

未定

采用PCR-DGGE技术分析蛋鸡肠道细菌种群结构及多样性

倪学勤, Joshua Gong, Hai Yu, 曾东, Shayan Sharif, 周小秋

四川农业大学

收稿日期 2007-8-20 修回日期 2007-12-3 网络版发布日期 2008-5-14 接受日期

摘要 使用基于16S rDNA的PCR-DGGE(变性梯度凝胶电泳)图谱技术结合特异性和共性条带割胶回收DNA进行克隆和测序,对2, 4, 6和8周龄蛋鸡嗉囊、十二指肠、空肠、回肠和盲肠内含物细菌群落的结构和多样性进行了比较,并鉴定了8周龄蛋鸡部分特异性和共性群落成员,分析蛋鸡年龄和肠段部位对微生物群落结构和多样性的影响。肠道菌群DGGE图谱显示肠道部位对细菌种群结构影响很大,盲肠内微生物的多样性最高,其次是回肠和空肠,嗉囊和十二指肠的微生物多样性比较低。十二指肠内细菌与其它肠段差异最大,其次是盲肠与其它肠段细菌组成的差异。随着蛋鸡周龄的增加,消化道微生物经历了由简单(2周)到复杂(4周),再回复简单(6周)到复杂(8周)的变化过程。DGGE图谱中共性条带序列分析表明8周龄蛋鸡消化道前段的优势细菌是Lactobacillus suntoryeus、Clostridium sordellii和大肠杆菌,盲肠中的特异性条带主要是各种未培养的细菌以及Megamonas hypermegale、Clostridium spp。该研究结果表明蛋鸡肠道部位决定细菌群落的结构和多样性,蛋鸡的周龄影响肠道细菌多样性。

关键词 [蛋鸡](#) [肠道菌群](#) [变性梯度凝胶电泳\(DGGE\)](#) [多样性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

倪学勤 xueqinni@yahoo.com; zend@sicau.edu.cn

作者个人主页: 倪学勤; Joshua Gong; Hai Yu; 曾东; Shayan Sharif; 周小秋

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (OKB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (OKB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“蛋鸡”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [倪学勤](#)

·

·

· [曾东](#)

·

· [周小秋](#)