



# 三个地理种群野生棘胸蛙 肠道微生物多样性和功能分析

李 晗<sup>1</sup>, 万 刚<sup>1</sup>, 王岩峰<sup>2</sup>, 朱 飘<sup>1</sup>,  
郑荣泉<sup>1,3</sup>, 阳 钢<sup>1,4</sup>, 朱灵红<sup>1</sup>, 胡晓晓<sup>1,3\*</sup>

- 浙江师范大学野生动物生物技术与保护利用省重点实验室, 金华, 321004;
- 永康市自然资源和规划局, 永康, 321300;
- 浙江师范大学行知学院, 兰溪, 321100;
- 南昌大学生命科学学院水产科学系, 南昌, 330031)

## 稿件运行过程

收稿日期: 2024-08-26

修回日期: 2024-10-28



关键词: 棘胸蛙;

地理种群;

肠道微生物;

生态保护

**Keywords:** Giant spiny frog (*Quasipaa spinosa*);

Geographic population;

Intestinal microorganism;

Ecological conservation

中图分类号: Q938

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2025)-02-0376-10

DOI: 10.12375/ysdwxb.20250215

## 摘要

研究不同生活环境下棘胸蛙 (*Quasipaa spinosa*) 肠道微生物的差异, 利用 16S rRNA 高通量测序技术, 对中国东部(浙江)、中部(广东和江西)和西部(广西和贵州)3个地理种群的棘胸蛙进行肠道菌群的多样性和功能分析。测序结果显示: 东部、中部和西部地区共有 OTU 530 个, 各地区特有 OTU 分别为 48、123、118 个。西部地区棘胸蛙肠道菌群的物种丰富度和多样性最高, 3 个地理种群棘胸蛙的优势菌门均为拟杆菌门 (Bacteroidetes)、变形菌门 (Proteobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes)。在属水平上, 西部地理种群的阿克曼菌属 (*Akkermansia*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*) 丰度显著高于其他 2 个地理种群, 东部地理种群的小螺菌属 (*Mucispirillum*) 丰度较其他 2 个地理种群高。3 个地理种群棘胸蛙肠道微生物功能也存在共性, 主要集中于新陈代谢中的能量代谢、碳水化合物代谢和氨基酸代谢等方面。本研究从肠道微生物角度探究棘胸蛙的环境适应性, 为其生态保护和健康养殖提供新的理论依据。

## Analysis of the Intestinal Microbial Diversity and Function of the Giant Spiny Frog from Three Geographic Populations

基金项目: 国家自然科学基金项目(32370454); 江西省渔业种业联合育种攻关项目(2023yyzygg-03); 金华市科技计划项目(2020-2-015); 永康市野生动物资源本底调查项目

第一作者简介: 李晗(2001—), 女, 硕士研究生; 主要从事野生动物保护研究。E-mail: 2089504899@qq.com

\* 通信作者: 胡晓晓, E-mail: xxhu@zjnu.cn

LI Han<sup>1</sup>, WAN Gang<sup>1</sup>, WANG Yanfeng<sup>2</sup>, ZHU Piao<sup>1</sup>,  
ZHENG Rongquan<sup>1,3</sup>, YANG Gang<sup>1,4</sup>, ZHU Linghong<sup>1</sup>, HU Xiaoxiao<sup>1,3\*</sup>

(1. Key Laboratory of Wildlife Biotechnology, Protection and Utilization, Zhejiang Normal University, Jinhua, 321004, China;

2. Yongkang Natural Resources and Planning Bureau, Yongkang, 321300, China;

3. Xingzhi College, Zhejiang Normal University, Lanxi, 321100, China;

4. Department of Fisheries Science, College of Life Sciences, Nanchang University, Nanchang, 330031, China)

**Abstract:** To study the differences in intestinal microorganisms of the giant spiny frog (*Quasipaa spinosa*) in different living environments, 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used to analyze the diversity and function of the intestinal flora of *Q. spinosa* from three geographic populations in eastern (Zhejiang), central (Guangdong and Jiangxi), and western (Guangxi and Guizhou) China. The sequencing results showed there were a total of 530 OTUs (operational taxonomic units) in the eastern, central, and western regions, with 48, 123, and 118 OTUs specific to each region, respectively. The species richness and diversity of the gut flora of *Q. spinosa* were highest in the western region, with Bacteroidetes, Proteobacteria, and Firmicutes being the dominant phyla across all three geographic populations. At the genus level, the abundance of *Akkermansia* and *Serratia* was significantly higher in the western population compared to the other two populations, while the abundance of *Mucispirillum* was higher in the eastern population. The intestinal microbiota functions of the three geographic populations also showed commonalities, mainly focusing on energy metabolism, carbohydrate metabolism, and amino acid metabolism. This study explored the environmental adaptability of *Q. spinosa* from the perspective of intestinal microorganisms, and provided new theoretical insights for its ecological conservation and healthy breeding.

肠道微生物是指在动物肠道内适应后定植生长的数量庞大的微生物,它们依靠宿主存活,被称为“额外的器官”,在宿主生长发育、食物选择、消化吸收和免疫调节等方面起着重要作用<sup>[1-2]</sup>。肠道微生物的组成受多种因素的影响,如饮食、宿主遗传和地理分布等<sup>[3-6]</sup>。两栖动物是连接水生和陆生的关键物种,对环境变化高度敏感,其肠道菌群结构对于解析两栖动物肠道菌群的稳定性和动态发展,探索两栖动物健康稳态维持和适应性进化的机制意义重大。目前的研究主要集中在季节和不同发育阶段对两栖动物肠道微生物菌群变化的影响,如Lee *et al.*<sup>[7]</sup>研究发现日本皱蛙(*Glandirana rugosa*)幼蛙和成年蛙肠道菌群存在显著差异,Tong *et al.*<sup>[8]</sup>对不同季节的黑龙江林蛙(*Rana amurensis*)和东北林蛙(*R. dybowskii*)肠道微生物组成的分析表明,季节会影响蛙类肠道菌群的变化。现阶段对自然栖息地中宿主相关微生物群的生态动态和功能理解有限,Bletz *et al.*<sup>[9]</sup>已发现火蝾螈(*Salamandra salamandra*)的肠道菌群具有生境特异性,然而关于地理分布对蛙类肠

