

刺参肠道菌群组成特征及其与生长变化的关系

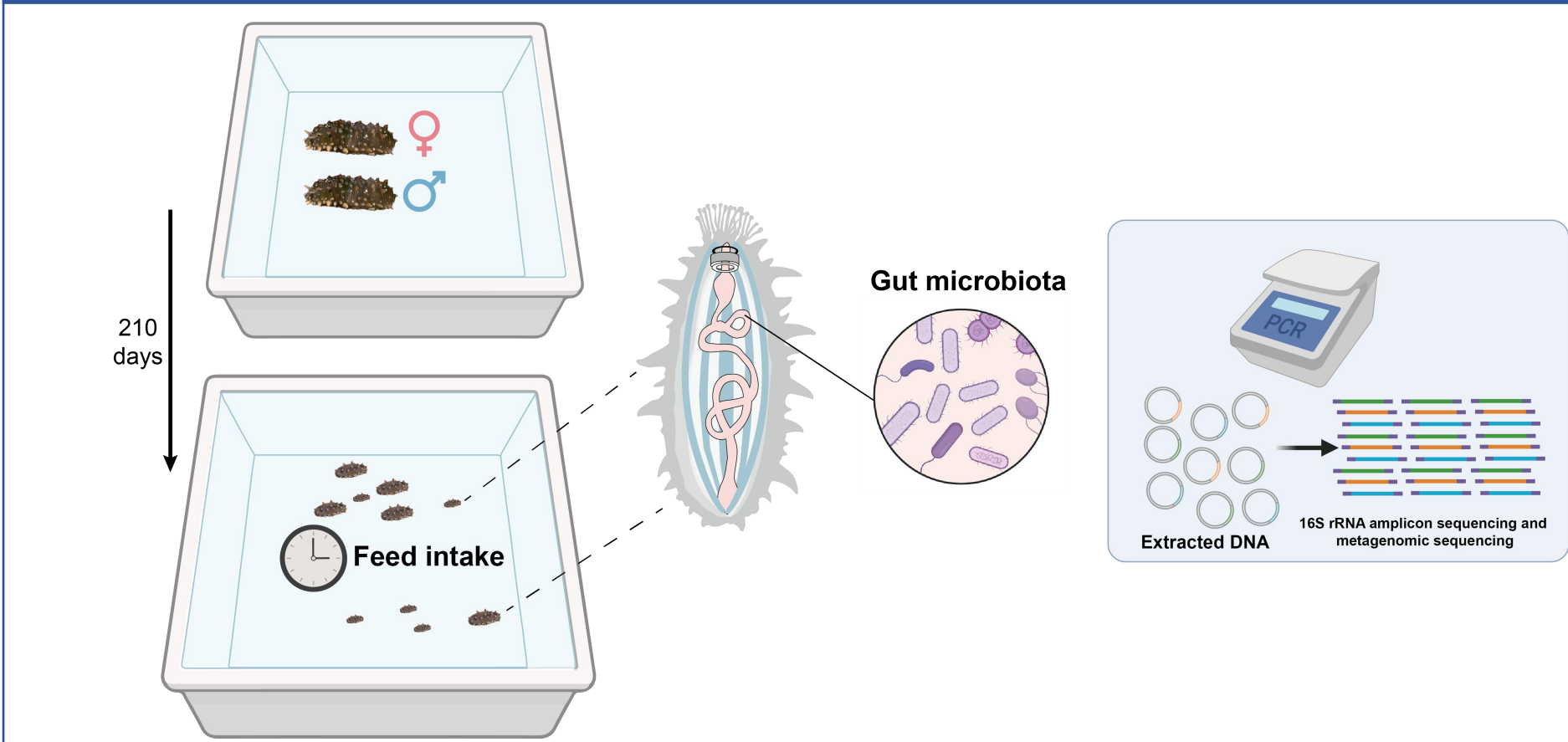
唐心悦, 李子铭, 刘兴海, 吴玉龙, 宫凯琦, 郭莹, 张文兵, 迟淑艳, 刘石林, 霍达, 杨雨佳
中国海洋大学海水养殖教育部重点实验室, 青岛, 266000

