NATIONAL BUREAU OF AGRICULTURALLY IMPORTANT MICROORGANISMS

राष्ट्रीय कृषि उपयोगी सूक्ष्मजीव ब्यूरो

Understanding and conserving our national heritage of agriculturally important microorganisms

NEWSLETTER

Volume - VII

July - December 2008

NBAIM Microbial Culture Collection

The culture collection at NBAIM preserves and conserves the microbial diversity of the country. The collection is enriched every year through isolation efforts made at the Bureau, deposits from organizations or research workers through out the country and repatriation of cultures of Indian origin. The collection has wide diversity of fungi and includes more than 700 species belonging to 250 genera. Likewise the bacterial collection has more than 100 species belonging to 35 genera.

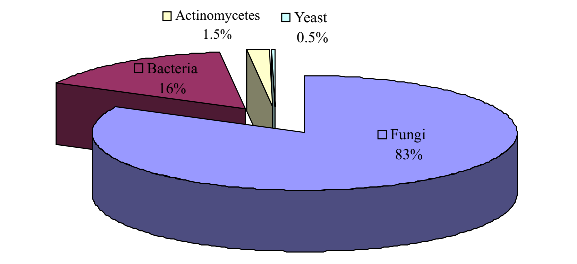


Fig. : Diversity of microbes in culture collection

In order to assess the microbial diversity of different regions in India, surveys were conducted for collecting soil, plant and water samples. A total of 210 bacteria, 123 fungi and 98 actinomycetes were isolated.

Surveys undertaken

- Different regions of Indo Gangetic Plains
- Cold desert of Leh
- Mangrove ecosystem of Gujarat, Goa, Orissa and Maharashtra
- Farmer's field at Lal Kuan-Uttrakhand irrigated with paper mill effluent

- An oligonucleotide 50 mer probe for identification of genus *Bacillus* was designed from the internal conserved regions of 16S rDNA following alignment of 16s rDNA sequences of *Bacillus*, *Bacillus* derived genera and *Bacillus* related genera. The probe is non-radioactively labeled and is in the process of validation for its sensitivity and specificity.

- Diversity analysis of *Bacillus* and fluorescent *Pseudomonas* in Northern Indo- Gangetic plains revealed species richness of these two genera in the country. Functional diversity with regards to production of IAA and siderophore, and P-solubilization revealed that over the years there has been enrichment of species of *Bacillus* and *Pseudomonas* that have lost PGP traits.

Salt tolerant PGPR identified

Bacterial inoculants developed to alleviate the harmful effect of salinity for enhanced growth and yield of wheat in saline soils were identified through sequencing of 16S rDNA and the sequences were submitted to NCBI GenBank : *Bacillus pumilus* (EU927407), *B. aquimaris* (EU927408), *B. arsenicus* (EU927409), *Arthrobacter* sp. (EU927410), *Bacillus cereus* (EU927411), *Pseudomonas medicona* (EU927412), *Bacillus subtilis* (EU927413), *Bacillus pumilus* (EU927414) and *Bacillus aquimaris* (EU927415).

Bacterial cultures identified through 16S rDNA sequencing

Alteromonadales bacterium, Arthrobacter sp., *Bacillus aquimaris, Bacillus arsenicus, Bacillus asahii, Bacillus cohnii, Bacillus djibeloresis, Bacillus drentensis, Bacillus fumarioli, Bacillus niacini, Bacillus oleronius, Bacillus senequalensis, Bacillus sporothermodurans, Bacillus cereus, Bacillus humi, Bacillus pumilus, Bacillus subtilis, Bacillus thuringiensis, Chromohalobacter salexigens, Halomonas* sp., *Halomonas variabilis, Marinobacter alkaliphilus, Marinobacter aquaeolei, Marinobacter hydrocarbonoelasticus, Nitrinicola lacisaponensis, Pseudomonas medicona, Streptomyces* sp., *Streptomyces variabilis*

Sequences submitted

The Bureau submitted about 50 16S rDNA sequences of some novel strains of bacteria to NCBI GenBank and accession numbers were obtained.

- Irrigation of field soils with effluent from paper and pulp industry has a detrimental effect on the PGP attributes of *Bacillus* species. It led to the enrichment

of species that do not produce IAA or solubilize phosphorus. Based on sequencing of 16S rDNA the isolates in effluent treated soils were identified are *Bacillus humi, B. drentensis, B. asahii, B. cohnii, B. pumilus, B. niacini, B. djibeloresis, B. fumarioli, B. senequalensis, B. oleronius, and B. sporothermodurans.*

- Bacteria capable of growing at 20% NaCl and pH 12 were isolated from Sambhar salt lake. The molecular analysis clustered the bacteria into 29 groups and the sequencing of 16S rDNA led to the identification of some of the bacterial species that are reported for the first time in India.

