

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 家蚕幼虫中肠细菌群落多样性的PCR-DGGE和16S rDNA文库序列分析

作者: 相辉, 李木旺, 赵勇, 赵立平, 张月华, 黄勇平*
(中国科学院上海生命科学院植物生理生态研究所, 上海200032)

摘要: 采用基于16S rDNA的变性梯度凝胶电泳(denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE)和16S rDNA文库序列分析的手段, 研究了重要经济昆虫家蚕*Bombyx mori* 2个品系——专食性品系C108和广食性品系SCN2幼虫中肠内的细菌群落多样性, 同时还探讨了食料对家蚕中肠内细菌群落结构的影响。文库序列分析表明, PCR扩增得到的16S rDNA基因代表了家蚕中肠内的41种细菌系统发育型(phylo type), 大多数属于Proteobacteria, 其次是Lactobacillales。此外, 还有少数属于Deinococcus-Thermus、Bacillales、Clostridiales和Actinobacteria, 尚有5种系统发育型不能确定其所属类型。家蚕的这2个品系中, 肠球菌属Enterococcus是其中肠细菌的优势菌群, 栖热菌属Thermus是次优势菌群。优势菌肠球菌属的组成在品系和不同食料喂养条件下有着一定的变化, 无桑饲料喂养条件下SCN2品系中肠内还出现了新的次优势菌葡萄球菌(*Staphylococcus*)。DGGE图谱显示家蚕低龄幼虫和高龄幼虫肠道细菌格局存在差异, 推测可能与其发育期生理状态的差异有关。本研究结果提示家蚕肠道特殊菌群的出现可能与其特殊的食性有一定的关系, 食料改变、生长受阻后肠道微生态平衡也发生变化。

关键词: 家蚕; 专食性; 广食性; 中肠细菌; 变性梯度凝胶电泳; 16S rDNA文库分析

通讯作者: 黄勇平 (E-mail: yongping@sippe.ac.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 191 次, 全文被下载 46 次。

[下载PDF文件 \(479180 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>