Hezhou College, Hezhou, Guangxi 542800, China)

Abstract: **[Objective]** To analyze the diversity of bacterial community in Guangxi buffalo rumen and to identify the possible cellulolytic bacterial group. **[Methods]** Metagenomic DNAs were isolated directly from a buffalo rumen and its enriched culture, and were used as PCR templates to amplify 16S rRNA genes. Two libraries carrying 16S rRNA genes of bacteria in the two samples were constructed. The bacterial community composition was revealed by the constructed phylogenetic tree of known sequences and the sequences randomly selected from the libraries. **[Results]** We found that both samples contained low G + C Gram-positive bacteria (LGCGPB) and *Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides* (CFB) phyla as the majorities, and *Spirochaetes* as the minorities. LGCGPB accounts for 56.66% and 73.33% of the bacterial communities in buffalo rumen and its enriched culture. We detected *Fibrobacteres* in the rumen sample (3.33%) but not in the enriched sample. Furthermore, we found *Proteobacteria* as a major component in the enrichment (13.33%) but not in the rumen sample. Clone R46 was not clustered into any known phyla and might belong to a novel taxonomic group. **[Conclusion]** The LGCGPB and *Proteobacteria* may play important roles in the hydrolysis of cellulose in buffalo rumen. The bacterial composition in the rumen of buffalo is quite similar to those in the rumen of yak, cattle and sheep.

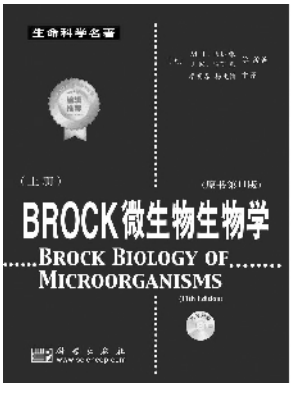
Keywords: rumen; 16S rRNA gene; bacterial diversity

(本文责编 :张晓丽)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (30560003) and the Open Project of Guangxi Key Laboratory of Subtropical Bioresources Conservation and Utilization (SB0708)

* Corresponding author. Tel/Fax: + 86-771-3239413; E-mail: jxfeng001@163.com

Received: 16 August 2008/Revised: 2 November 2008



科学出版社新书推介(2008-12)

Brock 微生物生物学(上下册,含光盘)(译)
(美)M.T.马迪根 J.M.马丁克 等编著 李明春 杨文博 主译
978-7-03-021262-7 ￥248.00 2008 年 12 月 出版

内容简介 《Brock Biology of Microorganisms》是美国优秀的微生物学教材。该书自 1970 年第 1 版到 2006 年已修改至第 11 版,具有 36 年的历史。它以新颖、先进、严谨的内容、丰富精美的图片、启发式的知识结构和巧妙的构思,赢得了广大师生的青睐。

本书知识内容博大精深,从微生物学基础,进化微生物学和微生物多样性,代谢多样性和微生物生态学,免疫学、致病性和宿主反应,微生物疾病,工业微生物学等六部分入手,详尽地介绍了微生物的结构、营养、代谢、遗传、生长和调控、主要的微生物疾病、微生物多样性、微生物生态、微生物进化等内容。

本书具有全面性、系统性和广泛性等特点,内容丰富、阐述清晰、简明易懂,条理性强、可读性强。可作为综合性大学、医学院校、农林院校、轻工业院校等生命科学、医学、药学等各专业教师和学生及相关研究人员学习微生物学时的参考用书。

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 http://journals.im.ac.cn