道菌群的影响研究十分匮乏。

棘胸蛙(*Quasipaa spinosa*)又名石蛙,隶属两栖纲(Amphibia)无尾目(Anura),主要栖息于中国南方丘陵地区,是我国重要的大型野生蛙<sup>[10]</sup>。目前,由于人类滥捕及生境被破坏,棘胸蛙种群规模逐年减小,已被IUCN濒危物种红色名录列为易危(UV)物种<sup>[11]</sup>。本实验室前期利用线粒体DNA序列变异和微卫星分子标记研究了棘胸蛙的遗传多样性、遗传结构和系统地理格局,结果发现国内棘胸蛙分为3个不同的支系,每个支系都具有相对应的地理分布区:中国的西部、中部和东部<sup>[12]</sup>。本研究基于高通量测序技术,对中国东部(浙江)、中部(广东和江西)和西部(广西和贵州)3个地理种群的棘胸蛙肠道微生物群落结构和功能进行分析,旨在揭示不同地理种群棘胸蛙肠道微生物组成的特点。研究结果对于理解不同地理环境与两栖动物肠道菌群种类和丰度之间的关系有着重要的理论意义,可为后续棘胸蛙的生态保护、人工养殖和疾病防治提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本来源

在中国东部(浙江金华)、中部(广东清远和江西赣州、南昌)和西部地区(广西贺州和贵州)采集成体棘胸蛙个体作为研究样本。每个地区采集10个样本,其中中部地区的广东清远采集4个样本,江西赣州和南昌各采集3个样本,西部地区的广西贺州和贵州各采集5个样本,总计30个样本。

所有样本均在春季(3月)采集,以保证季节对肠道微生物组成的影响最小。在采样过程中,每个棘胸蛙个体均被迅速捕捉,并立即放入预先准备好的无菌袋中,保持低温运输至实验室。动物试验经浙江师范大学实验动物管理与伦理委员会批准(ZSDW2024044)。

### 1.2 研究方法

#### 1.2.1 棘胸蛙肠道样本的采集

双毁髓法处死棘胸蛙后,解剖取出肠胃;剪下肠末端含有大量内容物的部分,置于标记好的灭菌离心管中,液氮速冻后置于 $-80^{\circ}\text{C}$ 保存。

#### 1.2.2 DNA提取和测序

将肠道组织及内容物一起匀浆用于DNA提取。使用DNeasy PowerSoil Kit试剂盒提取样本的总DNA,用NanoDrop 2000分光光度计和1.2%的琼脂糖凝胶电泳进行检测,确保DNA的纯度和完整性。

每个样本取纯化后的30 ng高质量基因组DNA作为模板,使用Illumina公司的特异性融合引物(上游引物序列:5'-GTGYCAGCMGCCGCGTA-3';下游引物序列:5'-CCCCGYCAATTCMTTTRAGT-3')对16S rRNA的V4可变区进行PCR扩增。PCR反应体系总量为50  $\mu\text{L}$ ,包括23  $\mu\text{L}$ 的2  $\times$  KAPA HiFi HotStart ReadyMix, 2  $\mu\text{L}$  DNA模板,正、反向引物(10  $\mu\text{mol/L}$ )各1  $\mu\text{L}$ , 23  $\mu\text{L}$ 无核酸酶水。PCR扩增程序:95  $^{\circ}\text{C}$ 预变性3 min;95  $^{\circ}\text{C}$ 变性30 s,55  $^{\circ}\text{C}$ 退火30 s,72  $^{\circ}\text{C}$ 延伸30 s,循环25次;最后72  $^{\circ}\text{C}$ 延伸5 min。PCR产物通过Agencourt AMPure XP磁珠纯化后在深圳华大基因股份有限公司的Illumina MiSeq平台进行PE250测序。

#### 1.2.3 生物信息学分析

对测序数据进行生物信息学分析,主要步骤:(1)首先使用fastp软件去除低质量、低复杂度和接头污染的reads,然后利用Flash v1.2.11将双末端测

序得到的成对reads组装成高变区的Tags,最后使用Uparse v7.0.1001以97%相似度进行OTU聚类。(2)选用Silva 16S rRNA数据库,通过RDP classifier v2.2软件将OTU代表序列与其比对,进行物种注释。(3)基于Mothur v1.21.1计算 $\alpha$ 多样性指数(Chao1、Ace、Shannon、Simpson指数),以分析各地理种群肠道菌群丰富度和多样性,采用R 4.0.2 Shapiro.test函数检验试验数据正态性,用t.test函数检验数据间是否具有显著差异,显著性水平设定为0.05;使用Microeco v0.14.1计算Bray-Curtis进行 $\beta$ 多样性分析,通过NMDS展示样品间的相似性,使用R 4.0.2 Vegan包进行ANOSIM相似性分析,显著性水平设定为0.05。(4)使用PICRUSt软件,根据物种注释和OTU丰度数据对棘胸蛙肠道微生物进行KEGG通路功能注释

## 2 结果与分析

### 2.1 肠道菌群OTUs分析

30个样本共获得有效序列1 762 256条,平均样本长度为252 bp,在97%的相似度注释下获得OTU总数为1 145个。其中东部地区共有687个OTUs,中部地区共有926个OTUs,西部地区共有918个OTUs,东部、中部和西部地区共有OTU 530个,东部地区特有OTU 48个,中部地区特有OTU 123个,西部地区特有OTU 118个(图1),说明不同地区棘胸蛙肠道微生物种类差异较大。

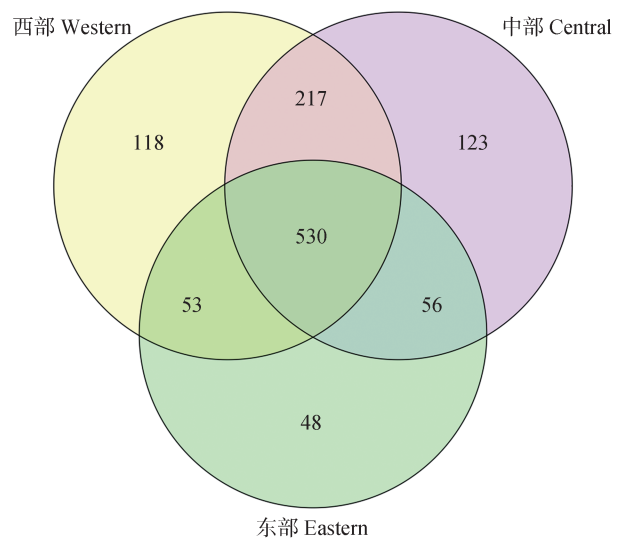


图1 不同地理种群棘胸蛙肠道菌群OTU分布韦恩图

Figure 1 OTU distribution Venn chart of intestinal flora in *Quasipaa spinosa* in different geographic populations

