

文章摘要

王轶南, 朱世伟, 常亚青. 刺参肠道及养殖池塘菌群组成. 渔业科学进展, 2010, 31 (3): 120-122

刺参肠道及养殖池塘菌群组成

刺参肠道及养殖池塘菌群组成的PCR-DGGE指纹图谱分析

投稿时间: 2009-09-06 最后修改时间: 2009-11-20

DOI:

中文关键词: [Apostichopus japonicus](#) [肠道](#) [养殖池塘](#) [菌群](#) [PCR-DGGE指纹图谱](#)

英文关键词: [Sea cucumber](#) [Apostichopus japonicus](#) [Intestine](#) [Aquaculture pond](#) [Bacterial community](#) [PCR-DGGE fingerprint](#)

基金项目: 国家科技支撑计划 (2006BAD09A01)、国家高技术研究发展计划 (2006AA10A411)、辽宁省重大科技攻关项目 (2006203003)和大连水产学院博士启动资金 (SYJ2008024)共同资助

作者	单位
王轶南	大连海洋大学 农业部海洋水产增养殖学重点实验室, 116023
朱世伟	大连海洋大学 农业部海洋水产增养殖学重点实验室, 116023
常亚青	大连海洋大学 农业部海洋水产增养殖学重点实验室, 116023

摘要点击次数: 182

全文下载次数: 171

中文摘要:

采用基于16S rDNA的PCR-DGGE指纹图谱技术对黄海北部刺参养殖池塘(底泥、海水)及刺参肠道的菌群组成进行了初步分析。结果显示,从刺参肠道、底泥及海水样品分别获得41、31及41条扩增条带,其中优势条带分别为12、9及10条;三者具20条共有条带,其中4条为各样品的优势条带,共有条带在各样品中的丰度不同;三者分别具5、2及13条特异条带,其中肠道中的第34、42条带以及海水中的第25、46条带丰度均较高;肠道与底泥的菌群组成相似性系数(戴斯系数)为77.8%,二者与海水菌群组成的相似性系数分别为65.9%和55.6%。

英文摘要:

The bacterial community composition in the intestine and aquaculture pond of *Apostichopus japonicus* cultured at Zhuanghe, Dalian was primarily analyzed with 16S rDNA PCR-DGGE fingerprint. The results showed that 41, 31 and 41 bands were observed in the PCR-DGGE fingerprint of intestine, sediment and seawater, with 12, 9 and 10 dominant bands respectively. 20 bands different in abundance were shared by intestine, sediments and seawater, and 4 of them were dominant bands in each sample. 5, 2 and 13 special bands appeared in each sample, in which band 34, 42 from intestine and band 25, 26 from water were with higher amount than the others. Similarity between the intestine and sediment was 77.88%, while 65.9% was defined between the intestine and seawater and 55.6% between the sediment and seawater.

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)

关闭

主管单位：中华人民共和国农业部 主办单位：中国水产科学研究院黄海水产研究所 中国水产学会

地址：青岛市南京路106号, 黄海水产研究所《渔业科学进展》编辑部 邮编：266071

电话：0532-85833580 E-mail: yykxjz@ysfri.ac.cn

技术支持北京勤云科技发展有限公司