

5种齿小蠹肠道与非肠道共生微生物群落构建与功能特征研究

刘彩霞¹, 王慧敏¹, 王正², 吕全^{1*}

(1 中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护研究所, 国家林业和草原局森林保护学重点实验室, 北京 100091;

2 山东农业大学植物保护学院, 山东泰安 271018)

摘要:【目的】齿小蠹 *Ips* (鞘翅目 Curculionidae: 小蠹亚科 Scolytinae) 是北半球生态和经济上的重要针叶树害虫。大量研究已经证明多种微生物与小蠹形成稳定的共生关系, 为其生长、发育、危害和暴发等提供着重要的协作功能。目前, 虽然对齿小蠹属物种的微生物多样性研究较多, 但对这些害虫相关核心区系的群落构建机制和功能探索知之甚少。【方法】采用宏基因组学方法对 5 种齿小蠹进行测序, 利用网络分析、零模型等方法对肠道和非肠道共生微生物群落多样性、微生物间的相互作用、群落构建机制的驱动因素及功能特征进行了研究。【结果】结果显示 5 种齿小蠹共生微生物群落组成和多样性与取食树木 (落叶松 larch、松树 pine 和云杉 spruce)、宿主本身、栖息环境 (肠道与非肠道) 密切相关。酵母目 Saccharomycetales 和肠杆菌目 Enterobacteriales 在 5 种齿小蠹肠道与非肠道样品中具有最高的物种多样性和相对丰度的。共线性网络分析表明肠道菌群的共生关系比非肠道菌群的更为紧密, 特别是泛菌属 *Pantoea* 和沙雷氏菌属 *Serratia* 仅出现在肠道共生微生物网络中。肠道核心菌的群落组装主要由均质化扩散 homogenizing dispersal 和非主导过程 undominated process 驱动, 而非肠道核心菌的群落组装主要由异质性选择 heterogenous selection 驱动。微生物功能特征分析发现齿小蠹肠道与非肠道共生酵母类 (*Ogataea* 和 *Wickerhamomyces*) 和长喙壳类真菌 (*Ophiostoma* 和 *Ceratocystis*) 相关的基因主要参与到氧化磷酸化和甾醇合成过程, 而不动杆菌属 *Acinetobacter*、欧文氏菌属 *Erwinia*、肠杆菌属 *Enterobacter*、沙雷氏菌属 *Serratia* 等细菌在降解萜烯类、酚类和多糖类等防御性化合物方面有着不可或缺的作用。研究发现落叶松八齿小蠹 *Ips subelongatus* 非肠道样本中与这些过程相关的基因最为丰富。此外, 研究还比较了 5 种齿小蠹肠道与非肠道显著性差异通路, 发现中华齿小蠹 *Ips chinensis* 肠道和非肠道共生微生物在功能上没有显著差异。落叶松八齿小蠹、云杉八齿小蠹 *Ips typographus*、光臀八齿小蠹 *Ips nitidus* 和天山重齿小蠹 *I. hauseri* 肠道与非肠道共生微生物分别在 17 条、2 条、6 条和 29 条通路上存在显著性差异。特别是, 在落叶松八齿小蠹和天山重齿小蠹肠道和非肠道共生微生物谷胱甘肽代谢 Glutathione metabolism、基础转录因子 Basal transcription factors 和嘌呤代谢 Purine metabolism 以及光臀八齿小蠹和天山重齿小蠹肠道和非肠道共生微生物在糖酵解/糖异生 Glycolysis / Gluconeogenesis 通路存在着显著差异。【结论】本研究首次对小蠹肠道与非肠道共生微生物群落构建机制和功能特征开展组学研究, 为理解昆虫与微生物之间的共生关系提供了有价值 and 深入的见解。