Novel strains of bacteria identified from Sambhar lake

Halomonas sp., *Marinobacter alkaliphilus, Marinobacter hydrocarbonoelasticus, Halomonas variabilis, Alteromonadales bacterium, Nitrinicola lacisaponensis, Bacillus thuringiensis, Chromohalobacter salexigens, Marinobacter aquaeolei, Ochrobactrum* sp., *Micrococcus sp., Tsukamurella* sp., *Bacillus horikoshi , Micrococcus luteus.*

- Mangrove ecosystem of Pullicat, Tamil Nadu was found to have bacteria and fungi capable of growing at 15-20% NaCl and 8% NaCl concentration respectively.

Novel Psychrophilic fungi

Psychrophilic fungi capable of growing at 4^{0}C were isolated from cold deserts of Leh. Novel psychrotolerant species of fungi viz. *Thelobacter* sp., *Asordina sibutii*, *Geomyces* sp., *Penicillium* sp., *Ulocladium consortiale* and *Ulocladium* sp. were identified. Some of the species are reported for the first time in India.

- An allele specific PCR assay and a hybridization assay were developed for the identification of plant pathogenic fungi *Fusarium udum*. Based on the sequence data from Topoisomerase-II gene (a house-keeping gene), a pair of oligonucleotide primer (FUTF 5'-CCGCCAGAGGACTATCAAAC-3') and FUTR 5′-CGTCCGAAGCGAGGTGTATT-3') and a 21 mer oligonucleotide probe (5'-AGCAAATGCAAACTGGGTGAGG-3′) were designed. Under optimised condition the probe hybridised exclusively with DNA from *Fusarium udum* strains. The assay appears to be a reliable tool for the detection of *Fusarium udum* and may have various applications in the diagnostics of plant pathogenic fungi.
- From mangrove ecosystem of Gujarat different morphotypes of actinomycetes were isolated. All the isolates could grow up to 2% NaCl, where as only 2

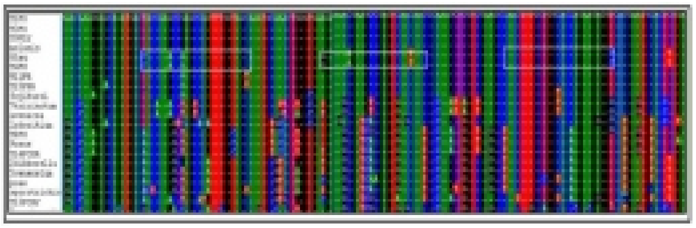


Fig. : Multiple sequence alignment of Topoisomerase-II gene sequences of *Fusarium* spp. Three variable regions are shown in blocks. Variable region 1 was used to pick up forward primer, Variable region 3 was used for reverse primer and Variable region 2 was used to pick up a oligonucleotide probe.

isolates S7 and S17 could grow at 10% NaCl concentration. Interestingly, these two isolates were obtained from the rhizosphere of *Salicornia*, a succulent halophyte, which grows in salt marshes, on beaches, and among mangroves. Six out of 21 isolates were positive for plant growth promotion traits like siderophore production and phosphate solubilization. RFLP analysis of amplified 16S rDNA using three restriction endonucleases viz., *Taq*I, *Msp*I and *Hae* III clustered the actinomycetes isolates into 18 groups.

- A total of 166 methylotrophs were isolated from the soil and plant samples. Crops like rice and sugarcane harbors greater diversity of methylotrophs as compared to cucurbits and vegetable crops. In general, phyllosphere of crop plants supported higher population as compared to rhizosphere. Besides pink-pigmented methylotrophs, bacteria with yellow, blue and purple pigmentation were also isolated. Non-pigmented methylotrophs were invariably isolated from all samples. From the rhizosphere of *Salicornia*, methylotrophs that grows profusely at 6% NaCl were isolated and may have a role in the establishment of this plant in saline soils. Of the total isolates, 43 were found to be good P-solubilizers. This is the first systematic diversity analysis study on methylotrophs in the country and would lead to the identification of many novel species. These methyotrophs are in the process of characterization for their proper utilization in agriculture.

First Bacterial Genome Sequencing Project

The complete sequencing of genome of chickpea *Rhizobium* strain Ca 181 is in progress at the Bureau. This is the first attempt in the country to sequence the complete bacterial genome. Short fragment genomic DNA library in pUC 18 was prepared and 10000 clones were picked. The sequencing of the inserts is in progress.

