

中国大鲵肠道微生物功能调控的研究进展

代玉峰^{1,2}, 蔡明成², 樊汶樵²

¹重庆三峡学院生物与食品工程学院, 重庆

²重庆文理学院园林与生命科学学院, 重庆

收稿日期: 2024年3月6日; 录用日期: 2024年6月19日; 发布日期: 2024年6月28日

摘要

中国大鲵(*Andrias davidianus*)是一种特有的两栖动物, 被列为国家二级保护动物。由于栖息地破坏和水质污染等因素的影响, 中国大鲵在野外的种群数量大幅下降。研究表明, 肠道微生物对宿主的营养代谢、免疫功能和健康状态具有重要影响, 成为当前生命科学领域的重要研究方向之一。本文综述中国大鲵肠道微生物的重要性及其组成, 探讨肠道微生物在宿主代谢、免疫功能等方面的作用。最后, 本文总结了目前对中国大鲵肠道微生物的研究现状, 展望未来可能的研究方向, 旨在为中国大鲵绿色健康繁育及其有效保护提供科学依据。

关键词

中国大鲵, 肠道微生物, 代谢, 免疫功能

Research Progress on the Functional Regulation of Intestinal Microbial in Chinese Giant Salamander

Yufeng Dai^{1,2}, Mingcheng Cai², Wenqiao Fan²

¹College of Biology and Food Engineering, Chongqing Three Gorges University, Chongqing

²College of Gardens and Life Sciences, Chongqing University of Arts and Sciences, Chongqing

Received: Mar. 6th, 2024; accepted: Jun. 19th, 2024; published: Jun. 28th, 2024

Abstract

The Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) is a unique amphibian listed as a second class protected animal. Due to habitat destruction and water pollution, the population of Chinese giant salamander in the wild has decreased significantly. Studies show that gut microbes have an im-

portant influence on the nutrient metabolism, immune function and health status of the host, and has become one of the important research directions in the field of life science. This paper summarizes the importance and composition of intestinal microbes in Chinese giant salamander, and discusses the role of gut microbes in host metabolism and immune function. Finally, this paper summarizes the current research status of intestinal microbes of Chinese giant salamander, and looks forward to the possible research directions in the future, aiming to provide scientific basis for the green and healthy breeding and effective protection of Chinese giant salamander.

Keywords

Chinese Giant Salamander, Gut Microbiota, Metabolism, Immune Function

Copyright © 2024 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

中国大鲵(*Andrias davidianus*)是我国特有的两栖动物,被列为国家二级保护动物,其体长可达 1.8 米,主要栖息于山区溪流,以食肉为主要方式获取营养。然而,由于栖息地破坏和水质污染等因素的影响,野外中国大鲵的种群数量大幅下降[1]。在动物体内,微生物扮演着重要的共生角色,参与调节宿主的多个生理过程。近年来的研究表明,在宿主的年龄增长过程中,动物肠道微生物组成会发生变化,同时通过消化食物、合成维生素等调节宿主的营养代谢、免疫功能及抗病能力等,肠道微生物的研究已成为当前生命科学领域的重要研究方向之一[2]。针对中国大鲵的相关研究表明,人工繁育条件下中国大鲵易受到细菌和真菌等病原体的感染,可能导致肠道微生物结构失调,是导致疾病的重要因素之一[3]。尽管肠道微生物的研究已经成为生物学和医学领域的热点,但对于中国大鲵肠道微生物的了解仍然相对有限。基于此,深入研究大鲵肠道微生物群落的变化情况,可提高中国大鲵绿色健康养殖水平,为其栖息地的恢复和生态系统的保护提供有效策略,为保护和管理中国大鲵提供科学依据。

2. 中国大鲵肠道微生物的组成

中国大鲵肠道微生物的成分受多种因素影响,包括饮食、环境和宿主自身特性。研究表明,中国大鲵肠道微生物主要由细菌、病毒和真菌组成,其中,细菌是肠道微生物的主要成分,占据了绝大部分比例,达到肠道微生物总数的 94% [4]。常见的细菌种类有酸奶乳杆菌(*Lactobacillus acidophilus*)和肠球菌(*Enterococcus faecalis*)以及乳酸杆菌(*Lactic acid bacteria*)等,可通过产生抗菌物质、调节肠道 pH 值、促进食物消化和吸收等参与肠道调控功能[5]。尽管真菌数量相对较少,但它们同样在中国大鲵的肠道中发挥着重要作用,一些常见的真菌包括酵母菌(*Saccharomyces cerevisiae*)和线虫菌(*Ancistrocladus korupensis*),主要通过提供营养物质,有助于宿主分解纤维素和其他难以消化的物质[6]。此外,中国大鲵的肠道还存在其他原生动物,如滚子虫(*Rotifers*)和单细胞动物(*Protozoa*),这些原生动物对于维持肠道健康状态非常重要,它们能够降解有害物质、帮助维持肠道菌群的稳定性,并参与免疫调节等功能[7]。