## 2.2 棘胸蛙肠道菌群结构分析

在门水平上对3个地理种群的棘胸蛙肠道菌群进行鉴定,结果显示共注释到19个门,其中相对丰度较高(大于1%)的门有7个,分别为拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、梭杆菌门(Fusobacteria)、脱铁杆菌门(Deferribacteres)和螺旋体门(Spirochaetes)。东部地理种群棘胸蛙肠道优势菌群为拟杆菌门(45.75%)、变形菌门(20.34%)、厚壁菌门(14.07%)、脱铁杆菌门(9.43%)和梭杆菌门

(5.50%)。中部地理种群棘胸蛙肠道优势菌群为拟杆菌门(40.23%)、变形菌门(27.41%)、厚壁菌门(13.48%)和梭杆菌门(8.43%)。西部地理种群棘胸蛙肠道优势菌群为拟杆菌门(30.14%)、厚壁菌门(21.38%)、变形菌门(20.41%)、疣微菌门(16.79%)和脱铁杆菌门(6.47%)(图2)。每个门类细菌在不同地理分布区的棘胸蛙肠道中的丰度存在差异,但排名前3的菌门均为拟杆菌门、变形菌门和厚壁菌门,这3个菌门既是棘胸蛙肠道菌群中的优势菌门,也是核心菌门。

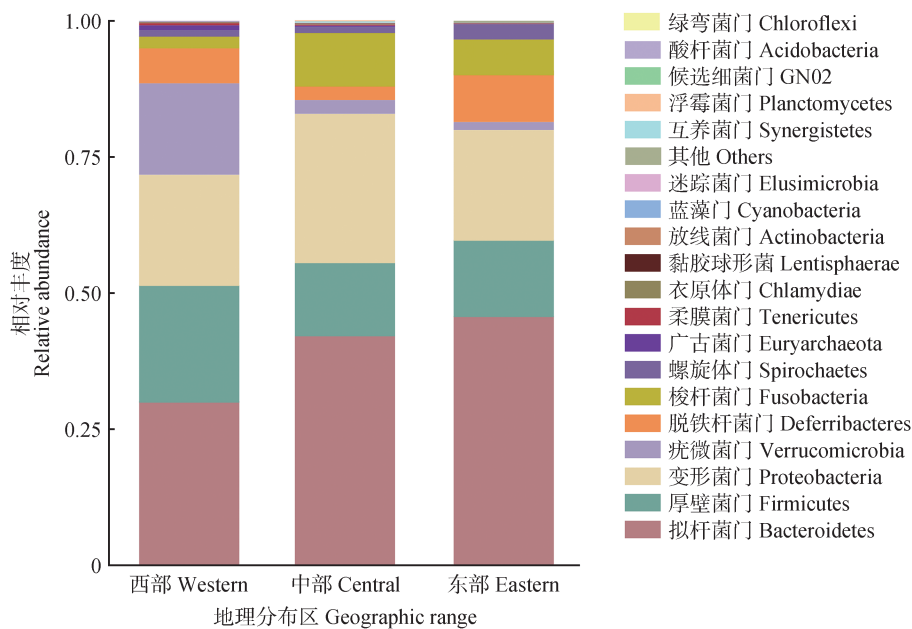


图2 门水平棘胸蛙肠道菌群相对丰度

Figure 2 Relative abundance of intestinal flora in *Quasipaa spinosa* at phylum level

从属水平结构来看,3个地理种群均有大量未被注释的菌群,其中西部地区占43.91%,中部地区占40.26%,东部地区占35.89%。除未被注释的菌群外,西部地区优势菌群为阿克曼氏菌属(*Akkermansia*, 7.91%)、PW3(7.58%)、沙雷氏菌属(*Serratia*, 7.21%)、小螺菌属(*Mucispirillum*, 6.47%)和拟杆菌属(*Bacteroides*, 4.54%)。中部地区优势菌群为拟杆菌属(16.98%)、PW3(6.31%)、鲸杆菌属(*Cetobacterium*, 5.62%)、脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*, 4.20%)和小螺菌属(3.65%)。东部地区优势菌群为拟杆菌属(15.86%)、小螺菌属(9.43%)、副拟杆菌属(*Parabacteroides*, 6.93%)、脱硫弧菌属(5.75%)、鲸杆菌属(5.49%)和PW3(4.33%)(图3)。在3个地理种群中都出现且相对丰度较高的菌属为拟杆菌属、小螺菌

属和PW3。

## 2.3 三个地理种群棘胸蛙肠道菌群的差异

### 2.3.1 $\alpha$ 多样性分析

在探讨棘胸蛙肠道菌群生态特征时, $\alpha$ 多样性指数作为关键指标,能够揭示其丰富度与均匀度的内在特性。Chao1和Ace指数反映样本中群落的丰富度,西部地区的Chao1和Ace指数均显著高于中部地区和东部地区( $P < 0.05$ ),表明西部地区棘胸蛙肠道菌群的物种丰富度最高。Shannon和Simpson多样性指数能够表征物种多样性,且Simpson指数还可以反映物种均匀度,西部地区的Simpson指数最高( $P < 0.05$ ),Shannon指数较高,说明西部地区棘胸蛙肠道菌群种数最多且分布均衡(图4)。

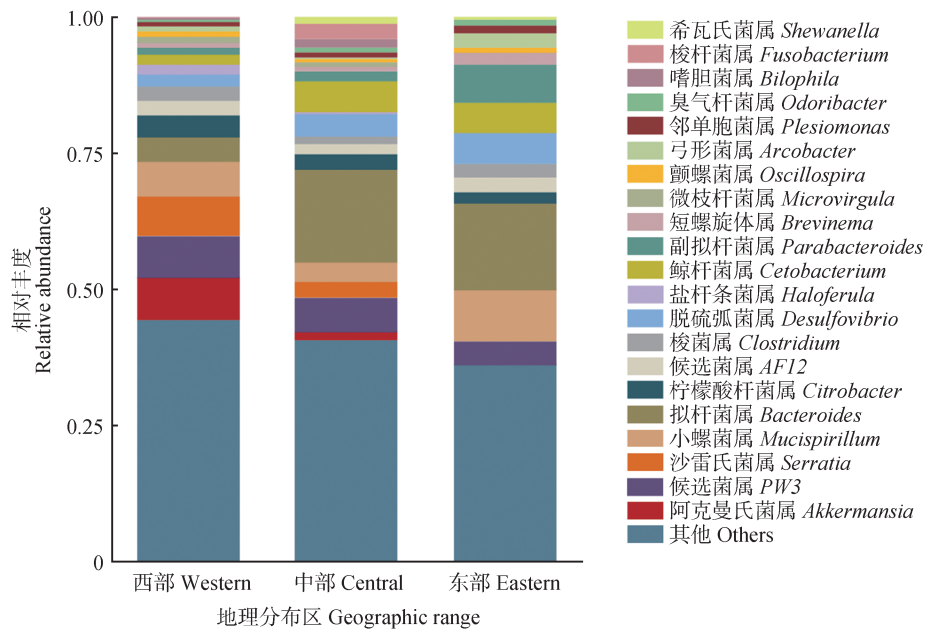


图3 属水平棘胸蛙肠道菌群相对丰度

Figure 3 Relative abundance of intestinal flora in *Quasipaa spinosa* at genus level