- The long term irrigation of agricultural fields with anaerobically digested molasses based distillery effluent in Gajraula, Western Uttar Pradesh, caused significant increase in microbial biomass carbon to microbial biomass nitrogen ratio ($C_{mic} : N_{mic}$) from 3.72 to 6.48 in *kharif* season and from 4.34 to 7.62 in *Rabi* season. The $C_{mic} : N_{mic}$ ratio is often used to describe the structure and the state of the microbial community. A high $C_{mic} : N_{mic}$ of 7 - 12 indicates that the microbial biomass contains a higher proportion of fungi, whereas a low value of 3 – 6 suggests that bacteria predominate in the microbial population. In the present study the $C_{mic} : N_{mic}$ varied between 3.72 to 7.62 in effluent irrigated soils. The increase in $C_{mic} : N_{mic}$ suggests shift in bacterial community structure. The community level physiological profiling of soil microbes using BIOLOG showed significant shift in C utilization pattern of effluent irrigated soils over the control soil. Principal component ordination diagram from 31 C source utilization pattern showed clear separation of different C utilization. C sources Glycogen, α- D–Lactose, β-Methyl-D- Glucoside, D-Mannitol, D-Galactonic Acid Lactone and l-Arginine in particular showed more variation than other types of carbons.
- Long term application of pulp and paper mill effluent in agricultural soils led to an increase in the population of Gram positive bacteria. Among Gram positive bacteria, actinomycetes population showed more dominance. Based on morphological studies, 45 actinomycetes isolates were selected and were found to produce xylanase (85-290 IU ml^{-1} min^{-1}), amylase (135-343 IU ml^{-1} min^{-1}), cellulase (28-70 IU ml^{-1} min^{-1}) and protease (90-175 IU ml^{-1} min^{-1}). 16S rDNA PCR-RFLP analysis of selected actinomycetes using three different restriction endonucleases *Mbo*I, *Dde*I and *Taq*I grouped 45 isolates into 12 clusters, of which 6 clusters were unique for the isolates from effluent irrigated soil, whereas only 2 clusters were unique for the isolates from control soil.

Brainstorming Session on 'Agricultural Sustainability through Microbial Biotechnology: Novel and Innovative Concept'

Microorganisms represent by far the richest repertoire of molecular and metabolic diversity in nature. They underlie basic ecosystem processes such as the biogeochemical cycles and food chains, as well as maintain vital and often elegant relationships between themselves and higher organisms. The enormous functional diversity across the country needs to be deciphered and utilized to interweave microbes in agriculture and allied sectors. Hence, it is necessary to explore, preserve, conserve and utilize the unique microbial flora of our country for fulfilling the emerging food and nutritional needs, clean environment and improved soil health for sustainable production.

Every microbial genome that has been sequenced to date has provided new insight into biological processes, activities, and potential of these species that was not evident before the availability of the genome sequence. Sequence databases and comparative tools are now more easily accessible and allow for successful comparisons of different genomes, the identification of metabolic pathways and the analysis of transporter profiles across various species. Most significantly, the tremendous success of genome sequencing has allowed us to pursue other avenues where we can now derive genomic information from the multitudes of uncultivable prokaryotic species and complex microbial populations that exist in nature. The identification of new genes from indigenous microbes will help in development of transgenic crops tolerant to abiotic and biotic stress.

Under this backdrop, the National Academy of Agricultural Sciences (NAAS) organized a brainstorming session on "Agricultural Sustainability through Microbial Biotechnology: Novel and Innovative Concept" with Dr. Dilip K. Arora, Director NBAIM as the convener. About sixty microbiologists, plant pathologists, molecular biologists and policy makers participated in the deliberation.

In inaugural address, Dr. P.L. Gautam, DDG (Crop Science) felt that greater thrust has to be given on microbial genomics. He emphasized that the ICAR Network project on 'Application of Microorganisms in Agriculture and Allied Sectors' (AMAAS) was launched to answer many questions at one platform. He expressed his concern over the deterioration of microbial diversity due to management practices and urged the

microbiologists to identify new variants of microbes that are now extinct. The importance of National Genomic Resource Centre in future was highlighted. Dr. S. Ayyappan, DDG (Fisheries) discussed about the success of microbes in improving the crop productivity, importance of microbes isolated from extreme environments and metagenomic approach to study unculturable microbes and aquatic microbes. Dr. H.P. Singh, DDG (Horticulture) stated that microbes can play a challenging role for increasing the productivity of horticultural crops and microbe- based technologies in the form of product should be made available in the country. Dr. T. P. Rajendran emphasized the need for considering IP aspects of microbial research. Dr. D.K. Arora, Convener made an overall presentation for the issues to be discussed in the brainstorming session. The brainstorming session had four theme areas: "Microbial Structural and Functional Genomics – Novel and Innovative Concepts"; "Role of Microbes as Nutrient Mobilizers"; "Biofuel, Bioenergy and Bioeconomy: Role of Microbes and Agrowaste Management" and Value Added Products: Challenges Ahead". The session had nine key presentations by lead speakers (Dr. Sarvjeet Kaur, Dr. A.K. Saxena, Dr. Prince Sharma, Dr. K.V.B.R. Tilak, Dr. B. Venkateswarlu, Dr. K. Ramasamy, Dr. D.W. Dhar, Dr. V. C. Kalia and Dr. R.H. Balasubramanya), followed by panel discussion in an interactive mode among all the participants. The detailed recommendations emerging from the deliberations will be brought out in the form of a policy paper. The Chairman concluded the session with the following remarks:

