



图片新闻 >

所内要闻 >

通知公告 >

科研平台 >

科研进展 >

学术动态 >

渔业动态 >

媒体报道 >

## 珠江所在大口黑鲈肠道与养殖环境微生物组成 及其关联性研究方面取得新进展

发布时间 :2021-08-30

近日, 珠江水产研究所渔业环境保护研究室在大口黑鲈肠道微生物与养殖环境微生物的关联性研究方面取得新进展, 相关研究论文“Connection between the gut microbiota of largemouth bass (*Micropterus salmoides*) and microbiota of the pond culture environment”发表于《Microorganisms》(2020年JCR影响因子4.128)。该论文得到广东省现代农业产业技术体系创新团队建设专项资金(项目编号:2020KJ151)、中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(项目编号:2020ZJTD-05和2021SJ-TD1)资助。文章第一作者为刘乾甫博士, 通讯作者为赖子尼研究员。文章链接网址:  
<https://doi.org/10.3390/microorganisms9081770>.

研究中, 对采集的珠三角地区主要养殖品种大口黑鲈池塘水体、沉积物和生物肠含物的微生物样品进行高通量测序、生物信息和溯源分析, 阐释养殖水体、沉积物和大口黑鲈肠道中微生物群落的关联性和转移机制。结果表明: (1) 大口黑鲈养殖池塘水体、沉积物和养殖生物肠道微生物种群具有显著性差异; (2) 养殖过程中鱼类肠道菌群和沉积物菌群仅有大约1%的互换; (3) 在养殖前期和中期, 大口黑鲈肠道微生物群落源自池塘水体的比例大约为7%, 到养殖后期则显著增加到73%; (4) 同时, 还得到在养殖前期和中期, 池塘水体微生物来自大口黑鲈肠道微生物群落的比例大约为12%, 到养殖后期则显著增加到45%