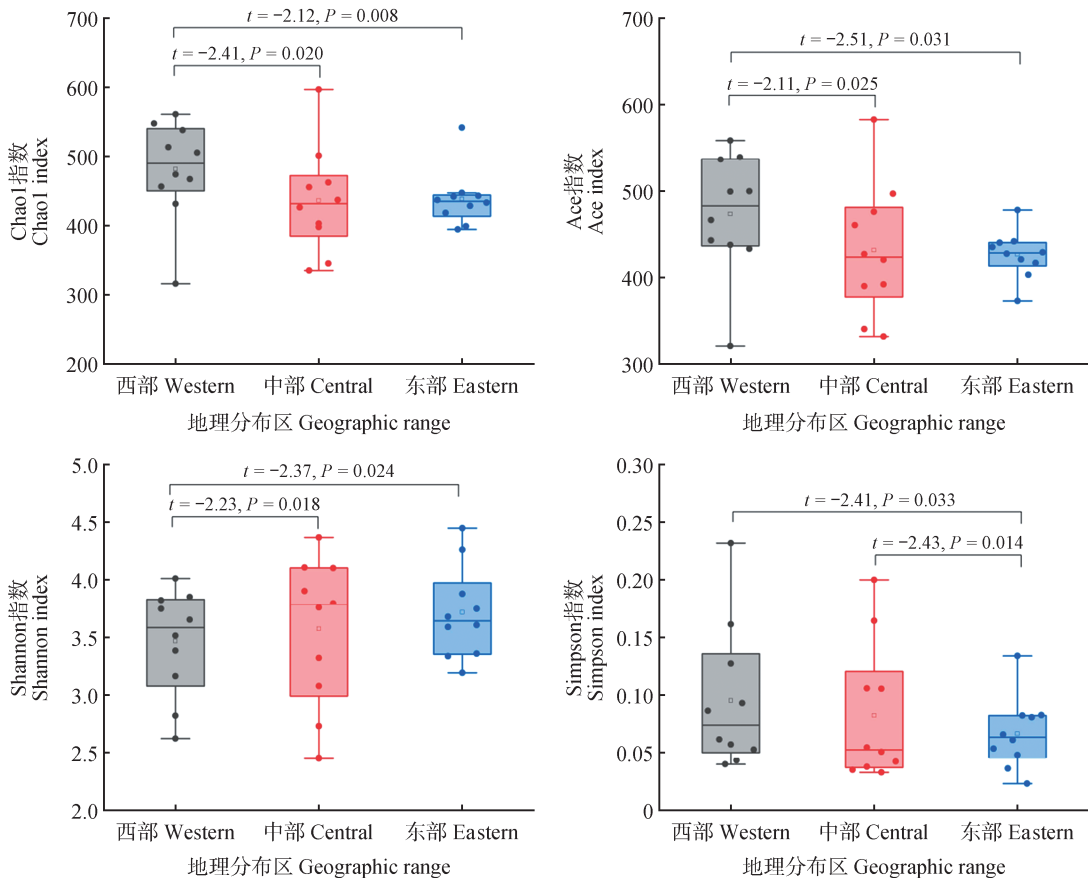


图4 不同地理种群棘胸蛙肠道菌群α多样性指数

Figure 4 α diversity index of intestinal flora in *Quasipaa spinosa* in different geographic populations

2.3.2 β多样性分析

β多样性分析能够揭示不同地理种群棘胸蛙之

间肠道菌群结构的相似性与差异性。利用基于

Bray-Curtis的NMDS分析和ANOSIM分析不同地理

种群肠道菌群组成相似性, NMDS 的置信椭圆越小, 样本点越聚集, 该地区棘胸蛙肠道菌群组成的相似度越高。结果表明, 东部地区的棘胸蛙肠道菌群组成相似度最高, 中部地区相似度最低。从不同地区来看, 3 个地区的样本点分布位置稀疏, 间隔较远, 说明不同地理种群棘胸蛙肠道菌群差异显著 ( $P < 0.01$ ) (图 5)。

### 2.4 棘胸蛙肠道微生物功能预测

通过 PICRUSt 分析, 探究棘胸蛙肠道微生物群落的功能潜力, 其预测的功能基因能够精准映射至 KEGG 数据库的 6 条一级通路以及 39 条二级通路中。一级通路揭示了代谢、遗传信息处理、环境信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统六大核心功能域。值得注意的是, 50% 左右的功能基因富集到新陈代谢通路 (图 6), 凸显了棘胸蛙肠道微生物促进消化代谢的核心作用。进一步细化至二级通路, 基因主要富集在新陈代谢通路中的碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅助因子和维生素的代谢、核苷酸代谢; 遗传信息处理通路中的 DNA 复制, RNA 的转录调控和蛋白质的翻译以及细胞过程类通路中的信号转导

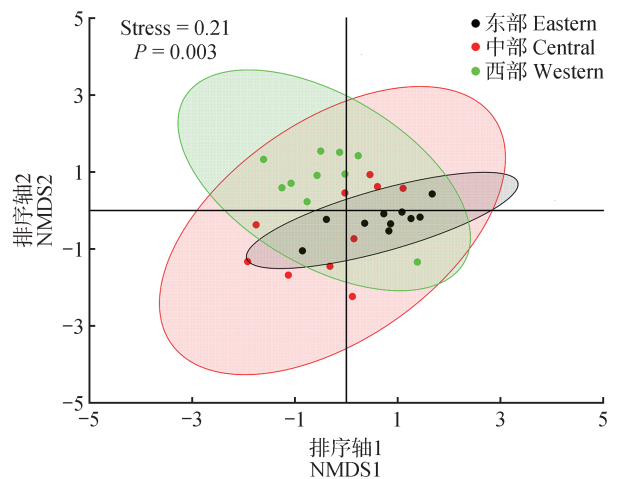


图 5 不同地理种群棘胸蛙肠道菌群非度量多维排列 (NMDS)  $\beta$  多样性

Figure 5 Non-metric multidimensional arrangement (NMDS)  $\beta$ -diversity of intestinal flora in *Quasipaa spinosa* in different geographic populations