1. 前言

背景: 刺参 (*Apostichopus japonicus*) 是一种海洋无脊椎动物, 属于棘皮动物门, 海参纲, 具有很高的营养和药用价值。由于其高市场需求, 过度捕捞和环境退化导致野生种群数量下降。为了可持续地满足需求, 水产养殖迅速扩大。肠道菌群通过调节营养物质的吸收、代谢和免疫应答, 显著影响刺参的生长和健康。

意义: 本研究旨在探讨刺参肠道菌群组成及其与生长差异的关系。通过分析不同生长速率个体的微生物多样性和丰度, 我们试图确定与提高生长性能相关的关键细菌分类群。

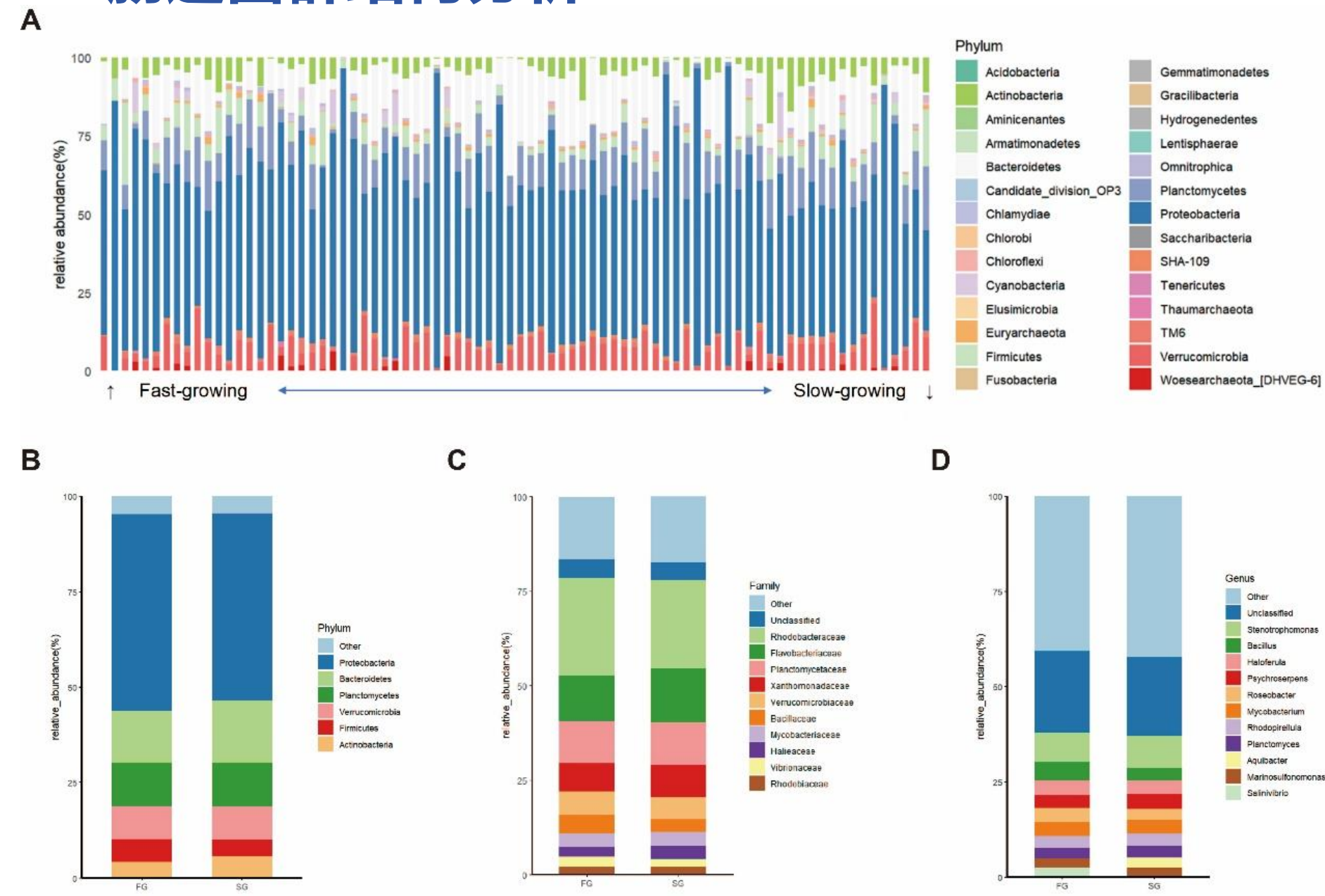
2. 材料和方法