- A database of microorganisms those are tolerant to biotic and abiotic stresses should be developed for proper utilization of microbes.
- HRD to be developed in the area of gene mining from microorganisms and allele mining from unculturable microbes.
- Major strategic actions flagged were: (i) Structural and functional analysis of microbial diversity for its utilization in agriculture and allied sectors, (ii) Mining of genes from microorganisms for tolerance to abiotic and biotic stress; (iii) Bio-prospecting of unexplored microbes for relevant genes (iv) Development of microbial consortium for utilization of lignocellulosic residues for energy conversions and for rapid composting of crop residues.

Six monthly Review Meeting of ICAR Network Project on 'Application of Microorganisms in Agriculture and Allied Sectors'

The Six monthly Review Meeting of ICAR Network Project on 'Application of Microorganisms in Agriculture and Allied Sectors' was held on October 21, 2008 under the chairmanship of Dr. Dr. T.P. Rajendran, ADG (PP). The meeting was attended by Dr. D.K. Arora, Director NBAIM and National Coordinator, AMAAS project and PI and Co-PI of the various projects under the themes 'Microbial Diversity and Identification', 'Nutrient Management, Biocontrol and PGPR'; and 'Microbial Genomics'. Dr. Arora made a comprehensive presentation of the significant research achievements of the AMAAS project during March – September, 2008. Dr. T.P Rajendran addressed the meeting and gave his remarks on the progress of the project. Theme wise presentations were made for each theme and were followed by individual presentations of different centres. The next meeting for the two themes: 'Agrowaste Management, Bioremediation and Microbes in Post harvest' and 'Microbial Management of Abiotic Stress' is scheduled to be held on January 28, 2009.

Trainings Organized

1. National training program on "DNA Sequencing and Microbial Identification" was organized from September 1-7, 2008. It was attended by 40 participants from different ICAR Institutes/SAUs/ Universities. The major objectives of the training were

- Isolation of genomic DNA from different groups of microbes.
- PCR amplification of 16S rDNA from selected bacteria and actinomycetes; and ITS or 28S rDNA from fungi.

- Microbial identification based on gene sequencing: 16S rDNA-based microbial identification for bacteria and actinomycetes and 28S rDNA-based microbial identification for fungi and yeasts.
- Compilation of forward and reverse DNA sequences into a consensus sequence .
- Sample comparisons by means of a phylogenetic tree and sample comparison to GenBank, an international DNA sequence database.
- Bioinformatic tools used in microbial sequencing analysis.

2. National Training on "Microbial Chemical Taxonomy: Polyphasic Approaches" was conducted from 20th – 29th September 2008. It was attended by 35 participants from different Institutes/Universities and has the following objectives:

- Identification and characterization of agriculturally important microorganisms (AIMs) based on molecular techniques.
- Biochemical characterization and identification of AIMs based on Carbon Utilization Pattern (BIOLOG).
- Serological/Immunological differentiation among microbes.
- Protein profiling/FAME and its use in microbial identification.
- Bioinformatics tools used for microbial identification and classification.

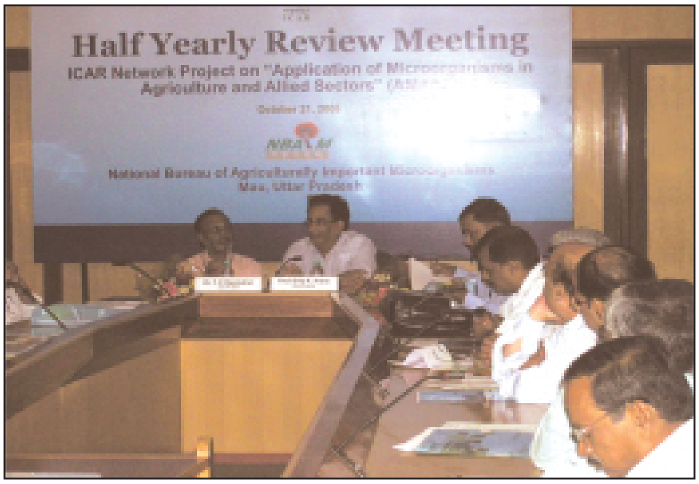
Meetings Attended:

