

畜牧·资源昆虫

大额牛瘤胃细菌16S rRNA基因序列分析

毛华明, 马松成, 陈 静, 邓卫东, 和天宝

云南农业大学动物营养与饲料重点实验室

收稿日期 2007-12-17 修回日期 2008-3-4 网络版发布日期 2008-11-10 接受日期 2008-12-1

摘要

【目的】研究大额牛(*Bos frontalis*)瘤胃细菌16S rRNA基因序列,为揭示大额牛瘤胃细菌组成的多样性以及开发这一珍稀生物资源提供分子生物学依据。**【方法】**采用细菌通用引物F27和R1492对目标基因进行PCR扩增,克隆、测序后利用Neighbor-joining方法构建系统进化树。**【结果】**共获得147个16S rRNA基因序列,在GenBank登录号为DQ673466~DQ673612。按照97%的相似性标准,这些序列被分为86个操作分类单元。有16个序列与已培养菌的序列相似性 $\geq 97\%$,占总序列的10.9%;另有22个序列与已培养菌的序列相似性为90%~97%,占总序列的15%;剩余109个序列为未培养、鉴定菌,所占比例高达74.1%。系统进化分析显示,大额牛瘤胃细菌主要分布于低G+C含量细菌门(57.1%)和噬纤维菌/屈扰杆菌/拟杆菌门(42.2%),仅有一个序列位于螺旋体门。**【结论】**本试验获得了大额牛瘤胃细菌16S rRNA基因序列,为进一步研究大额牛瘤胃微生态系统组成及其与饲料消化之间的关系奠定了基础。

关键词 [大额牛](#) [瘤胃细菌](#) [16S rRNA基因序列](#) [系统进化分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

毛华明;马松成;陈 静;邓卫东;和天宝

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(360KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“大额牛”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [毛华明, 马松成, 陈 静, 邓卫东, 和天宝](#)