公益机构



所容所貌



科学数据平台



专题



技术宣传



左右。本研究初步揭示了大口黑鲈养殖过程中养殖水环境和鱼类肠道中的微生物转移过程及其关联性，可望为后期养殖过程中微生物调控和鱼类疫病防控提供依据和基础数据支撑。

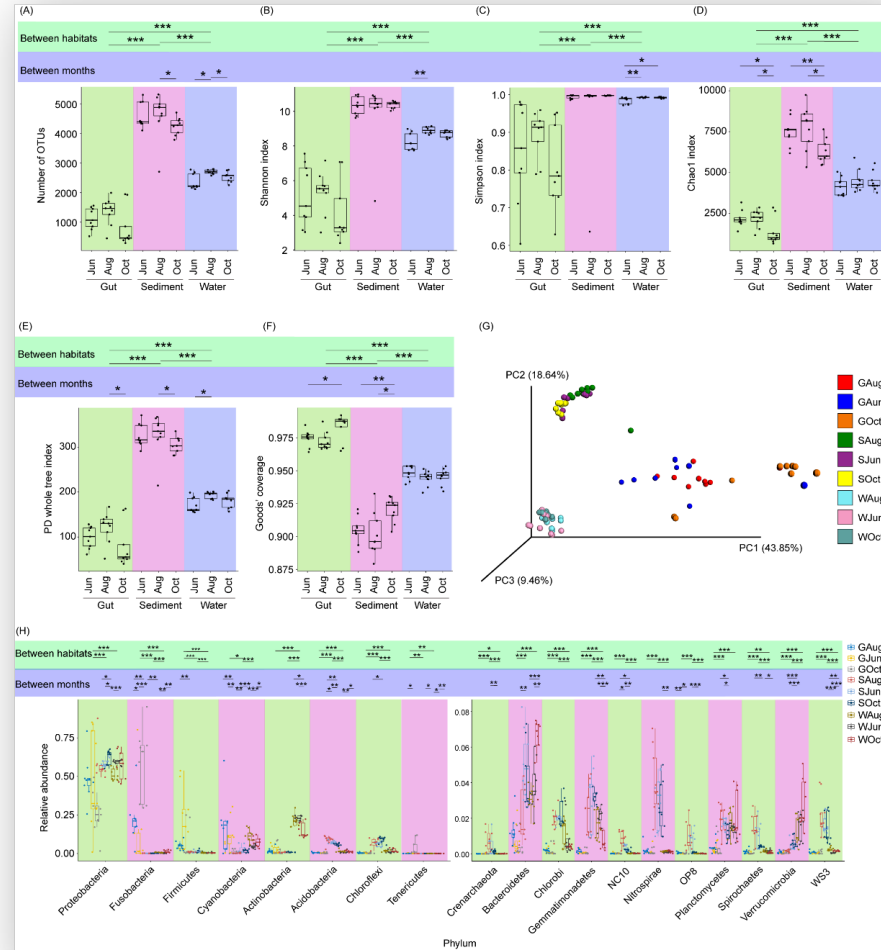


图1.池塘水体、沉积物和大口黑鲈肠道微生物群落的差异性。(A)OTU数目;(B)Shannon指数;(C)Simpson指数;(D)Chao1指数;(E)PD whole tree指数;(F)Good's覆盖度;(G)微生物群落的PCA分析;(H)主要门类的相对丰度. \*,  $p < 0.05$ ; \*\*,  $p < 0.01$ ; \*\*\*,  $p < 0.001$ .

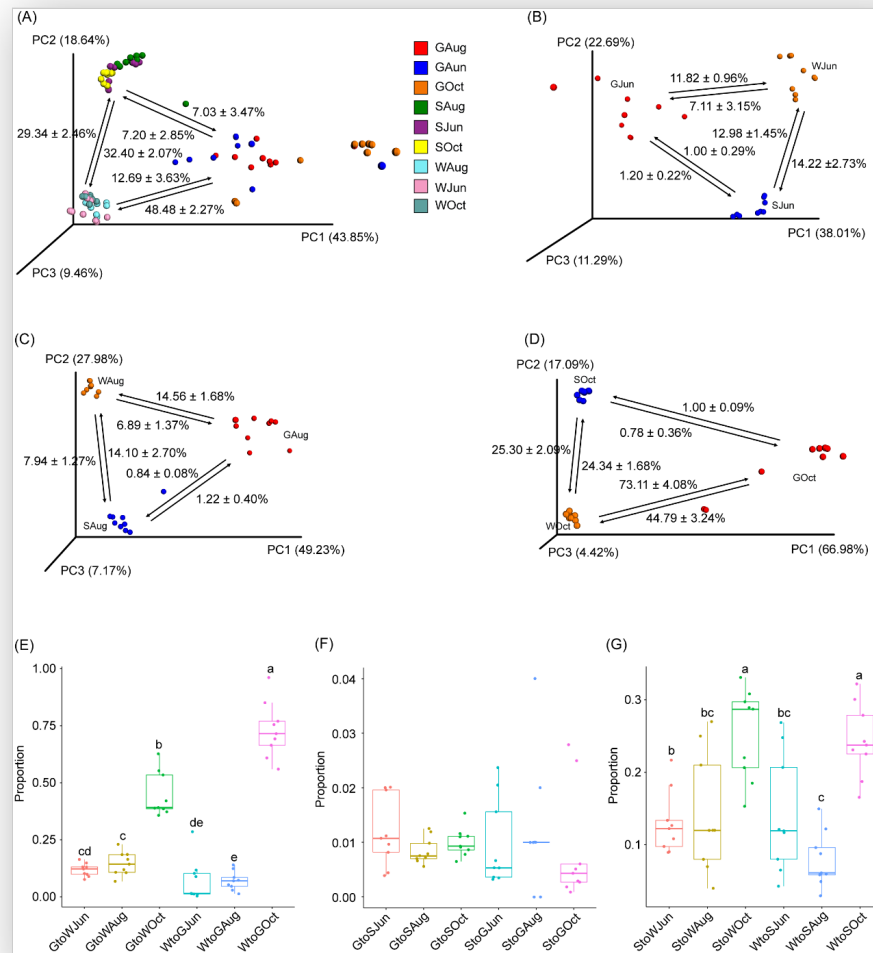


图2.大口黑鲈肠道、养殖池塘水体和沉积物微生物群落间的关联性分析。(A)所有样品, (B)养殖前期样品(6月), (C)养殖中期样品(8月), (D)养殖后期样品(10月), (E)大口黑鲈肠道与养殖水体微生物交换比例, (F)大口黑鲈肠道与养殖池塘沉积物微生物交换比例, (G)大口黑鲈池塘水体与池塘沉积物微生物交换比例。

上一篇：“基于芽孢杆菌呈递系统的鱼类新型疫苗研究及应用”项目通过验收

下一篇：珠江所在鱼类早期资源研究方面取得新进展



**中国水产科学研究院**  
Chinese Academy of Fishery Sciences



版权所有：中国水产科学研究院珠江水产研究所

承办单位：中国水产科学研究院珠江水产研究所

备案号：粤ICP备18024991号 粤公网安备44010302000148

网站保留所有权 未经许可不得复制 镜像