采集7月龄同家系同环境饲养的刺参肠道组织, 进行16s rRNA测序分析、宏基因组测序分析和消化酶活性实验。

3. 结果

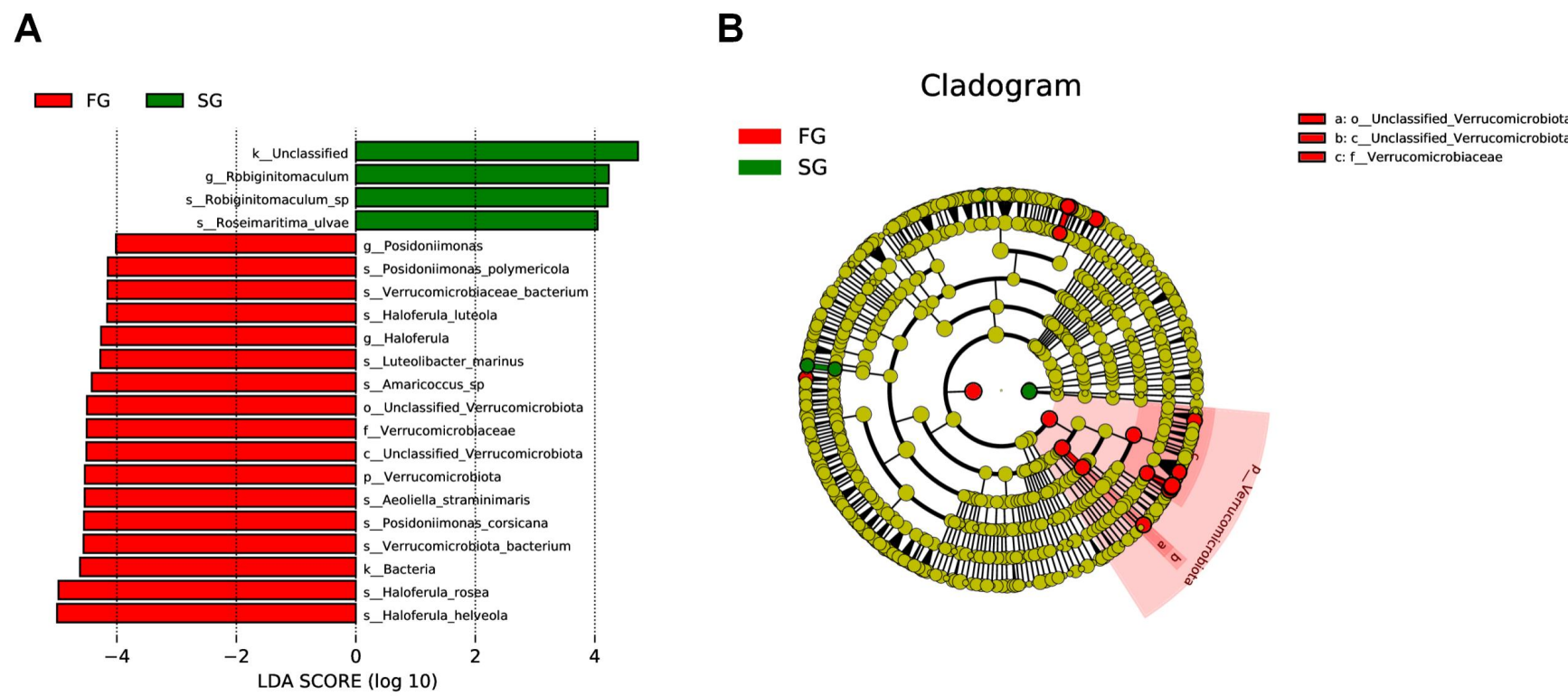
3.1 肠道菌群结构分析



(A)各门刺参肠道菌群结构 (横坐标表示从左到右体重递减); (B)门; (C)科和(D)属水平上快速生长和慢速生长的刺参肠道菌群结构。

