


[首页](#)
[本所概况](#)
[创新工程](#)
[人才队伍](#)
[科研成果](#)
[研究生教育](#)
[党建文化](#)
[您当前所在位置: 首页>>科研进展>>](#)

蜜蜂所在熊蜂肠道微生物方面取得突破性进展

发布者: iar 发布时间: 2015年8月5日 作者: 李继莲 来源: 昆虫授粉与生态研究室 点击量:

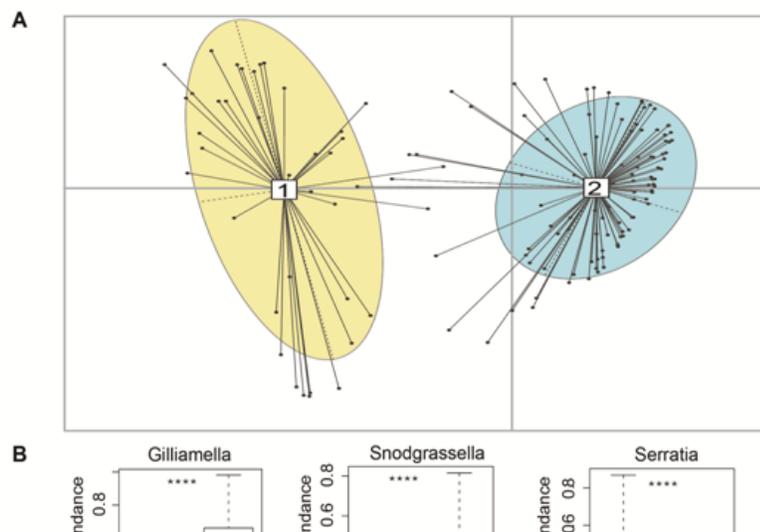
近日, 由中国农业科学院蜜蜂研究所李继莲博士、中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室张志刚博士和美国科学院院士Nancy Moran等组成的科研团队, 在熊蜂肠道微生物方面的研究取得了突破性进展, 研究人员揭示了熊蜂肠道微生物组具有两种固定的生态型 (Enterotypes), 这是继发现人类和大猩猩的肠道微生物存在特定生态型后首次在传粉昆虫熊蜂上发现的, 这将为今后深入研究传粉昆虫生物学提供了肠道微生物新视角。相关研究成果于2015年8月3日在线发表在《Current Biology》(5-Year Impact Factor: 10.134) 上。

熊蜂是一类具有丰富物种和生态多样性的重要传粉昆虫, 而传粉昆虫是开花植物繁殖和进化的关键, 对于人类粮食生产的可持续发展具有重要意义。已有的研究表明肠道微生物多样性的变化从营养代谢以及疾病免疫等多方面影响着传粉昆虫的健康状况和种群演化。

中国具有世界上最丰富的熊蜂物种 (大约125种), 占全世界的一半, 因此, 熊蜂是研究肠道微生物、动物宿主以及环境复杂互作的一个重要的模式昆虫。

据了解, 熊蜂具有简单而特异的肠道微生物类群, 主要由几个新描述的细菌物种组成, 包括Gilliamella apicola, Snodgrassella alvi和特异种类的乳酸菌。虽然简单, 但熊蜂的肠道微生物群与哺乳动物有相似之处: 一、二者都是社会性传播。二、人类和蜜蜂都具有保守的肠道核心菌群。三、在人类和社会性蜜蜂中, 肠道微生物在寄主个体间差异很大。这种变异可能反映了微生物与其寄主间的长期协同进化。

该研究团队对我国28种熊蜂的肠道细菌16S的V6-V8区采用高通量测序, 并结合经典生态学的分析方法进行研究, 结果表明熊蜂肠道微生物存在两种保守的生态型 (enterotypes)。一种是由Gilliamella 和 Snodgrassella菌群组成, 这两类菌群在蜜蜂中也存在。另一种生态型主要是由环境性菌群组成, 而且含有一些条件致病菌如Hafnia 和 Serratia。



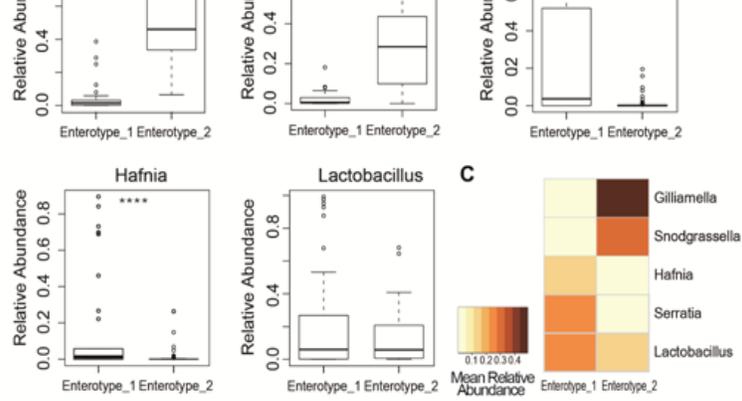


图 熊蜂肠道微生物两种生态型的组成

李继莲解释这两种不同生态型在熊蜂肠道微生物中的出现显示出与哺乳动物肠道微生物生态型分化的高度一致，对于熊蜂物种的健康和种群动态具有潜在的影响，为进一步挖掘这些特定肠道共生菌的功能奠定基础，同时也为我国蜂种资源的多样性保护提供参考。

李继莲博士和美国科学院院士Nancy Moran，中科院昆明动物所团队的合作，也是蜜蜂所科研走出去和请进来的出色成果，是蜜蜂所与国际和国内顶级专家的合作取得高水平科研论文的成功案例。

在线发表文章的链接：

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982215007253>

『打印』『关闭』