

龙凤湿地育雏期内普通鸕鹚幼鸟肠道微生物群落结构特征及功能

杨彤¹ 伍一宁*

(东北林业大学 黑龙江 哈尔滨 150040)

摘要:

为探究育雏期普通鸕鹚 (*Phalacrocorax carbo*) 幼鸟肠道微生物的群落结构特征及功能, 本研究在普通鸕鹚育雏期内对 5 只绒羽期幼鸟和 5 只针羽期幼鸟肠道微生物进行 16S rRNA 高通量测序, 共获得 1559 个 ASVs, 隶属 25 门 48 纲 81 目 121 科 181 属。其中厚壁菌门 (Firmicutes) (49.82%)、变形菌门 (Proteobacteria) (29.23%)、梭杆菌门 (Fusobacteria) (20.27%) 为优势菌门, 梭菌属 (*Clostridium*) (21.63%)、邻单胞菌属 (*Plesiomonas*) (17.28%)、梭杆菌属 (*Fusobacterium*) (15.20%) 为优势菌属。通过 Wilcoxon 检验比较了针羽期与绒羽期幼鸟肠道微生物的 α 多样性指数 (包括 Observed_species 指数、Pielou_e 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数), 结果显示, 针羽期与绒羽期 Chao1 指数差异显著 ($p < 0.05$) 而其他 α 多样性指数并没有显著差异 ($p > 0.05$)。结果表明在幼鸟生长发育的不同阶段, 肠道微生物的物种组成发生了变化, 但总体多样性水平保持相对稳定。基于 Bray-Curtis 距离指数的 PCoA 分析表明绒羽期和针羽期幼鸟肠道微生物群落组成结构具有显著差异, 通过 PERMANOVA 分析 ($p = 0.001$, $q = 0.001$) 进一步证实了这一点。LEfSe 分析表明, 门水平上绒羽期幼鸟和针羽期幼鸟间仅放线菌门 (Actinobacteria) 具有显著差异, 而属水平上共有 7 个属具有显著差异, 绒羽期 5 个属 (消化链球菌属 (*Peptostreptococcus*)、鲸杆菌属 (*Cetobacterium*)、肠球菌属 (*Enterococcus*)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、节肢念珠菌属 (*Candidatus arthromitus*)), 针羽期 2 个属 (梭菌属 (*Clostridium*)、志贺氏菌属 (*Shigella*))。绒羽期幼鸟肠道微生物群落中以益生菌为主, 有助于建立健康的肠道环境, 促进营养吸收和免疫系统的发展。而针羽期幼鸟肠道微生物群落中梭菌属和志贺氏菌属潜在致病菌的出现可能反映了肠道环境的某种不稳定因素。在基于 PICRUST2 的第 2 层级 MetaCyc 途径微生物群落功能分析中共确定了 60 个功能类群, 核苷和核苷酸生物合成 (16.82%)、辅因子、辅基、电子载体和维生素生物合成 (14.60%)、氨基酸生物合成 (14.03%) 为前 3 位主要的功能类群。通过 Wilcoxon 秩和检验发现共有 74 条代谢通路在绒羽期和针羽期之间存在显著差异, 其功能可归纳为生物合成 (45 条)、降解/利用/同化 (16 条)、前体代谢物和能量的产生 (12 条)、大分子修饰 (1 条)。作为幼鸟发育的两个重要阶段, 其差异代谢通路的存在反映了幼鸟在不同发育阶段对于营养物质、能量和生物分子的需求差异。本研究揭示了育雏期普通鸕鹚幼鸟肠道微生物的群落结构特征和功能, 为理解肠道微生物与宿主生长发育及环境的关系提供了重要信息。

关键词: 16S rRNA 肠道微生物 普通鸕鹚幼鸟 结构特征 功能分析

联系方式

Email: 2023120701@nefu.edu.cn