

不同饲料对花绒寄甲生长发育、繁殖和成虫肠道细菌群落的影响

郭佳丽¹, 张岑钰¹, 张 猛¹, 唐光辉¹, 张正青^{1*}

(1. 西北农林科技大学林学院, 杨凌 712100)

摘要:【目的】花绒寄甲 *Dastarcus helophoroides* 目前已实现室内人工饲养扩繁, 然而, 不同配方饲料对花绒寄甲成虫及后代生长发育影响显著。根据花绒寄甲成虫在野外条件下食物来源配置的人工饲料, 是否适用于现阶段长期室内饲养种群生长发育有待进一步研究。本研究旨在探讨不同饲料对花绒寄甲生长发育、繁殖以及成虫肠道细菌群落的影响, 为优化饲料配方提供理论基础。【方法】配制 6 种不同配方饲料[干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 40 mL(I)、木粉 5 g+干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 35 mL (II) 、蚕蛹粉 10 g+干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 30 mL(III) 、大麦虫干粉 10 g+干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 30 mL(IV) 、蚕蛹粉 10 g+干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 25 mL(V)和大麦虫干粉 10 g+干酵母 10 g+蔗糖 3 g+琼脂 3 g+冻干蛋黄粉 9 g+纯净水 25 mL(VI)]饲喂花绒寄甲成虫, 以未取食饲料的作为对照组, 统计花绒寄甲亲代成虫体重、体长、体宽、累计死亡率、产卵前期、单雌日均产卵量和单雌总产卵量, 并统计花绒寄甲子一代孵化率、幼虫寄生率、结茧率、幼虫历期、茧期和羽化率; 同时, 利用 Illumina NovaSeq 对取食不同饲料花绒寄甲成虫肠道细菌 16S rDNA 的 V4-V5 变异区进行测序, 分析肠道细菌多样性、物种组成和群落结构差异; 对核心肠道细菌丰度与各项生理指标进行关联分析, 解析与花绒寄甲生长发育和繁殖具有关联性较高的肠道细菌。【结果】取食饲料VI的花绒寄甲成虫单雌总产卵量最高, 可达 1 198.72 粒, 取食饲料IV的次之, 为 1 068.16 粒; 取食饲料I和III的最低, 分别为 755.84 和 732.80 粒。同时, 取食饲料IV—VI的花绒寄甲成虫产卵前期最短, 平均为 21.44±0.20 d。取食饲料VI的花绒寄甲子一代孵化率和羽化率最高, 显著高于取食饲料I和II的。测序获得花绒寄甲新羽化成虫肠道细菌 16S rDNA 优化序列 4 781 552 条, 聚类得到 758 个可操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs), 注释到 11 个门 22 个纲 40 个目 63 个科 90 个属。在门水平, 肠道细菌优势菌门为厚壁菌门(Firmicutes)和变形菌门(Proteobacteria), 在属水平, 取食饲料的成虫肠道优势菌属乳球菌 *Lactococcus* 较对照组的丰度显著增加, 取食饲料IV—VI成虫肠道内乳球菌属相对丰度随着饲喂时间增加逐渐增高。Alpha 多样性分析结果表明, 对照组的肠道细菌多样性最高, 取食不同饲料导致肠道细菌多样性降低; Beta 多样性分析结果表明, 对照组与取食不同饲料后成虫肠道细菌群落结构差异较大, 但取食不同饲料成虫间肠道细菌群落结构相似。KEGG 分析结果表明取食不同饲料不同时间成虫肠道细菌基因参与代谢通路与对照组的相似, 差异不显著。核心肠道细菌丰度与成虫生长繁殖和子代幼虫适应性具有一定相关性, 如片球菌属可能降低子一代孵化率, 肠球菌属可能缩短产卵前期、降低寄生率和增加羽化率, 肠球菌属分别与乳杆菌属在产卵前期以及与芽孢杆菌属在羽化率方面作用相反。【结论】取食不同饲料对花绒寄甲成虫生长发育、繁殖、肠道微生物及子代适合度均有显著影响, 取食添加了大量木粉和木粉的人工饲料VI的花绒寄甲成虫繁殖力最强、子代适合度最高, 更适合于长期室内饲养的花绒寄甲种群。同时, 取食饲料导致花绒寄甲肠道细菌群落结构发生变化, 肠道细菌丰富度和多样性降低, 但乳球菌属的相对丰度增加; 乳球菌属可能在花绒寄甲成虫繁殖和幼虫生长发育中发挥重要作用, 为改善花绒寄甲室内繁育提供重要参考。

关键词:花绒寄甲; 人工饲料; 肠道微生物; 16S rDNA; 生长发育; 繁殖