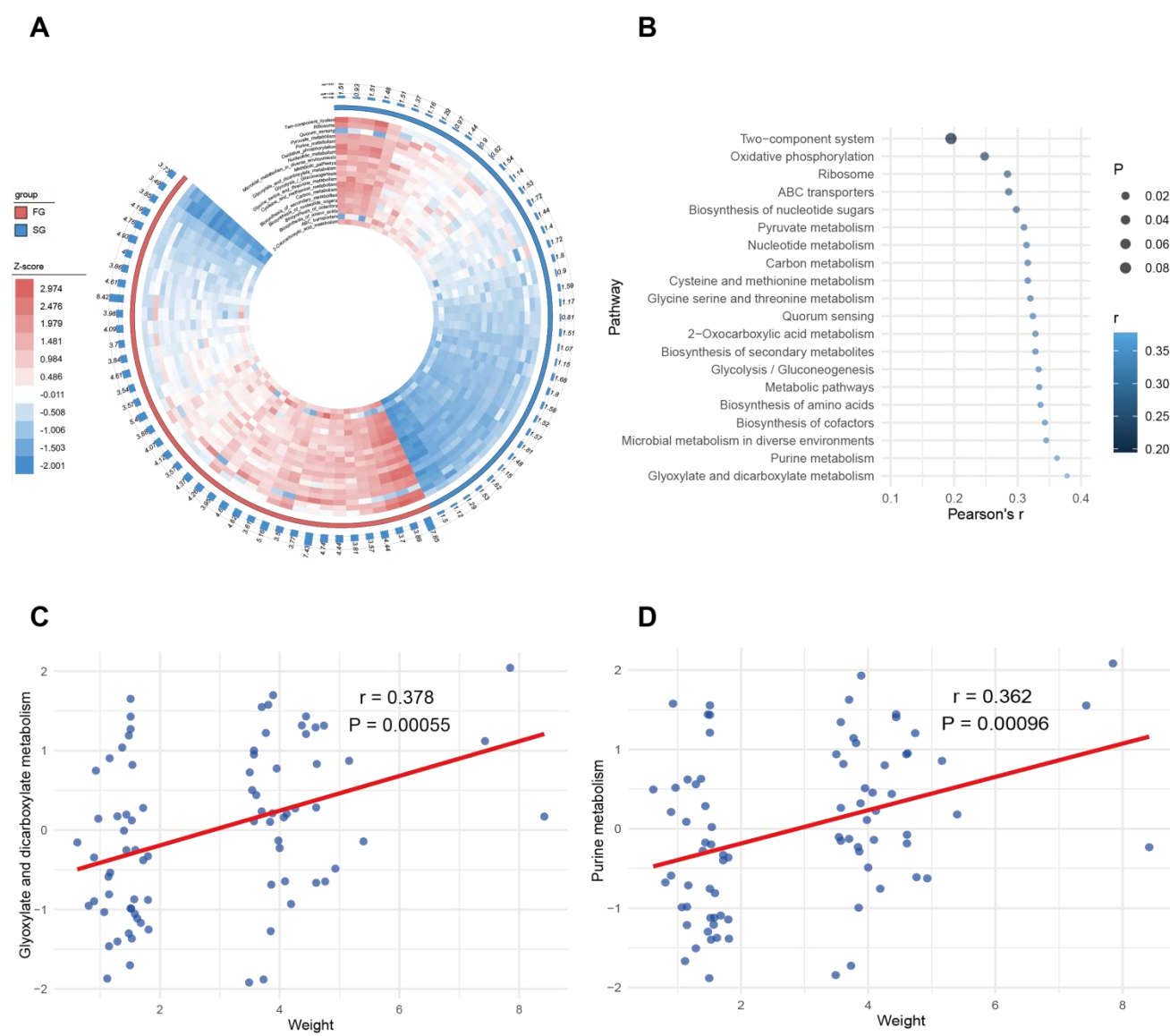
3. 结果

3.2 生长速率相关肠道微生物



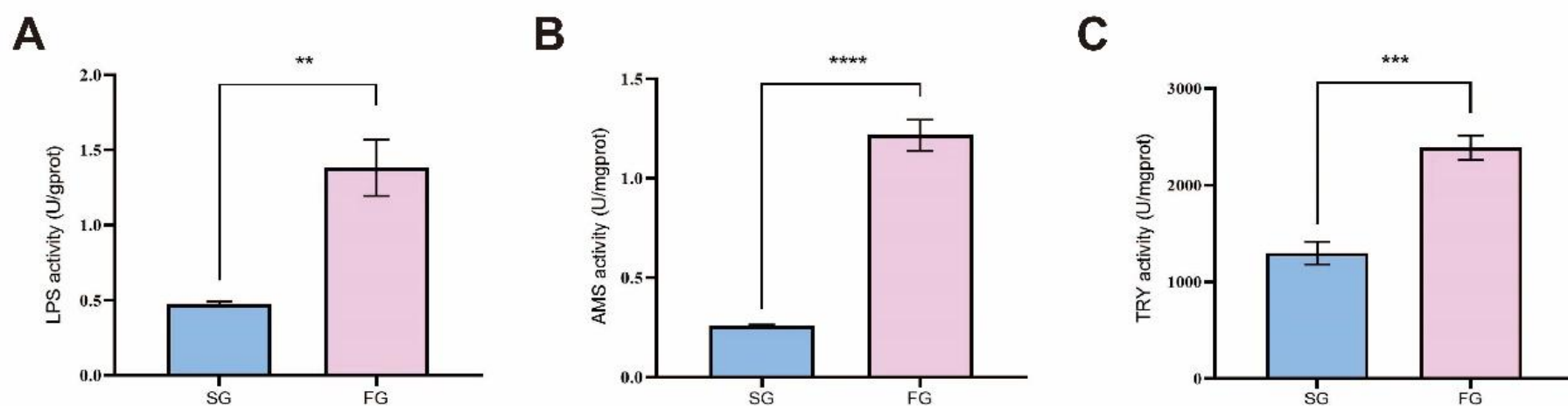
(A)通过LefSe分析选择的差异细菌分类; (B)基于LefSe分析结果的分谱系图。