和细胞运动。选取前 20 条二级通路分析可知, 3 个地理种群棘胸蛙肠道微生物的功能基因相对丰度相似, 同时也存在差异, 西部地区棘胸蛙脂质代谢增加, 东部地区棘胸蛙与膜运输相关的基因途径增加 (图 7)。

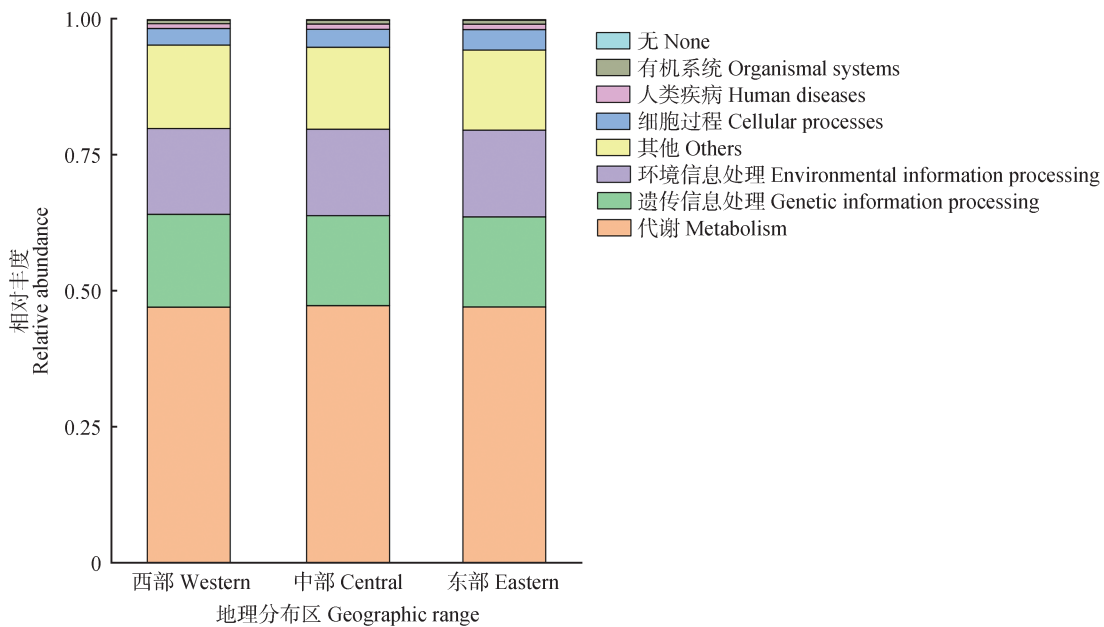


图 6 不同地理种群棘胸蛙样品一级通路功能占比

Figure 6 Percentage of level 1 pathway function in samples from different geographic populations

## 3 讨论

### 3.1 棘胸蛙不同地理种群肠道菌群多样性

通过对 3 个地理种群棘胸蛙肠道菌群进行  $\alpha$  多

样性分析可知, 西部地区棘胸蛙肠道菌群的物种丰富度和多样性均最高, 有助于抵御更多的潜在问题定植者。大量研究表明, 肠道微生物多样性与食物丰富度有关<sup>[13-14]</sup>, 推测可能原因为西部地区广西贺

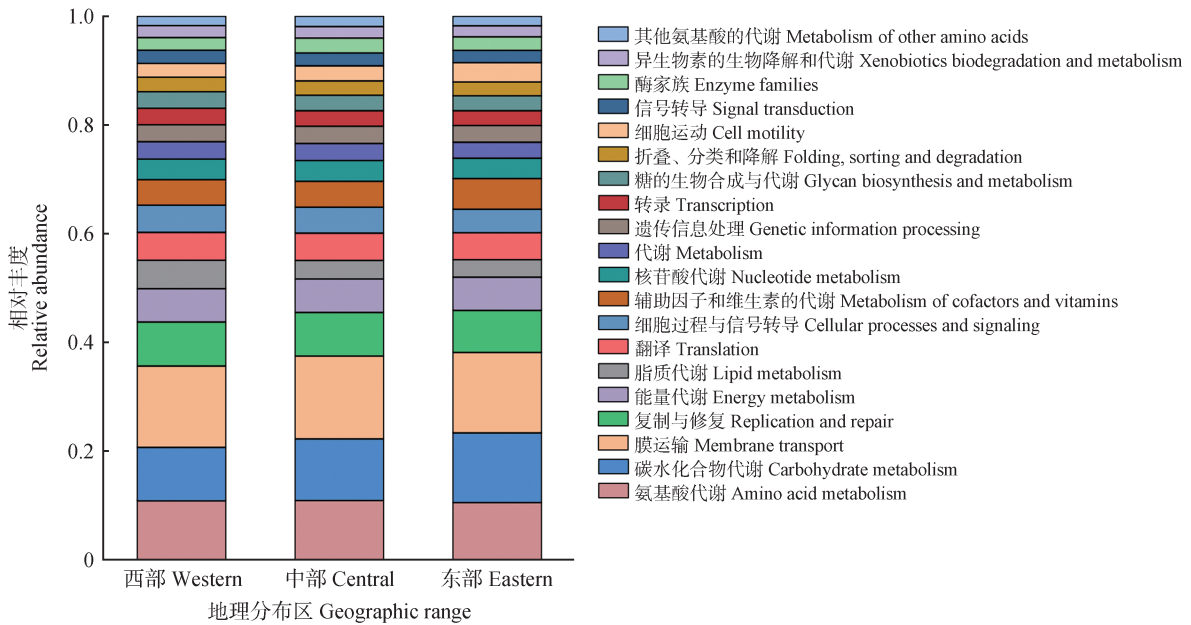


图7 不同地理种群棘胸蛙样品前20条二级通路功能占比

Figure 7 Percentage of top 20 level 2 pathway function in samples from different geographic regions

州和贵州的采样位置地势复杂,与棘胸蛙食物资源较丰富有关。 $\beta$ 多样性分析显示,肠道菌群组成相似度最高的为东部地区,最低的为中部地区,这与OTU的检测结果一致,韦恩图表明东部地区棘胸蛙肠道菌群特有的OTU数目最少,中部地区特有的OTU数目最多。3个地理种群棘胸蛙的肠道微生物差异较大。系统发育研究显示,3个地理种群分属3个不同支系,并推测为隐存种<sup>[12]</sup>,因此本研究结果也为棘胸蛙的分类提供了新证据,同时也为研究棘胸蛙系统发生和进化提供了新视角。

