



## 利用肠道菌群的分布和16S DNA序列研究鲤科肠道菌系统演化关系Phylogenetic Analysis Using the Distribution of Intestinal Bacterium in Cyprinidae Fishes and 16S DN

肠道微生物与寄主具有复杂的、多方面的相互依存效应,这种依存效应所产生的共生关系或协同进化关系,也可显示肠道微生物间的系统演化关系,共生关系或协同进化关系是由于寄主与肠道微生物择作用所形成的,在长期的进化历程中逐步发生的共生关系信息很可能被记录在DNA序列中。本文通过菌群分布含量对这9种菌群进行分析,且利用从GenBank调取这9种肠道细菌菌属的43个种或亚种的16S rDNA序列,将这6个科9个属43个种或亚种分为革兰氏阴性和革兰氏阳性两大类群(一级分枝)。在这两大类群中(二级分枝),而肠杆菌科中则以属为单位分为4个小类群(三级分枝),此外球状菌与杆状菌也能截取所有的种,以属为单位所得到的以分枝形式的无根树在拓扑结构上与菌群分布含量(寄主范围)所构建的无根树的位置中有较大的差异。如果提高检测水平,扩大所检测的寄主对象,这种差异有可能

[存档文本](#)