
首个草鱼肠道微生物基因目录构建成功

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/25863.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

首个草鱼肠道微生物基因目录构建成功。近日，中国农业科学院饲料研究所水产微生物与饲料创新团队构建了首个草鱼肠道微生物基因目录，并解析了草鱼肠道微生物组的主要互作模式和功能特征，为鱼类肠道菌群调控提供了理论基础。相关研究成果发表在《微生物组》（Microbiome）上。



草鱼。中国农科院供图

共生微生物可调节养殖鱼类的生长和健康性状，目前对鱼类肠道微生物基因组的了解较少。

该研究利用宏基因组学技术，构建了草鱼肠道微生物的非冗余基因目录(57.6万个基因)，并对基因目录进行了系统的分类和功能注释。

研究发现，草鱼肠道微生物存在两个功能群，二者在生态学上表现为互斥模式，并在与宿主互动方面存在显著差异。进一步研究发现，两个功能群在碳水化合物利用、毒力因子和抗生素耐药性基因方面均表现出显著的遗传能力差异。

研究发现，功能群2与功能群1的比值能够有效反映不同饮食下草鱼的肠道微生物群结构及功能特征，该比值可作为评估鱼类肠道菌群稳态的指标。该研究丰富了鱼类肠道微生物的基因目录资源，揭示了鱼类肠道菌群主要门类的功能特征，并提出了肠道菌群调控的潜在靶标。

该研究得到国家自然科学基金和中国农业科学院科技创新工程的资助。（来源：中国科学报 李晨 高鸽）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s40168-023-01715-7>

作者：周志刚等 来源：《微生物组》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发