### 3.2 棘胸蛙肠道菌门结构特征

采用16S rRNA高通量测序技术,深入分析不同地理种群棘胸蛙的肠道菌群结构,结果显示3个地理种群棘胸蛙的肠道菌群优势菌门均为拟杆菌门、厚壁菌门和变形菌门,这一发现与先前关于黑斑侧褶蛙(*Pelophylax nigromaculata*)<sup>[15]</sup>、虎纹蛙(*Hoplobatrachus chinensis*)<sup>[16]</sup>、东北林蛙<sup>[17]</sup>及北美豹蛙(*Lithobates pipiens*)<sup>[18]</sup>等肠道菌群的研究结果相吻合。基于这些相似性,推断拟杆菌门、厚壁菌门及变形菌门构成了蛙类肠道环境中固有且稳定的微生物群落结构,其组成比例可能受到遗传基因多样性、食性偏好、个体健康状况以及特定地理环境因素等多重因素的调控。拟杆菌门是棘胸蛙中第一大肠道微生物门,对棘胸蛙的生长快慢和健康与否起决定性作用。拟杆菌门通过促进多糖的降解和蛋白质的吸收、加

速营养利用和维持肠道微平衡而对动物产生益生菌效应<sup>[2,19]</sup>,除此之外,拟杆菌门能与蛋白质、脂肪及DNA等有机物质进行密切的转换,是水环境中碳循环的重要组成部分<sup>[4,20-21]</sup>。成熟棘胸蛙喜欢捕食高蛋白昆虫,相对丰度较高的拟杆菌门会促进棘胸蛙的生长代谢<sup>[22]</sup>。变形菌门内涵盖了丰富的细菌种类,有益菌能够灵活调节代谢,预防肠道疾病;然而某些病原菌的增加被认为是生态失调和疾病风险的标志<sup>[23]</sup>。3个地理种群棘胸蛙肠道中变形菌门的丰度均在正常范围内,说明其肠道菌群相对平衡。厚壁菌门细菌能够促进肠道对脂肪酸的吸收,而且有助于膳食纤维的降解,并将纤维降解为挥发性脂肪酸以供宿主利用,加强了宿主肠道微生物群与能量营养状态之间的联系<sup>[24-25]</sup>。西部地区棘胸蛙肠道菌群中厚壁菌门的丰度显著高于中部地区和东部地区,这与饮食习惯和宿主生理有关,推测西部地区的棘胸蛙偏爱高脂蛋白的食物<sup>[18,26]</sup>。值得关注的是,疣微菌门在西部地区占有较高比例,而在东部地区和中部地区只有少量存在。研究表明疣微菌门的某些菌群可以通过独特的酶系统降解利用复杂碳水化合物,如岩藻多糖、几丁质和硫酸化甲基戊糖等,进而促进生态系统中碳、硫等元素的循环与再利用<sup>[27-28]</sup>,这可能与西部地区的土壤和水中富含复杂性多糖有关,棘胸蛙通过提高疣微菌门的丰度来应对这种环境。

### 3.3 棘胸蛙肠道菌属结构特征

根据属水平棘胸蛙肠道菌群相对分度柱状图发现:不同地区棘胸蛙肠道菌属差异较大。拟杆菌门中的拟杆菌属可以促进肠道黏膜血管形成、激活宿主的适应性免疫应答以及维持肠道微生物平衡<sup>[29-30]</sup>。东部地区和中部地区棘胸蛙肠道菌群中第一优势菌属均为拟杆菌属,而在西部地区拟杆菌属只排在第5位,但西部地区棘胸蛙健康状况良好,可能是拟杆菌门的其他菌属丰度较高和未知菌属发挥相似作用的原因。小螺菌属特异性地定植于肠道内,对肠道环境变化高度敏感,在肠炎时丰富度显著增加,穿过肠黏膜屏障引起宿主免疫反应,还可以调节宿主免疫相关基因的表达,改变宿主对炎症性肠病和肠道感染的易感性<sup>[31-32]</sup>。小螺菌属在东部地区棘胸蛙肠道菌群的丰度显著高于西部和中部地区,这表明东部地区棘胸蛙存在肠炎风险。阿克曼氏菌属和沙雷氏菌属在西部地区棘胸蛙肠道菌群中占比较大,而在东部地区丰度近似为0。阿克曼氏菌作为一种新型益生菌,在对超重人群和健康人群的肠道微生物比较研究中发现能够改善代谢、减少肥胖、缓解动物肠道炎症,恢复肠道屏障功能<sup>[33]</sup>。西部地区棘胸蛙生态环境遭到人类生活污染破坏较严重,在其肠道中检测到的高丰度阿克曼氏菌对于其他条件致病菌和内毒素败血症有一定的抑制作用,从而维持棘胸蛙肠道环境的动态平衡与功能优化。沙雷氏菌能够分泌一系列次级代谢产物,如灵菌红素等,它们展现出对脂酶、蛋白酶等生物化学物质的调控能力,进而发挥抗细菌、真菌和疟原虫等作用<sup>[34]</sup>,在西部地区棘胸蛙肠道内发现的寄生虫和病原体较少,这和沙雷氏菌相对丰度较高有关。鉴于沙雷氏菌和阿克曼氏菌的功能丰富且较为稀缺,后续可基于培养组学的方法分离西部地区棘胸蛙的阿克曼氏菌和沙雷氏菌来进行动物实验和基因组测序,探究该种源在动物饲养保护上的应用。

### 3.4 棘胸蛙肠道菌群功能预测

在本研究中PICRUSt功能预测结果显示,3个地理种群棘胸蛙的微生物功能相似,棘胸蛙肠道菌群的基因功能50%左右与新陈代谢类有关,表明肠道菌群在促进肠道内复杂生化物质消化与代谢过程中是核心角色,是维持宿主能量平衡和营养状态的关键因素<sup>[35]</sup>。遗传信息的复制修复、转录翻译等功能的发现,说明肠道菌群不仅具有自我维持和进化的

