



5种生境中华绒螯蟹肠道微生物分析

Intestinal microbial analysis of *Eriocheir sinensis* in five habitats

刘忠航; 杨培民*; 张健; 张伯序; 朱春月; 胡宗云



摘要

本研究旨在探讨不同生境对中华绒螯蟹肠道微生物群落组成的影响。通过高通量测序和宏基因组学方法,分析了来自池塘、稻田、苇田、水库及自然水域的中华绒螯蟹肠道微生物群落。结果显示,尽管生境不同,中华绒螯蟹肠道中的主要细菌门仍然以厚壁菌门为主。不同生境显著影响了肠道微生物的多样性及特有菌属,其中苇田生境的肠道微生物多样性最高,池塘生境最低。此外,肠道微生物功能注释表明,碳水化合物代谢是所有生境中肠道微生物的主要代谢途径。该研究揭示了环境对中华绒螯蟹肠道微生物群落结构与功能的影响,为优化养殖环境及保障中华绒螯蟹健康提供了科学依据。

引言

中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*)又名大闸蟹、河蟹,属于节肢动物门,甲壳动物亚门,软甲纲,十足目,方蟹科,绒螯蟹属,是我国极为重要的水生经济养殖甲壳类。肠道微生物是动物体内重要组成,能够在宿主消化吸收、生长发育、免疫调节等方面起重要作用。5种生境中华绒螯蟹肠道微生物进行研究,探讨微生物群落和功能结构与养殖环境的关系,旨在为构建中华绒螯蟹生态健康养殖提供理论依据。

材料与方法

- **试验材料:** 在辽宁地区采集了5种不同生境的中华绒螯蟹
- **试验方法:** 提取肠道微生物DNA,用于高通量测序和宏基因组测序,对注释结果进行讨论分析

结果

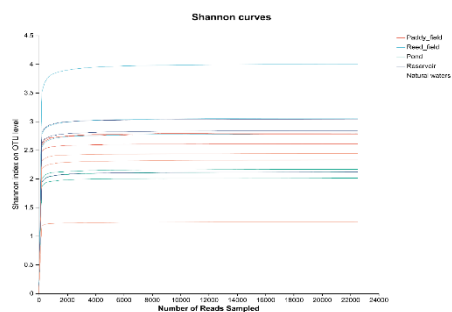


图1 Shannon多样性稀释曲线
Fig 1 Shannon Diversity Rarefaction Curve

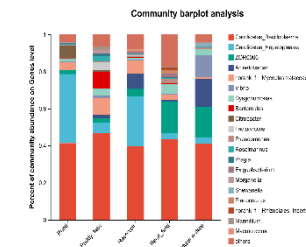


图3 中华绒螯蟹肠道微生物属水平群落柱形图
Fig 3 Community Bar Chart of *Eriocheir sinensis* Gut Microbiota at the Genus Level

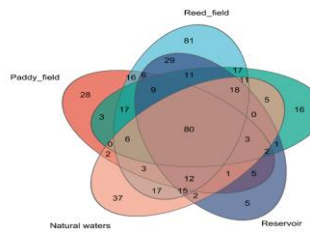


图4 中华绒螯蟹肠道微生物属水平Venn图
Fig.4 Venn diagram of intestinal microbial genus level of *Eriocheir sinensis*

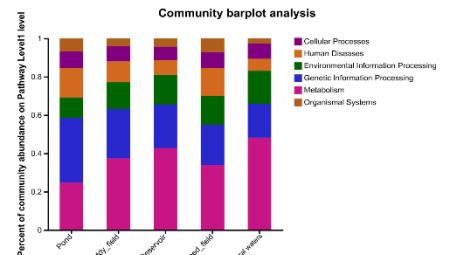


图6 KEGG 1级注释图
Fig.6 KEGG Level 1 annotation

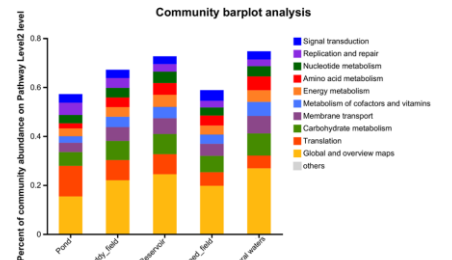


图7 KEGG 2级注释图
Fig.7 KEGG Level 2 annotation

宏基因组测序结果 (图 5-7)

- 5种生境CAZy功能注释主要基因为糖苷水解酶类(Glycoside Hydrolases),糖苷转移酶类(Glycosyl Transferases),糖水化合物脂酶类(Carbohydrate Esterases)。
- KEGG 1级注释结果表明遗传信息处理功能和代谢占比可达50%以上。
- KEGG 1级注释结果表明,全局与概述图谱功能微生物在各生境中华绒螯蟹肠道中占比最高。

结论

- 本研究通过高通量和宏基因组技术对5种不同生境中华绒螯蟹肠道微生物进行研究,发现其虽成长环境不同,但肠道优势菌种类变化不大。丰度最高菌门均为厚壁菌门,丰度最高菌属均为杆状念珠菌属。各生境特有菌属与其所处环境具有相关性,分别在相似水域检出。
- 池塘中华绒螯蟹肠道携带更多人类疾病相关微生物,自然水域中华绒螯蟹最少,5种生境代谢主要以碳水化合物代谢为主。
- 本研究较为全面地比较了不同生境中华绒螯蟹肠道中的微生物群落和功能结构,分析了环境对中华绒螯蟹肠道微生物的影响,为优化养殖模式,构建健康养殖体系提供了理论指导。

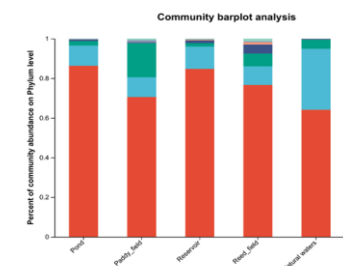


图2 中华绒螯蟹肠道微生物门水平群落柱形图
Fig 2 Community Bar Chart of *Eriocheir sinensis* Gut Microbiota at the Phylum Level

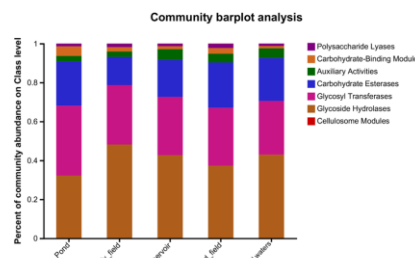


图5 CAZy注释图
Fig.5 CAZy annotation