3.3 肠道菌群功能预测



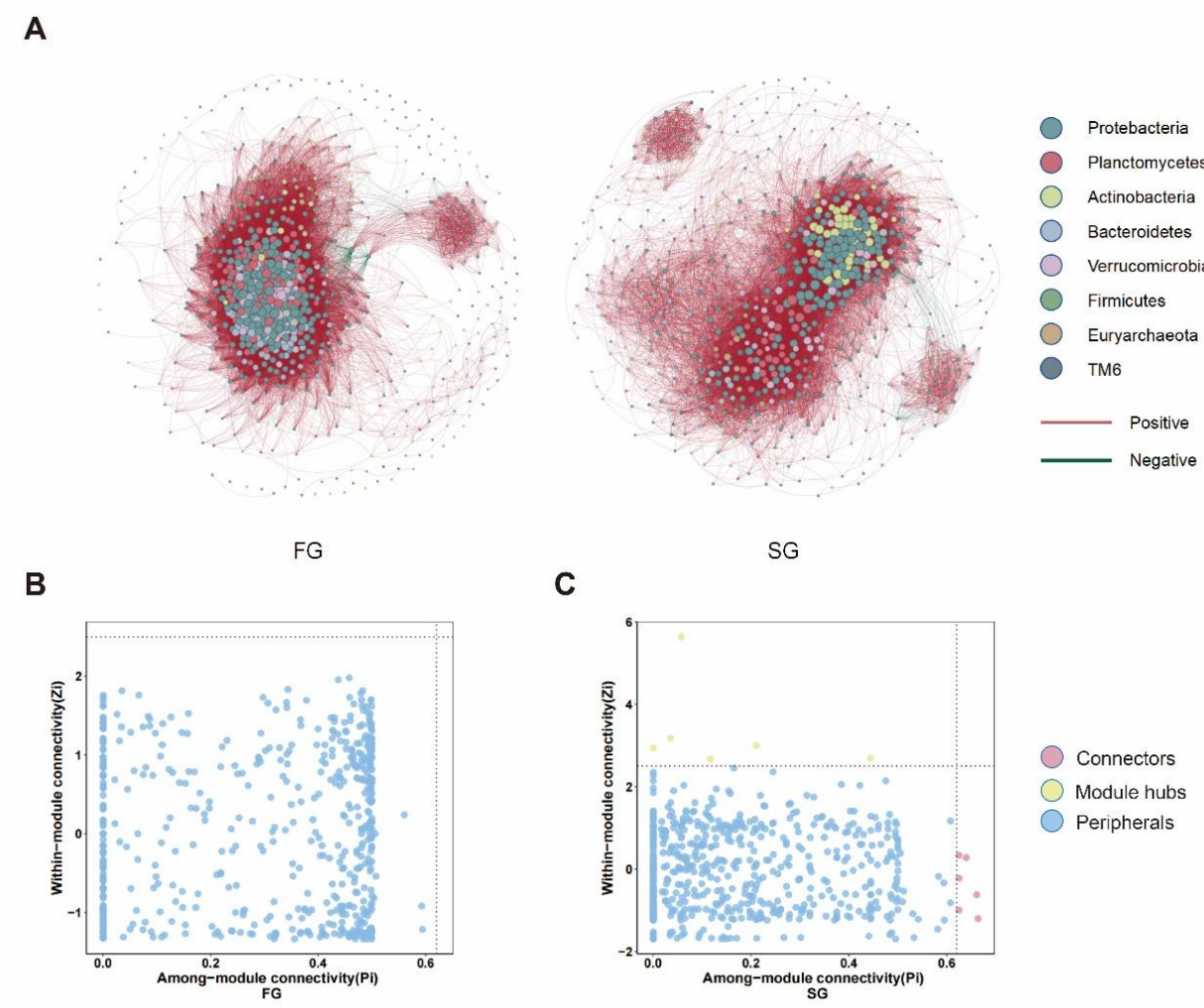
基于PICRUST2的刺参肠道菌群功能预测。

3.4 肠道消化酶活性



肠道消化酶活性比较。(A)脂肪酶活性; (B)淀粉酶活性; (C)胰蛋白酶活性。

3.5 肠道菌群共现网络



(A)共现网络分析; (B)速生刺参的拓扑作用分布; (C)缓生刺参的拓扑作用分布。

4. 结论

★Verrucomicrobiota, Verrucomicrobiaceae 和 Haloferula的丰度在快速生长个体中显著增加, 快速生长组总体代谢活性较高, 体重与乙醛酸和二羧酸代谢以及嘌呤代谢呈显著正相关。快速生长刺参的消化能力显著高于慢慢速生长刺参。快速生长刺参表现出更复杂的共生网络。

★这些发现为进一步研究肠道菌群在海参生长和健康中的功能作用奠定了基础, 为水产养殖管理实践提供了潜在的指导。所获得的见解可以为开发有针对性的微生物干预措施提供信息, 以优化培养的刺参的生长性能。