

黄球白蚁和台湾乳白蚁肠道微生物组成及功能分析

张治东^{1, 2}, 王凯², 赵婷¹, 王祉娅¹, 邹传山^{1, *}, 华彦^{2, *}

¹ 东北林业大学林学院

² 广东省林业科学研究院

摘要

木质纤维素是自然界中最丰富的碳资源之一，但是其利用率很低。食木白蚁具有高效的木质纤维素降解系统，但高等食木白蚁与低等食木白蚁的取食特性存在显著差异。这种取食差异是否与白蚁体内降解木质纤维素的能力有关尚不清楚。本研究以取食腐烂竹木的高等白蚁黄球白蚁 (*Globitermes sulphureus*) 和取食松木的低等白蚁台湾乳白蚁 (*Coptotermes formosanus*) 为研究对象，采用 16S rRNA 基因测序技术和宏基因组测序技术，对比分析了两种白蚁肠道微生物群落的多样性和基因功能的差异，并测定了黄球白蚁和台湾乳白蚁肠道微生物中纤维素酶和半纤维素酶活性，以及松木和竹木中的营养含量，主要结果如下：

(1) α 多样性分析显示，黄球白蚁肠道微生物的物种数量和物种丰富度均显著高于台湾乳白蚁。 β 多样性分析显示，黄球白蚁和台湾乳白蚁肠道微生物的群落结构具有显著差异。

(2) KEGG 信号通路分析结果显示：在台湾乳白蚁中，与氨基酸生物合成相关通路的基因和与固氮有关的基因的相对丰度显著高于黄球白蚁。在黄球白蚁中，与寡糖降解有关的通路，与固定的氮的利用有关的通路和与氨基酸转运有关的通路的基因的相对丰度显著高于台湾乳白蚁。基于 CAZy 信号通路分析发现，在黄球白蚁中，寡糖降解酶 (GH3, GH42 和 GH43) 的相对丰度显著高于 (u 检验, $P < 0.05$) 台湾乳白蚁，它们主要催化 α -L-阿拉伯呋喃糖苷酶。同时，攻击阿拉伯糖侧链的脱支酶的 GH51 的相对丰度在黄球白蚁中同样显著高于 (u 检验, $P < 0.05$) 台湾乳白蚁。进一步对注释的碳水化合物活性酶进行分类发现，相比于台湾乳白蚁，黄球白蚁由更丰富的 GHs 编码内切纤维素酶和内切半纤维素酶。

(3) 两种白蚁肠道微生物的内切-1,4- β -D-葡萄糖水解酶和酸性木聚糖酶的活性测定的结果显示黄球白蚁肠道微生物的内切-1,4- β -D-葡萄糖水解酶活性显著高于 (t 检验, $P < 0.05$) 台湾乳白蚁。黄球白蚁肠道微生物的酸性木聚糖酶活性显著低于 (t 检验, $P < 0.05$) 台湾乳白蚁。

以上结果表明，黄球白蚁和台湾乳白蚁食性不同导致其肠道微生物结构和功能存在差异。基于 CAZy 注释发现，黄球白蚁中编码纤维素酶和半纤维素酶的 GHs 的种类显著高于台湾乳白蚁。CAZymes 的分类分布结果表明，黄球白蚁和台湾乳白蚁编码碳水化合物活性酶的细菌不同。本研究对食木高等白蚁和食木低等白蚁肠道微生物群落多样性以及基因功能进行了系统分析，其结果为木质纤维素降解基因的挖掘奠定了基础。