能力,还可能与宿主基因表达存在交互作用,环境信息的膜转运功能则体现了肠道菌群对外部环境变化的响应和适应性<sup>[36-37]</sup>。肠道菌群的功能主要是由优势菌门的基因功能决定<sup>[38]</sup>。在水生生物体内,拟杆菌门与厚壁菌门作为关键益生菌类群,对宿主的肌肉品质具有显著影响<sup>[39]</sup>。二者比值升高,可以减少脂肪沉积,改善肌肉组织的风味特性,两菌门比值在西部地区、中部地区和东部地区分别为1.41、3.13和3.25( $P = 0.118$ ),猜测东部地区棘胸蛙的肉质会比西部和中部地区含脂质少。在未来的生产实践中,可以通过调控肠道菌群的种类和丰度,培养出风味更佳的棘胸蛙产品,从而满足市场对高品质水产品的需求。此外,不同地区的食物资源差异也可能通过影响肠道菌群功能而进一步影响棘胸蛙的生长和健康。为了更好地理解这些功能预测结果的生物学意义,未来研究可以通过功能实验和分子生物学手段验证这些假设。

## 4 结论

3个地理种群棘胸蛙的肠道菌群结构存在共性,其优势菌门均为拟杆菌门、变形菌门和厚壁菌门,同时也存在一定的差异:西部地区棘胸蛙肠道菌群的丰富度和多样性最高,疣微菌门的丰度显著增高;在属水平上,小螺菌属、沙雷氏菌属、阿克曼氏菌属和拟杆菌属在3个地理种群的棘胸蛙之间差异较大。本研究聚焦于不同地理种群棘胸蛙肠道菌群的深入剖析,不仅能够增进对棘胸蛙消化生理机制及营养需求特性的理解,而且为棘胸蛙生态环境的改善、健康养殖提供科学依据。同时,一些肠道疾病往往与肠道细菌紧密相关,研究肠道菌群有助于了解疾病发生发展的微生物学基础,从而有效进行疾病防控,保护棘胸蛙资源。

### 参考文献:

- [1] WANG Y P, LIU X, YI C Y, *et al.* The adaptive evolution in the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) revealed by the diversity of larval gut bacteria[J]. *Genes*, 2023, 14 (2): 321.
- [2] BÄCKHED F, LEY R E, SONNENBURG J L, *et al.* Host-bacterial mutualism in the human intestine[J]. *Science*, 2005, 307(5717):1915-1920.
- [3] 张阳, 韩卫杰, 张曼玉, 等. 鄱阳湖周边农田生境中越冬白鹤和鸿雁肠道微生物多样性研究[J]. *野生动物学报*, 2024, 45 (3): 551-560.

- ZHANG Y, HAN W J, ZHANG M Y, *et al.* Study on the gut microbial diversity of *Leucogeranus leucogeranus* and *Anser cygnoides* in farmland habitats around Poyang Lake[J]. Chinese Journal of Wildlife, 2024, 45(3): 551–560.
- [4] 黄明磊, 黄凯, 宿志健, 等. 不同养殖环境下中华圆田螺肠道菌群多样性试验[J]. 水产养殖, 2023, 44(10): 8–13;46.
- HUANG M L, HUANG K, SU Z J, *et al.* Analysis of intestinal flora diversity of *Cipangopaludina cahayensis* in different environments[J]. Journal of Aquaculture, 2023, 44(10): 8–13;46.
- [5] WU Y Z, ZHOU T X, YANG S M, *et al.* Distinct gut microbial enterotypes and functional dynamics in wild striped field mice (*Apodemus agrarius*) across diverse populations[J]. Microorganisms, 2024, 12(4): 671.
- [6] KRAIMI N, DAWKINS M, GEBHARDT-HENRICH S G, *et al.* Influence of the microbiota-gut-brain axis on behavior and welfare in farm animals: a review[J]. Physiology & Behavior, 2019, 210: 112658.
- [7] LEE J E, PARK J K, DO Y. Gut microbiome diversity and function during hibernation and spring emergence in an aquatic frog[J]. PLoS One, 2024, 19(2): e0298245.
- [8] TONG Q, DONG W J, XU M D, *et al.* Characteristics and a comparison of the gut microbiota in two frog species at the beginning and end of hibernation[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1057398.
- [9] BLETZ M C, GOEDBLOED D J, SANCHEZ E, *et al.* Amphibian gut microbiota shifts differentially in community structure but converges on habitat-specific predicted functions[J]. Nature Communications, 2016, 7: 13699.
- [10] 费梁, 胡淑琴, 叶昌媛, 等. 中国动物志: 两栖纲: 下卷: 无尾目: 蛙科[M]. 北京: 科学出版社, 2009: 1214–1219.
- FEI L, HU S Q, YE C Y, *et al.* Fauna Sinica: Amphibia; Vol. 3: Anura; Ranidae [M]. Beijing: Science Press, 2009: 1214–1219.
- [11] IUCN SSC Amphibian Specialist Group. *Quasipaa spinosa* [JOL]. The IUCN Red List of Threatened Species, 2023: e.T88951965A63886214 [2024-07-20]. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2023-1.RLTS.T88951965A63886214.en>.
- [12] YE S P, HUANG H, ZHENG R Q, *et al.* Phylogeographic analyses strongly suggest cryptic speciation in the giant spiny frog (Dicroglossidae: *Paa spinosa*) and interspecies hybridization in *Paa*[J]. PLoS One, 2013, 8(7): e70403.
- [13] LI D D, LI J Y, HU Z Q, *et al.* Fall armyworm gut bacterial diversity associated with different developmental stages, environmental habitats, and diets[J]. Insects, 2022, 13(9): 762.
- [14] DAPA T, XAVIER K B. Effect of diet on the evolution of gut commensal bacteria[J]. Gut Microbes, 2024, 16(1): 2369337.
- [15] 刘文舒, 郭小泽, 陈彦良, 等. 养殖黑斑蛙肠道微生物结构与功能分析[J]. 经济动物学报, 2021, 25(2): 68–76.
- LIU W S, GUO X Z, CHEN Y L, *et al.* Analysis of microbial structure and function in the intestine of farmed black-spot frog[J]. Journal of Economic Animal, 2021, 25(2): 68–76.
- [16] 刘文舒, 陈彦良, 郭小泽, 等. 虎纹蛙肠道微生物结构与功能分析[J]. 野生动物学报, 2020, 41(1): 171–181.
- LIU W S, CHEN Y L, GUO X Z, *et al.* Analysis of microbial composition and function in the intestine of farmed tiger frog (*Rana rugulosa*) [J]. Chinese Journal of Wildlife, 2020, 41(1): 171–181.
- [17] TONG Q, LIU X N, HU Z F, *et al.* Effects of captivity and season on the gut microbiota of the brown frog (*Rana dybowskii*) [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1912.
- [18] KOHL K D, CARY T L, KARASOV W H, *et al.* Restructuring of the amphibian gut microbiota through metamorphosis[J]. Environmental Microbiology Reports, 2013, 5(6): 899–903.
- [19] BÄCKHED F, DING H, WANG T, *et al.* The gut microbiota as an environmental factor that regulates fat storage[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2004, 101(44): 15718–15723.
- [20] SCHWALM N D, III, GROISMAN E A. Navigating the gut buffet: control of polysaccharide utilization in *Bacteroides* spp. [J]. Trends in Microbiology, 2017, 25(12): 1005–1015.
- [21] 王超男, 黄凯, 郭睿婕, 等. 不同脂肪源对克氏原螯虾生长性能与肠道菌群的影响[J]. 淡水渔业, 2024, 54(1): 27–35.
- WANG C N, HUANG K, GUO R J, *et al.* Effect of different lipid sources on growth performance and intestinal microbiota of *Procambarus clarkii* [J]. Freshwater Fisheries, 2024, 54(1): 27–35.
- [22] 谢展望, 顾志刚, 胡一中, 等. 野生棘胸蛙消化器官蛋白酶的分布及酶活力[J]. 动物学杂志, 2015, 50(5): 765–772.
- XIE Z W, XIE Z G, HU Y Z, *et al.* Distribution and activity of protease in digestive organs of wild giant spiny frog, *Quasipaa spinosa*[J]. Chinese Journal of Zoology, 2015, 50(5): 765–772.
- [23] SHIN N R, WHON T W, BAE J W. *Proteobacteria*: microbial signature of dysbiosis in gut microbiota[J]. Trends in Biotechnology, 2015, 33(9): 496–503.
- [24] 谢梦琪, 张诗雨, 许荔立, 等. 不同性别和生长阶段对克氏原螯虾肠道菌群多样性的影响[J]. 水生生物学报, 2021, 45(6): 1243–1254.
- XIE M Q, ZHANG S Y, XU L L, *et al.* The intestinal microbiota diversities of *Procambarus clarkia* at different sexes and growth stages[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2021, 45(6): 1243–1254.
- [25] GUO J H, LI Z, JIN Y C, *et al.* The gut microbial differences between pre-released and wild red deer: Firmicutes abundance may affect wild adaptation after release[J]. Frontiers in Microbiology, 2024, 15: 1401373.
- [26] SCHULFER A F, SCHLUTER J, ZHANG Y L, *et al.* The impact of early-life sub-therapeutic antibiotic treatment (STAT) on excessive weight is robust despite transfer of intestinal microbes [J]. The ISME Journal, 2019, 13(5): 1280–1292.
- [27] SICHERT A, CORZETT C H, SCHECHTER M S, *et al.* Verrucomicrobia use hundreds of enzymes to digest the algal polysaccharide fucoidan[J]. Nature Microbiology, 2020, 5(8): 1026–

