

脱落,造成大量落果。再如坏损假尾孢[*Pseudocercospora destructiva* (Ravenal) Guo & Liu]引起的黄杨灰斑病,是公园、庭院、街道绿地的常见病害,可使病叶枯萎,大量凋落,严重时可使植株成片死亡等。

秦岭地区半知菌的研究,不仅可了解该地区的真菌资源,为病害防治、品种选育、植物布局、植物检疫提供信息,也为真菌演化积累了资料。

小克银汉霉属(毛霉目) II.

黄 河 毛伟敏 郑儒永

(中国科学院微生物研究所真菌地衣系统学开放研究实验室,北京 100080)

THE GENUS *CUNNINGHAMELLA* (MUCORALES) II.

Huang He Mao Wei-min Zheng Ru-yong

(Systematic Mycology & Lichenology Laboratory, Institute of Microbiology,
Academia Sinica, Beijing 100080)

以下汇报用现代生物学技术进行小克银汉霉属(*Cunninghamella*)分类的情况:

蛋白质和酶部分,进行了聚丙烯酰胺凝胶电泳的测定。蛋白质凝胶电泳图可划分为8种图型并将小克银汉霉属的8个种和变种区分开。酯酶同工酶谱也证明不同种的谱带类型不同,并与蛋白质图谱一样,种内图型基本上一致,而因带较少,分得更为明显。对有的种两种图谱均有分为亚型的可能,如 *C. elegans*,测试的6株菌基本相似但又有差别而成2类并与形态特征有联系;有分为2个变种的可能。另一方面,种的范围较大,如 *C. echinulata*,则种内的一致性较差,表现了株间的变异,但图型仍与其它种不同,保持了种的特异性。

核酸部分,进行了DNA碱基组分、DNA同源性、rDNA ITS段的长度和RFLPs的测定。证明了小克银汉霉属3个种的碱基在28.8%左右,是毛霉目中最低的,可与其它属相区别,但种间仅差1%,不宜用来区分种。DNA同源性方面,通过固相膜的DNA-DNA杂交,证明同种的探针与同种其它株DNA也有较高的同源性,只是探针要有种的特异性,如特异性不强或只有株的特异性都不适宜于用作区分种的探针。对9个种和变种22株菌的rDNA ITS段进行PCR扩增,证明小克银汉霉属内不同种rDNA的ITS段长度有明显差别,种内株间则较一致。9个种和变种可分为3类,最小的为 *C. homothallica* 一个种,只有690 bp;其次在725-790 bp之间有5个种,依次为 *C. elegans* 730 bp, *C. phaeospora* 735 bp, *C. clavata* 750 bp, *C. polymorpha* 770 bp, *C. Blakesleeana* 775 bp。第三类片段长度850-920 bp,明显大于前两类,有3个种,依次为 *C. brunnea* 850 bp, *C. echinulata* var. *echinulata* 890 bp, *C. echinulata* var. *bainieri* 915 bp。ITS长度变异通常被认为是属间差异,表现在小克银汉霉属则为种间不同,可能是这个属的特征,有助于用ITS长度来区分种,特别是ITS最长和最短的几个种。第二类的 *C. elegans* 与 *C. phaeospora*, *C. polymorpha* 与 *C. blakesleeana* 相互不易分开,但借助于限制性内切酶,

从它们的 RFLPs 可将上述两对菌彼此区分开来。如 *C. elegans* 与 *C. phaeospora* 的 Tru91 和 HinfI 酶切图谱, *C. polymorpha* 与 *C. blakesleeana* 的 HinfI 与 TaqI 酶切图谱均有差异, 可将它们明确划分。新变种 *C. phaeospora* var. *multiverticillata* 与其原变种的模式在形态上相近但又有差异, 它们在 ITS 区的 RFLPs 也不一样。

上述研究, 基本上与此属的形态学研究是一致的。

有机物厌氧降解过程中产酸菌的分类学研究

凌代文等

(中国科学院微生物所一室 121 组)

STUDIES ON THE TAXONOMY OF ACID-PRODUCING BACTERIA IN THE ANAEROBIC DEGRADATION OF ORGANIC MATERIAL

Ling Dai-wen et al.

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

I. 双歧杆菌属分类学的研究 (凌代文、周岩)

对厌氧降解反应器内及婴儿、成人和动物粪便中分离到的 59 株双歧杆菌菌株 (包括 15 株国外标准菌株) 进行了形态、生理生化及抗菌素 MIC 试验。通过计算机比较了 75 项性状, 进行了数值分类。以不加权平均链锁聚类方式进行簇群归类, 划分成 6 个聚类群及数个亚群。选择分布于几个簇群中有代表性的菌株进行了 DNA 的 GC 含量测定和胞壁的组分分析。根据 16SrRNA 可变区序列的研究, 以 PCR 方法合成的生物素标记的探针, 研究了一些菌的种内和种间 DNA 片段的同源性。结果表明试验的双歧杆菌菌株同源性较高, 但种内与种间仍显示出差别。这项工作也为研究双歧杆菌及其相关属的自然进化关系提供了可借鉴的方法和数据。工作中我们从前人未研究过的厌氧消化器及某些宿主肠道中分离到某些双歧杆菌, 按其特征与已报道的种比较可能是新种。

II. 丙酸杆菌属的分离和鉴定 (谭蓓英、陈敏)

从不同来源的乳品中分离到三株丙酸杆菌 PTC 1-3, 经形态、生理生化及 DNA 的 GC 含量测定, 鉴定 PTC-1 为费氏丙酸杆菌谢氏亚种, PTC-2.3 为费氏丙酸杆菌费氏亚种。

III. 产乙酸菌的分离和鉴定 (梁家、苏京军等)

从处理豆腐废水的上流式厌氧污泥床反应器和酿酒厂窖泥、池塘淤泥分离到产己酸的细菌, 鉴定为克氏梭菌菌株 M2。试验在不同窖泥中添加该菌株培养物, 35℃ 培养后, 窖泥中己酸含量是对照的 1—5 倍, 而丁酸与己酸比明显降低。

IV. 厌氧丁酸降解细菌的研究 (东秀珠、屠雄海和程光胜等)

由处理啤酒厂废水的厌氧消化器颗粒污泥中分离和纯化了一个能厌氧降解丁酸产生甲烷的共培养物 BF₂。BF₂ 可降解包括异丁酸在内的含 4—18 个碳原子的脂肪酸。以巴豆酸为底物, 成功地将 BF₂ 分离为专性质子还原产乙酸细菌沃尔夫互营单胞菌嗜脂肪亚种菌