

# 正常草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 不同组织黏膜微生物群落的异质性

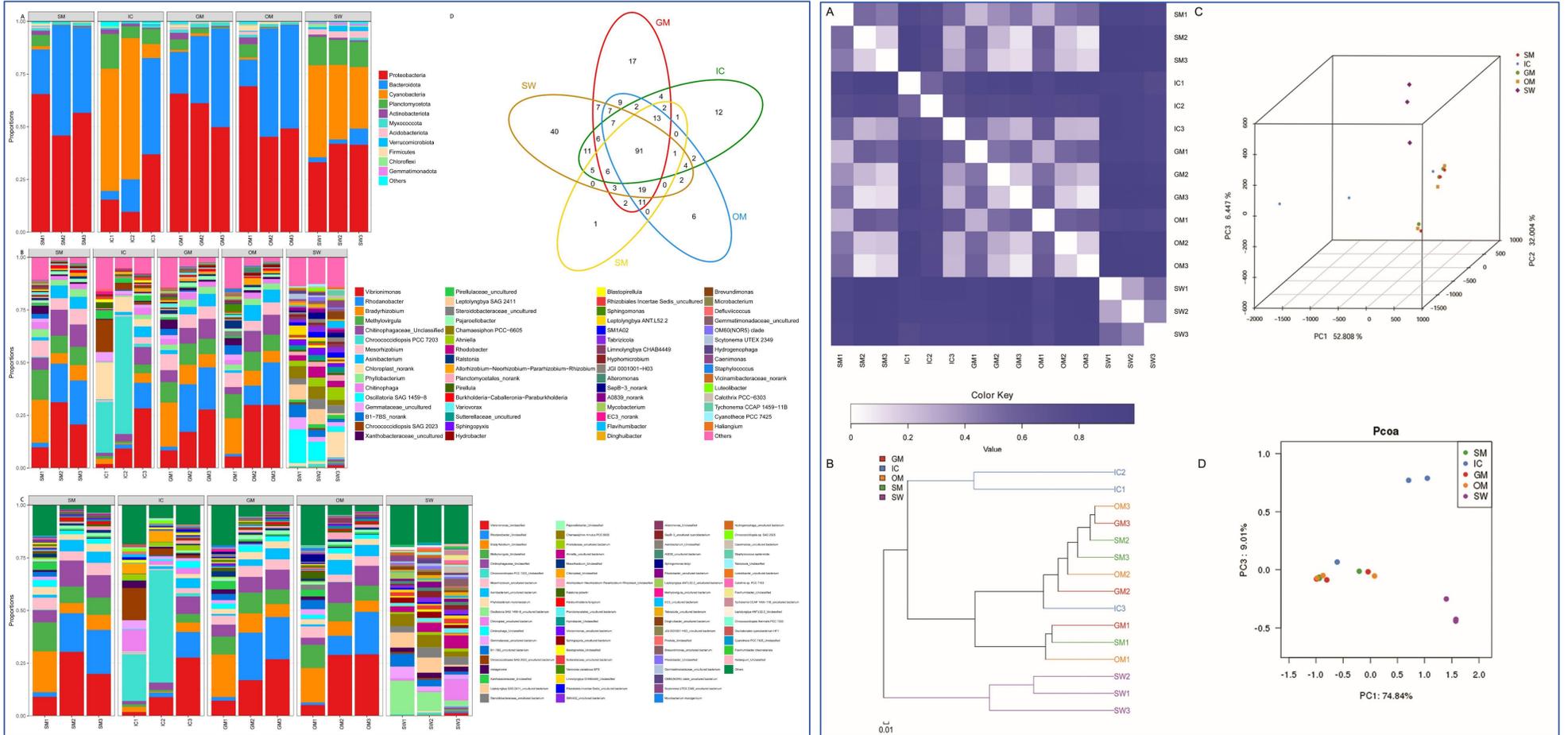
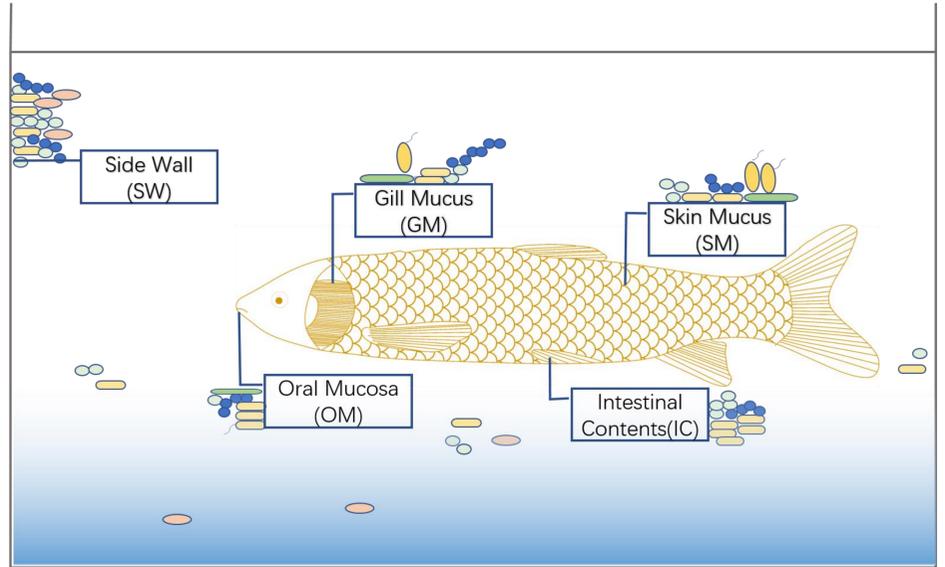
## Heterogeneity of the tissue specific mucosal microbiome of normal grass carp (*Ctenopharyngodon idella*)