3. 肠道微生物的功能

3.1. 肠道微生物在营养代谢中的作用

肠道微生物参与食物的消化和营养吸收过程,能分解和代谢宿主未消化的食物成分,例如纤维素和

多糖类物质[8]。通过代谢过程,肠道微生物产生大量有益物质,如短链脂肪酸(SCFA),包括丙酸、丁酸和乙酸等[9]。SCFA 不仅直接给肠道细胞提供能量,还能调节胃肠道蠕动和水分吸收,维持肠道黏膜的完整性[10]。大鲵肠道微生物对于保持肠道健康也起到重要作用,其形成一种稳定的微生物群落,与宿主形成共生关系。微生物通过产生抗菌物质、竞争营养资源以及调节宿主的免疫系统来保护大鲵免受致病菌的侵害[11]。此外,微生物还帮助大鲵保持肠道 pH 值的稳定,促进食物消化和养分吸收。

3.2. 肠道微生物在免疫功能中的作用

肠道微生物对宿主免疫系统的发育和功能调节起着重要作用。肠道内存在大量免疫细胞,如淋巴细胞、巨噬细胞等[12],肠道微生物可与免疫细胞共同作用,调节免疫反应的平衡和对抗病原微生物的能力。研究发现,缺乏肠道微生物的实验动物容易出现免疫系统失调和过敏反应,而通过给予特定的益生菌可以改善这些症状[13]。大鲵肠道微生物通过与宿主免疫细胞的相互作用,调节肠道黏膜屏障的完整性和功能。在肠道黏膜上,肠道微生物与宿主的免疫细胞相互作用,促进免疫细胞发挥其杀菌和清除病原体的作用,从而预防感染的发生。此外,肠道微生物还能够刺激免疫细胞产生抗炎因子,抑制炎症反应,从而减轻炎症相关疾病的发生和发展[14]。肠道微生物通过调节免疫细胞的分化和功能发挥作用,研究发现,肠道微生物可影响宿主免疫细胞的分化和功能,调节免疫应答的强度和方向。例如,肠道菌群能够诱导调节性 T 细胞(Treg)的生成,增强免疫耐受性,防止自身免疫疾病的发生[15]。此外,肠道微生物还能够调节免疫细胞的细胞因子产生,平衡免疫应答,减轻过度免疫反应导致的疾病。

4. 不同年龄中国大鲵肠道微生物变化

脱鳃期是中国大鲵从水生到陆生的重要转变阶段,呼吸方式也从通过鳃进行呼吸转变为肺部呼吸。研究表明,中国大鲵脱鳃期的消化系统逐渐成熟,能够更好地消化各种营养物质,从而为肠道微生物提供了更适宜的生长环境,肠道中的微生物丰度会显著增加。此外,肠道微生物组成也发生变化,在脱鳃期的不同阶段,中国大鲵的肠道微生物会经历一系列演替,逐渐建立起稳定的肠道微生物群落[16]。中国大鲵在 1 龄期,呼吸转变成了完全肺呼吸,开始捕食小型水生动物。研究表明,肠道微生物的多样性和丰度会发生明显变化,1 龄大鲵的肠道菌群包括了多种细菌、真菌和古菌,其中细菌是最主要的成分,常见的优势菌群包括肠球菌属、乳球菌属、酪球菌属等[17]。2 龄中国大鲵形态和生理发生显著变化,表现出更加发达的四肢和尾巴,使其能更好游动和爬行[18]。2 龄中国大鲵消化系统和肠道菌群开始发育成熟,肠道微生物群落多样性和丰富度发生变化,乳酸杆菌、肠球菌和变形菌属等常见肠道细菌在 2 龄大鲵中的相对丰度显著增加。而其他一些种类的细菌,如芽孢杆菌和某些双歧杆菌,则相对减少。3 龄中国大鲵具备完全的生殖能力,肠道微生物群落多样性显著增加并且开始逐渐趋于稳定,肠道微生物群落组成以革兰氏阴性菌和厌氧菌为主,其中拟杆菌门和变形菌门是最主要的门[4]。