- Attended the second meeting of the **"Expert Committee on Soil, Sediment and Microbial Diversity"** at National Biodiversity Authority (NBA), Chennai on 21.07.2008.
- Attended the consultative meeting with stakeholders at CSIR Science Centre, New Delhi on 25.07.08.
- Attended the ASRB Selection Committee meeting on 29.07.08 at New Delhi.
- Attended the third and final meeting of the **Expert Committee on Soil, Sediment and Microbial Diversity"** on 20.08.08 at NBA, Chennai.
- Attended one day training programme on **"Biodiversity Standards and Digitization of Natural History Collections and Data Cleaning"** held at NBRI, Lucknow on 22nd August 2008
- Invited lecture at Burdwan University, Burdwan on 22-23 September 2008.
- Attended the brain storming session at NBFGR, Lucknow on 22.09.08.
- Attended the meeting of Expert Committee for evaluation of full proposals of the NRM (Plant, Soil, Water Management & Microbes) group of projects under the component 4 of the NAIP on 26.09.08.
- Attended the Brainstorming session on 'Inputs to Convention on Biological Diversity (CBD) Secretariat on Issues of Access and benefit Sharing (ABS)' on 4th October 2008 at NBPGR, New Delhi.
- Attended the RPC meeting for the NAIP project at Chennai on October 16-17, 2008.
- Attended the 5th Dr. P. K. De Memorial Lecture held on 25th October 2008 at NBSSLUP, Kolkata
- Attended the XIX meeting ICAR Regional Committee at IIVR, Varanasi on 21-22 November 2008.
- Attended the ASRB Selection Committee Meeting on 03.12.2008 at New Delhi.
- Attended ICAR Training – cum – Workshop on IP and Technology Management scheduled at NBFGR, Lucknow on 18-20th December 2008

Meetings Organized

- Organized a National Training Programme on **"DNA sequencing and Microbial Identification"** from September 1-7, 2008.
- Organized a National Training Programme on **"Microbial Chemical Taxonomy: Polyphasic Approaches"** from September 20-29, 2008.
- Organized the Half Yearly Review meeting of the project **"Application of Microorganisms in Agriculture and Allied Sectors"** on 21.10.08 at NASC, New Delhi.
- Organized the First Pre QRT meeting of the NBAIM at ICAR, Krishi Bhavan, New Delhi on 23.10.08.

- Organized one day brain storming session on **"Agricultural Sustainability through Microbial**



Publications

Research Paper

Bandamaravuri Kishore Babu, S.S. Reddy, Mukesh K. Yadav, M. Sukumar, Vijendra Mishra, A.K. Saxena and Dilip K. Arora (2008)Genetic diversity of *Macrophomina phaseolina* isolates from different agroclimatic regions of India by using RAPD markers, Indian J. Microbiology (Accepted).

Atul K. Singh, Binu M. Tripathi, Harmesh Sahay, Ram Nageena Singh, Rajeev Kaushik, A. K. Saxena and Dilip K. Arora (2008). Biochemichal and Molecular Characterization of thermo-alkali tolerant Xylanase producing Bacteria from thermal springs of Manikaran. Indian Journal of Microbiology (Accepted).

Sudhir K. Upadhayay, Shweta Tiwari, Brijendra K. Kashyap, Bharat Misra, Rameshwar Tiwari, Rajeev Kaushik, D.P. Singh, A.K. Saxena and D.K. Arora (2008). Utilization of salt tolerant PGPR for improving the productivity of wheat crop under saline conditions. World Journal of Microbiology and Biotechnology (Under Revision).

Singh, A., Sahay, H., Kaushik, R., Saxena, A.K. and Arora, D.K. (2008). Optimization of -amylase production from a moderately thermophilic *Micrococcus* sp. Bioresource Technology (Comm.)

Singh, D., Vardhan, S., Singh, R., Singh, R.N., Singh, B.P., Kaushik, R., Saxena, A.K. and Arora, D.K. (2008). Predominance of opportunist human pathogens in Rajgiri thermal springs, India. Indian Journal of Microbiology (Comm.)

D.Praveen Kumar, Rajesh Kumar Singh, Anupama P.D, Sudheer Kumar, Alok K Srivastava and Arora, D.K. (2008). Optimization of Exo-chitinase production from *Trichoderma asperillum* (UTP-16) by using response surface methodology, Current Microbiology (comm.)

राष्ट्रीय कृषि उपयोगी सूक्ष्मजीव ब्यूरो का वर्धन संग्रहण

- राष्ट्रीय कृषि उपयोगी सूक्ष्म-जीव ब्यूरो का सूक्ष्म संग्रह केन्द्र देश में सूक्ष्म जैविक विविधता का संरक्षण एवं अनुरक्षण करता है। इस सूक्ष्म संग्रह में ब्यूरो स्तर से, देश भर के शोध कर्ताओं द्वारा व्यक्तिगत एवं संस्थागत रूप में भेजे गये सूक्ष्म वर्धनों से और भारतीय मूल के सूक्ष्म वर्धनों के प्रत्यावर्तन से प्रतिवर्ष बढ़ोत्तरी हो रही है। इस सूक्ष्म वर्धन भण्डार में 250 जेनेरा की 700 से अधिक कवक प्रजातियाँ संग्रहीत है, उसी प्रकार 35 जेनेरा की 100 से अधिक जीवाणु प्रजातियाँ हैं।
- भारत की विस्तृत जैव विविधता के मूल्यॉकन हेतु देश भर के कुछ चुनिंदा स्थानों से मृदा-वनस्पति-जल के नमूने लेने के लिए ब्यूरो स्तर से सर्वे किये जाते हैं और इन सर्वे क्रिया-कलापों द्वारा इस अवधि में कुल 210 जीवाणु, 123 कवक और 98 एक्टीनोमाईसीट्स के सूक्ष्म वर्धन प्राप्त किये गये।