赵娜<sup>1, 4</sup>, 张博<sup>4</sup>, 郭加民<sup>1</sup>, 刘凯<sup>3</sup>, 刘宇婷<sup>1</sup>, 沈玉帮<sup>1, 2</sup>, 李家乐<sup>1, 2</sup>

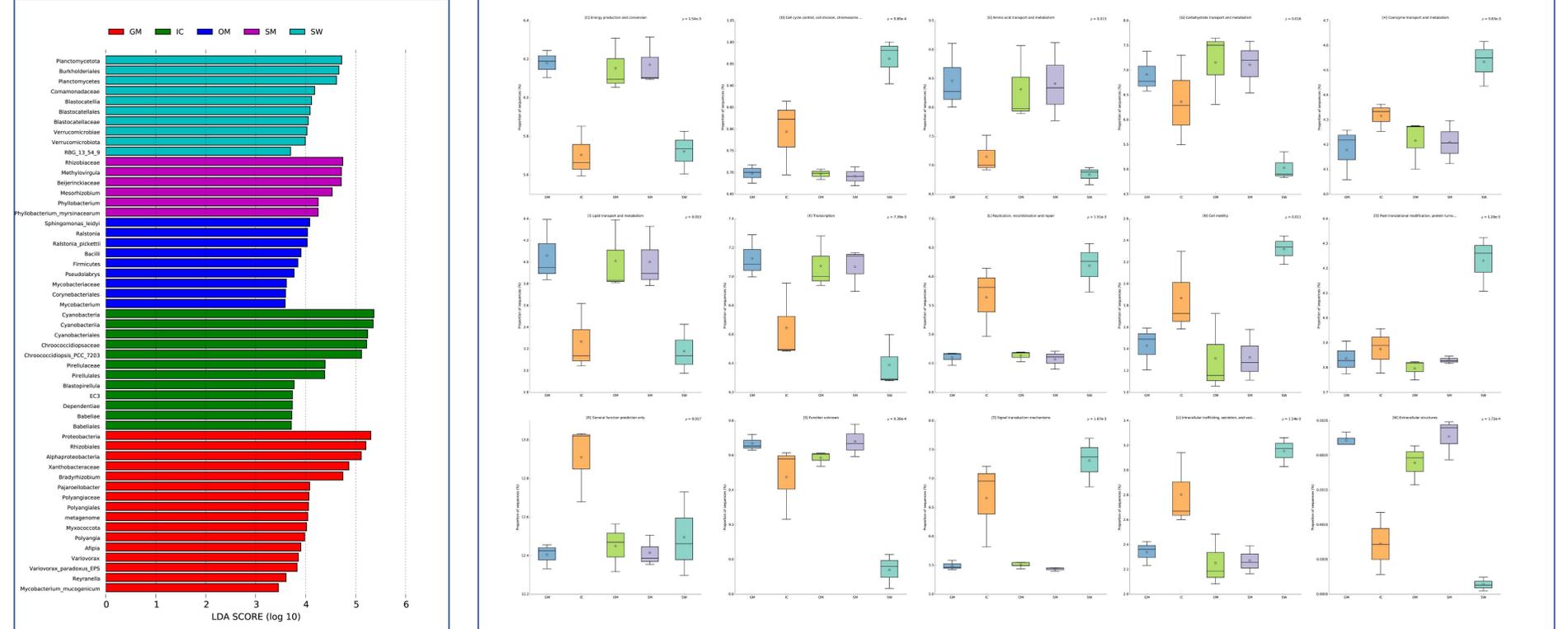
1. 上海海洋大学农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 201306. 2. 上海海洋大学水产养殖工程技术研究中心, 201306. 3. 杭州市农业科学研究院, 310024. 4. 南方海洋科学与工程广东省实验室(湛江), 524000

### 背景

目前, 已有研究多数关注草鱼肠道微生物群落, 而对于皮肤、鳃黏膜、口腔黏膜等黏膜组织微生物群落的了解较少。作为鱼类重要的免疫防线, 黏膜组织在先天性及适应性免疫中发挥重要作用, 其中的微生物群落与草鱼的抗感染免疫也有密切关系, 因此分析不同黏膜组织的微生物群落将为草鱼的宿主-微生物互动与微生态研究提供重要的参考数据。本文首次采用全长16S rRNA测序对一龄草鱼的肠道内容物(IC)、皮肤粘液(SM)、口腔黏膜(OM)、鳃黏膜(GM)及水泥饲养池壁(SW)的微生物群落进行了分析比较, 发现草鱼黏膜微生物群落具有组织特异性。



经鉴定共获得正常草鱼中的291种微生物, 分别隶属于20门、38纲、130科、219属。变形菌、拟杆菌和蓝藻为草鱼生态位中的优势微生物, 其中变形杆菌和拟杆菌为SM、GM和OM中主导, 而变形杆菌、浮游菌和蓝藻为IC和SW组优势物种。IC的微生物群落表现出较高的 $\alpha$ 多样性。SM、GM和OM的微生物构成较为相似, 但与IC和SW存在显著差异。



通过Venn与LDA分析得出不同黏膜组织共有、独有的微生物, 以及具有指示性的微生物类群。微生物基因功能预测 (STAMP) 也反映了草鱼不同黏膜组织生态位间差异。IC与SM、GM和OM存在显著差异。