- 1039.
- [28] ORELLANA L H, FRANCIS T B, FERRARO M, *et al.* *Verrucomicrobiota* are specialist consumers of sulfated methyl pentoses during diatom blooms [J]. *The ISME Journal*, 2022, 16(3): 630–641.
- [29] 赵成坚, 全琛宇, 霍娟, 等. 饲料和不同生活时期对人工饲养大壁虎肠道菌群的影响[J]. *野生动物学报*, 2022, 43(1): 151–158.
- ZHAO C J, QUAN C Y, HUO J, *et al.* The effects of feed and different life periods on intestinal microflora of artificially reared *Gekko gekko* [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2022, 43(1): 151–158.
- [30] DONALDSON G P, LADINSKY M S, YU K B, *et al.* Gut microbiota utilize immunoglobulin a for mucosal colonization [J]. *Science*, 2018, 360(6390): 795–800.
- [31] 江昀, 胡亚洲, 向建国, 等. 不同健康状态的棘胸蛙肠道菌群结构分析[J]. *水生生物学报*, 2022, 46(9): 1332–1340.
- JIANG Y, HU Y Z, XIANG J G, *et al.* Analysis of intestinal microbiota structure in different health conditions of *Paa spinosa* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2022, 46(9): 1332–1340.
- [32] HERP S, DURAI RAJ A C, SALVADO SILVA M, *et al.* The human symbiont *Mucispirillum schaedleri*: causality in health and disease [J]. *Medical Microbiology and Immunology*, 2021, 210(4): 173–179.
- [33] 周鑫, 张雪, 陈耀凯, 等. *Akkermansia muciniphila* 作为下一代益生菌的潜力[J]. *中国微生态学杂志*, 2023, 35(2): 239–244.
- ZHOU X, ZHANG X, CHEN Y K, *et al.* *Akkermansia muciniphila*: potentiality as a next-generation probiotic [J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2023, 35(2): 239–244.
- [34] 刘云飞, 时增增, 朱宇锟, 等. 灵菌红素抗肿瘤与生物防治研究进展[J]. *四川农业科技*, 2023(6): 110–113.
- LIU Y F, SHI Z Z, ZHU Y K, *et al.* Research progress on anti-tumor and biocontrol of prodigiosin [J]. *Sichuan Agricultural Science and Technology*, 2023(6): 110–113.
- [35] RAVI A, TRONCOSO-REY P, AHN-JARVIS J, *et al.* Hybrid metagenome assemblies link carbohydrate structure with function in the human gut microbiome [J]. *Communications Biology*, 2022, 5(1): 932.
- [36] QADRI H, SHAH A H, ALMILAIBARY A, *et al.* Microbiota, natural products, and human health: exploring interactions for therapeutic insights [J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2024, 14: 1371312.
- [37] 陈晓宁, 封托, 侯祥, 等. 雌性罗氏鼯鼠肠道微生物群落与功能预测的初步分析[J]. *野生动物学报*, 2021, 42(2): 411–419.
- CHEN X N, FENG T, HOU X, *et al.* A preliminary analysis of the intestinal microbial community and function prediction of female *Myospalax rothschildi* [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2021, 42(2): 411–419.
- [38] 施金谷, 武霞, 黄光华, 等. 不同种群罗氏沼虾幼体的肠道菌群结构与功能特征分析[J]. *水产科学*, 2023, 42(4): 674–681.
- SHI J G, WU X, HUANG G H, *et al.* Structural and functional characteristics of intestinal microbiota in different populations of *Macrobrachium rosenbergii* larvae [J]. *Fisheries Science*, 2023, 42(4): 674–681.
- [39] AHMED K, CHOI H N, CHO S R, *et al.* Association of Firmicutes/Bacteroidetes ratio with body mass index in Korean type 2 diabetes mellitus patients [J]. *Metabolites*, 2024, 14(10): 518.