सर्वे कार्य-कलाप के क्षेत्र-

- गंगा के मैदानी इलाकों में
- लेह मरूस्थल के ठण्डे क्षेत्र
- गुजरात, गोवा, उड़ीसा और महाराष्ट्र के छिछले पानी (लैंगून)

की वनस्पति (कच्छ प्रक्षेत्र)

- उत्तराखण्ड (लाल कुँआ) स्थित पेपर मिल अपशिष्ट-जल-प्रवाह सिंचित प्रक्षेत्र।

प्रयोगशाला स्तर पर संरक्षित विविध *बैसीलस* प्रजातियों के 16 एस राइबोसोमल डीएनए से *बैसीलस* वंशक्रम की पहचान के लिए ओलीगोन्युक्लियोटाइड 50 एमईआर प्रोब तैयार किये गये हैं। ये प्रोब रेडियो सक्रियता से मुक्त हैं। इनकी संवेदनशीलता और विशिष्टता प्रमाणन प्रक्रिया के अधीन है।

उत्तरी इंडो-गंगेटिक मैदानों में *बैसीलस* और फ्लोरेसेंट *स्युडोमोनास* के जैव विविधता विश्लेषण से देश के मैदानी इलाकों में इन सूक्ष्मजीवों की सघन मौजूदगी प्रकट होती है। आईएए और साइडरोफोर और फॉस्फेट घुलनशीलता की कार्यात्मक विविधता अध्ययन से स्पष्ट होती है कि सालों पहले *बैसीलस* और *स्युडोमोनास* प्रचुर मात्रा में रहे हैं और पारिस्थितिकीय कारणों से जिनकी अब पादप वृद्धि कारक विशिष्टता का ह्रास हो गया है।

लवण सह्य पी जी पी आर पहचाने गये-

प्रयोगशाला स्तर पर 16 एस राइबोसोमल डीएनए अनुक्रम द्वारा पहचान करके लवण मृदा में गेहूँ की सघन खेती के लिए जीवाण्विक टीकों के विकास ने खारे पानी के हानिकारक प्रभावों को कम करने के प्रमाण दिये हैं। ये सूक्ष्मजीव एनबीबीआई जीन बैंक में संरक्षित कर लिए गये हैं। इनमें से कुछ जैसे *बैसीलस प्युमिलस, बैसीलस इक्विमेरिस, बैसीलस सीरियस, स्युडोमोनास मेडिकोना* आदि।

16 एस राइबोसोमल डीएनए अनुक्रम द्वारा ब्यूरो प्रयोगशाला मे जीवाण्विक सूक्ष्म वर्धनों की पहचान की गयी उनमें से कुछ है- *हेलोमोनास, मेरिनोबैक्टर एल्कलीफिलस, स्युडोमोनास मेडिकोना, स्ट्रेप्टोमाईसीज, आर्थोबैक्टर, क्रोमोहेलोबैक्टर सीलेक्सीजेन्स, अल्ट्रोमोनेडैल्स बेक्टीरियम* आदि।

एनसीबीआई जीन बैंक में प्रस्तुत जीन अनुक्रम इस प्रकार है-

पेपर मिल अपशिष्ट जल को भूमि में *बैसीलस* प्रजातियों के पीजीपी गुणों को प्रभावित करने वाला पाया गया। इसके द्वारा मृदा में आईएए अथवा घुलनशील फास्फोरस उत्पन्न न करने वाली सूक्ष्म प्रजातियाँ उत्पन्न होती देखी गयी हैं।

16 एस राइबोसोमल डीएनए द्वारा पेपर मिल अपशिष्ट जल विसंक्रमित भूमि के सूक्ष्मजीवों की पहचान कर ली गयी है। पाये गये कुछ जीवाणुओं के नाम इस प्रकार है- *बैसीलस ह्युमाई, बैसीलस ड्रेंटेंसिस, बैसीलस फ्युमेरीओली, बैसीलस सिनेक्वेलेंसिस* आदि।