5. 影响中国大鲵肠道微生物变化的因素

5.1. 年龄因素

随着大鲵年龄增长,肠道微生物数量和多样性发生显著变化。从脱鳃期到 1 龄,微生物组成主要由嗜氧菌(如肠杆菌科、酪酸奇异菌科)和厌氧菌(如厌氧菌门、弯曲菌门)组成[19]。在 1 龄和 2 龄之间的过渡阶段,嗜氧菌数量开始减少,厌氧菌数量逐渐增加。随着 2 龄进入 3 龄阶段,厌氧菌群落增加,同时代表菌群也逐渐发生变化,如产气荚膜菌和双歧杆菌等[4]。微生物变化可能与中国大鲵肠道环境和饲料成分的变化有关。另外,随着中国大鲵年龄增长,其免疫系统逐渐成熟。在脱鳃期以及 1、2、3 龄时,中国大鲵的免疫器官(包括脾脏、肝脏和肾脏)的组织结构逐渐完善,淋巴细胞数量逐渐增加[20],细胞因

子和免疫相关基因的表达也发生了变化,从而显著提升了免疫系统的功能。这些变化可能与中国大鲵肠道微生物组的变化密切相关。

5.2. 饮食因素

中国大鲵的饮食习惯主要以动物性饵料为主,如水生昆虫、蛭蚰、小鱼等[21]。不同食物来源可能导致中国大鲵肠道微生物变化。不同食物的摄入可改变肠道 pH 值和氧气分布,对肠道微生物生长、代谢和竞争产生影响。如,一些食物的消化产物可能改变肠道的酸碱度,影响肠道内的益生菌和有害菌的生长。一些食物本身可能含抗菌成分,可能直接影响肠道微生物的构成和功能。不同的饲料成分具有不同的理化性质,如纤维含量、水分含量、pH 值等,这些因素将影响肠道内微生物的生存和繁殖[22]。如,富含纤维的饲料可以促进益生菌的生长,增加肠道微生物的多样性;而高脂肪饲料可能会导致某些微生物群落的增殖,导致微生物多样性的降低。

5.3. 环境因素

中国大鲵是一种水生动物,其肠道微生物受栖息水域的水质直接影响。溶解氧含量、pH 值、氨氮、硝酸盐以及悬浮物等因素都会直接影响中国大鲵肠道微生物的存活和繁殖能力[22]。此外,水温变化也会直接影响微生物的生长和代谢活性。较高水温有助于某些微生物的生长,而较低水温则可能抑制某些微生物的繁殖,进而导致微生物群落的结构和组成发生变化[23]。光照条件也对中国大鲵肠道微生物的组成产生影响。紫外线照射可以杀灭部分微生物,因此不同光照条件下中国大鲵肠道微生物的种类和数量会发生变化。

6. 总结与展望

随着技术的不断进步,将能够更好地探索大鲵肠道微生物的多样性和群落结构,获取更全面的肠道微生物谱系,揭示与大鲵生理状态、健康状况和环境因素相关的微生物群落模式。此外,随着功能基因组学的发展,能够揭示大鲵肠道微生物的功能潜力和代谢活动,通过分析大鲵肠道微生物的基因组,推测其可能的合成能力、降解能力以及对宿主免疫系统的影响等信息,为大鲵肠道微生物如何与宿主相互作用以及对宿主健康的影响提供重要线索。在中国大鲵肠道微生物与宿主免疫系统方面,肠道微生物在调节宿主免疫应答、维持肠道屏障功能和预防疾病发展中扮演着重要角色,深入研究大鲵肠道微生物与免疫系统之间的相互作用机制将有助于我们更好地理解大鲵健康和疾病的起源与发展过程。

总之,未来大鲵肠道微生物研究的发展将聚焦于深入了解其组成和功能、揭示与宿主免疫系统的相互作用。这些研究方向和发展趋势将为学术界和保护机构提供重要参考,为保护大鲵的生态系统健康和物种保护做出贡献。

基金项目

重庆市教委科技项目(KJQN202101331)/Science and Technology Project of Chongqing Municipal Education Commission (KJQN202101331)。

参考文献

- [1] 蒋万胜, 兰香英, 王金秀, 等. 中国大鲵种质资源保护与利用研究进展[J]. 水产学报, 2022, 46(4): 683-705.
- [2] 刘昌孝. 肠道菌群与健康, 疾病和药物作用的影响[J]. 中国抗生素杂志, 2018, 43(1): 1-14.
- [3] Song, H., Sun, X., Kong, X., *et al.* (2020) Application of RNA Interference Technology in Antiviral and Antiparasitic Research of Aquatic Animals. *Biotechnology Bulletin*, **36**, 193-205.
- [4] Zhang, M., Gaughan, S., Chang, Q., *et al.* (2019) Age-Related Changes in the Gut Microbiota of the Chinese Giant Sa-