20 प्रतिशत सोडियम क्लोराइड और पीएच 12 पर संवर्धन करने वाले सूक्ष्मजीव साँभर झील से पृथक कर प्राप्त किये गये हैं। आण्विक विश्लेषण द्वारा इन जीवाणुओं को 29 समूहों में रखा गया है। 16 एस राइबोसोमल डीएनए की पहचान में पाया गया कि इनमें से कुछ पहली बार ज्ञात हुए हैं। जैसे *हेलोमोनास वेरियेविलीस, अल्ट्रोमोनेडेल्स बैक्टीरियम, माइक्रोकोकसल्युटियस, मेरिनोवेक्टर हाइड्रोकार्बनोलेस्टीकस* आदि। पुलीकट (तमिलनाडु) के तटवर्ती पर्यावरण मृदा में ऐसे जीवाणु और कवक पाये गये जो क्रमशः 15-20 प्रतिशत और 8 प्रतिशत लवण सान्द्रता में भी अपना परिवर्द्धन कर सकते हैं।

ब्यूरो प्रयोगशाला में नोबेल साइक्रोफिलिक फंजाई खोजी गयी-

लेह के ठण्डे रेगिस्तानों से 4 डिगी सेन्टीग्रेट पर विकास करने वाली साइक्रोफिलिक कवक पृथक किये गये और उनकी पहचान की गयी। इनमें से कुछ प्रजातियाँ पहलीबार प्रकाश में आयी हैं। जैसे- *थिलोवेक्टर, एसोर्डिना सिबुटाई, जीओमाईसीज, पेनीसिलियम, युलोक्लेडियम कंर्सोटिएल्स* आदि।

पादप रोग-जनक कवक *फुजेरियम उडम* की पहचान के लिए ''स्पेसिफिक पीसीआर'' और ''हाईब्रिडाइजेशन'' विकसित किये गये। ये जाँच उपकरण *फुजेरियम उडम* की पहचान के लिए एक विश्वसनीय साधन सिद्ध हुए हैं और पादप रोग-जनक कवक के उपचार के लिए उपयोग किये जा सकते हैं।

गुजरात के कच्छ पर्यावरण से विभिन्न प्रकार के एक्टीनोमाईसीट्स पृथक किये गये। ये सभी सूक्ष्मजीव 2 प्रतिशत सोडियम क्लोराइड में अभिवृद्धि कर सकते हैं। केवल दो सूक्ष्मजीव एस 7 और एस 17 10 प्रतिशत लवण सान्द्रता में भी विकास करने में सक्षम पाये गये हैं। खास बात यह कि ये दोनों सूक्ष्मजीव सेलीकोर्निया नामक पौधे के मूलांग से प्राप्त हुए हैं जो कच्छ क्षेत्र में समुद्री किनारे लवणीय दलदल में उगते हैं। अध्ययन किये गए 21 में से 06 सूक्ष्मजीव लौह तत्व ओर फास्फेट घुलनशीलता जैसे पादप वृद्धि वर्धक गुणों से युक्त पाये गये हैं।

एक अन्य प्रयोगशाला अध्ययन में, मृदा और पादप नमूनों से कुल 166 मेथाइलोट्रोप्स सूक्ष्मजीव पृथक किये गये। देखा गया कि कद्दू और शाक वर्गीय फसलों की तुलना में धान और गन्ने जैसी फसलों में मैथाइलोट्रोप्स की जैव विविधता अधिक होती है। सामान्यतः पादप फसलों में मूल-क्षेत्र की तुलना में पर्ण-क्षेत्र में अधिक फल लगते हैं। सेलीकोर्निया के मूलांग से, मैथाइलोट्रोप्स

जो कि 6 प्रतिशत एनएसीएल सान्द्रता में बड़ी तेजी से बढते हैं, को पृथक किया गया। इससे लवण–मृदा में इन पौधों की स्थापना में मदद मिल सकती है। इन सूक्ष्मजीवों में से 43 को फास्फेट का अच्छा विलायक माना गया। भारत में मैथाइलोट्रोप्स पर यह पहला और कृमवद्ध विविधता विश्लेषण अध्ययन है और इससे कई अच्छी सूक्ष्मजैविक प्रजातियों की पहचान सम्भव हो सकेगी। कृषि क्षेत्र में मैथाइलोट्रोप्स सूक्ष्मजीव के उचित उपयोग के लिए इनका गुणचिह्नांकन किया जा रहा है।

ब्यूरो में प्रथम जैवाण्विक जीनोम सिक्वेंसिंग प्रायोजना के अन्तर्गत चने की राइजोबियम जीवाणु प्रजाति सीए–181 के जीनोम की पूर्ण सीक्वेंसिंग का कार्य प्रगति पर है। देश में इस तरह का यह पहला प्रयास है। तैयार की गयी पीयूसी–18 आंशिक जीनोम डीएनए लाइब्रेरी में जीवाणुओं के 10000 क्लोन तैयार किये गये हैं। अध्ययन हेतु रखे गये जीवाणुओं की सीक्वेंसिंग का कार्य प्रगति पर है।

गुजरात एवं पश्चिमी उत्तर प्रदेश में सीरा से शराब बनाने वाली फैक्टरियों से निकले अपशिष्ट जल से कृषि क्षेत्रों की लम्बे समय तक सिंचाई करने से मृदा में माइक्रोबियल बायोमास कार्बन व माइक्रोबियल बायोमास नाइट्रोजन के अनुपात में खरीफ सीजन में लगभग दो गुनी वृद्धि देखी गयी है।

पेपर मिल अपशिष्ट जल प्रवाह का मृदा की सूक्ष्मजैविक संरचना पर होने वाले परिवर्तनों का अध्ययन करने पर पाया गया कि इनसे लम्बे समय तक सिंचाई करने से मृदा में ग्राम पोजेटिव बैक्टीरिया की मात्रा बढ़ जाने के कारण मृदा में एक्टीनोमाईसीट्स सूक्ष्मजीव प्रचुर मात्रा में बनने शुरू हो जाते हैं और इस सूक्ष्मजीवों से जाइलेनैज, एमाईलेज, सेल्युलेज, प्रोटिएज पैदा होने लगता है।

आन्तरिक एवं वाह्य सभा, गोष्ठियाँ, मीटिंग एवं ट्रेनिंग कार्यकलाप:

- ✦ कृषि एवं खाद्य प्रसंस्करण में, भोजन एवं पोषण आवश्यकताओं को पूरा करने में, मृदा की उर्वरा शक्ति बढ़ाने में सूक्ष्मजीवकों की अपार कृषि सम्भावनाओं को ध्यान में रख कर ''नेशनल अकादमी फार एग्रीकल्चरल साइंसेज'' नई दिल्ली की ओर से ''सूक्ष्मजैविक प्रौद्योगिकी द्वारा कृषि की सम्पोषणीयता'' विषय पर नूतन एवं क्रान्तिकारी दृष्टिकोण प्रस्तुत करने हेतु प्रो. दिलीप अरोड़ा के संयोजन में एक ब्रेन स्टार्मिंग सैशन बुलाया गया। इस विचारगोष्ठी में लगभग 60 सूक्ष्मजीव विज्ञानियों, पादप रोग विज्ञानियों, आण्विक विज्ञानियों और नीति नियंताओं ने भाग लिया। डा0 पी एल गौतम, उप महानिदेशक (फ0 वि0) द्वारा ब्यूरो में चल रही। ड।ै नेटवर्क परियोजना के माध्यम से इस दिशा में चल रहे प्रयासों को सफल बनाने पर जोर देकर कहा कि भविष्य में इन सभी प्रश्नों का उत्तर इस परियोजना द्वारा ढूँढा जा सकेगा। प्रो0 अरोड़ा द्वारा ''ब्रेन स्टोर्मिंग सैसन'' में AMAAS नेटवर्क परियोजना की वर्तमान और भविष्य की सम्भावनाओं पर अपने विचार प्रस्तुत किये।
- ✦ 21 अक्टूबर, 2008 को डा0 टी0 पी0 राजेन्द्रन, स0 उप महानिदेशक (पा0 रो0 वि0) की अध्यक्षता में परिषदीय नेटवर्क परियोजना AMAAS षट् मासिक रिब्यू मीटिंग आयोजित की गयी और अगली मीटिंग हेतु 08 जनवरी, 2009 की तिथि नियत की गयी।
- ✦ आलोच्य अवधि में दो लघु आवधिक प्रशिक्षण कार्यक्रम आयोजित किये गये जिनमें से एक '' डीएनए सीक्वेंसिंग एंड माइक्रोबियल आइडेटिफिकेशन' और दूसरा माइक्रोबियल कैमीकल टेक्सोनोमी: पोलीफेजिक एप्रोचेज'' पर आधारित था।
- ✦ इस अवधि में 15 आन्तरिक (परिषदीय) एवं वाह्य मीटिंग में ब्यूरो का प्रतिनिधित्व किया गया एवं ब्यूरो स्तर की 06 विभागीय मीटिंग आयोजित की गयी।

Staff Joined

Dr. D. P. Singh
Sr. Scientist

Compiled and edited by
Dr. Anil K. Saxena (Principal Scientist)
Dr. Rajeev Kaushik (Senior Scientist)
Dr. Alok K Srivastava (Senior Scientist)

Corresponding Address
Prof. Dilip K. Arora
Director
NATIONAL BUREAU OF AGRICULTURALLY IMPORTANT MICROORGANISMS
Kusmaur, P. Box No. 6, P.O. : Kaithauli, Mau Nath Bhanjan - 275 101 (U.P.)
Phone: 0547-2530080 Fax : 0547-2530358
E.mail : nbaimicar@gmail.com
Visit us at: www.nbaim.org