- lamander (*Andrias davidianus*). *MicrobiologyOpen*, **8**, e00778. <https://doi.org/10.1002/mbo3.778>
- [5] 刘洋儿, 郭明璋, 杜若曦, 等. 乳酸菌在合成生物学中的研究现状及展望[J]. 生物技术通报, 2019, 35(8): 193.
- [6] Lombardo, M.P. (2008) Access to Mutualistic Endosymbiotic Microbes: An Underappreciated Benefit of Group Living. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, **62**, 479-497. <https://doi.org/10.1007/s00265-007-0428-9>
- [7] 黄佳铭, 杨冬雪, 李晓曦, 等. 肠道黏膜免疫与炎症小体的研究进展[J]. 微生物与感染, 2019, 14(2): 113-123.
- [8] 刘艺端, 余凯凡, 朱伟云. 食物主要成分与动物肠道微生物组成及其代谢的关系[J]. 世界华人消化杂志, 2016, 24(5): 706-713.
- [9] 刘宇, 丁倩雯, 冉超, 等. 鱼虾肠道菌群代谢产物短链脂肪酸研究进展[J]. 生物技术通报, 2020, 36(2): 58.
- [10] Jia, M., Zhang, Y., Gao, Y., *et al.* (2020) Effects of Medium Chain Fatty Acids on Intestinal Health of Monogastric Animals. *Current Protein and Peptide Science*, **21**, 777-784. <https://doi.org/10.2174/1389203721666191231145901>
- [11] 袁建云, 周燕红. 肠道菌群调控肠黏膜免疫及抗感染功能的研究进展[J]. 世界华人消化杂志, 2015, 23(30): 4852-4858.
- [12] 李伟, 陈庆森. 肠道黏膜免疫屏障及其菌群与机体健康关系的研究进展[J]. 食品科学, 2008, 29(10): 649-655.
- [13] 罗佳, 金锋. 肠道菌群影响宿主行为的研究进展[J]. 科学通报, 2014, 59(22): 2169-2190.
- [14] Cristofori, F., Dargenio, V.N., Dargenio, C., *et al.* (2021) Anti-Inflammatory and Immunomodulatory Effects of Probiotics in Gut Inflammation: A Door to the Body. *Frontiers in Immunology*, **12**, Article ID: 578386. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.578386>
- [15] 杨阳, 何欣蓉, 刘萌, 等. 肠道菌群与食物过敏性疾病研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, 11(23): 8828-8835.
- [16] Browne, R.K., Li, H., Wang, Z., *et al.* (2014) The Giant Salamanders (Cryptobranchidae): Part B. Biogeography, Ecology and Reproduction. *Amphibian and Reptile Conservation*, **5**, 30-50.
- [17] Cai, M., Deng, H., Sun, H., *et al.* (2023) Changes of Intestinal Microbiota in the Giant Salamander (*Andrias davidianus*) during Growth Based on High-Throughput Sequencing. *Frontiers in Microbiology*, **14**, Article ID: 1052824. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1052824>
- [18] Wang, X., Zhang, K., Wang, Z., *et al.* (2004) The Decline of the Chinese Giant Salamander *Andrias davidianus* and Implications for Its Conservation. *Oryx*, **38**, 197-202. <https://doi.org/10.1017/S0030605304000341>
- [19] 兰阿峰, 杨曼, 郭素芬, 等. 免培养法对大鲵肠道微生物多样性的研究[J]. 微生物学通报, 2014, 41(7): 1342-1349.
- [20] 刘品, 王文博. 大鲵蛙病毒致病分子机制及免疫防控策略研究进展[J]. 水产科学, 2022, 41(6): 1072-1082.
- [21] Feng, J., Zhu, W., Jiang, J., *et al.* (2022) Reintroduction Modifies the Intraspecific Variations of Symbiotic Microbes in Captive Bred Chinese Giant Salamander. *Frontiers in Microbiology*, **13**, Article ID: 1062604. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1062604>
- [22] Zhu, W., Zhao, C., Feng, J., *et al.* (2022) Effects of Habitat River Microbiome on the Symbiotic Microbiota and Multi-Organ Gene Expression of Captive-Bred Chinese Giant Salamander. *Frontiers in Microbiology*, **13**, Article ID: 884880. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.884880>
- [23] Zhu, L., Zhu, W., Zhao, T., *et al.* (2021) Environmental Temperatures Affect the Gastrointestinal Microbes of the Chinese Giant Salamander. *Frontiers in Microbiology*, **12**, Article ID: 543767. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.543767>