

Bioinformatyczne modelowanie wpływu suplementacji probiotycznej na mikrobiomy stawów hodowlanych i układu pokarmowego karpia (*Cyprinus carpio*)

W ostatnich latach obserwuje się duże zainteresowanie wykorzystaniem efektywnych mikroorganizmów jako suplementacji probiotycznej w akwakulturze w celu poprawy jakości wody, zahamowania rozwoju patogenów i pobudzenia wzrostu ryb hodowlanych. Stosowanie probiotyków, które kontrolują patogeny za pomocą różnych mechanizmów, jest postrzegane jako alternatywa dla antybiotyków i stało się główną dziedziną rozwoju akwakultury. Biorąc pod uwagę potencjalne korzyści płynące z dodawania probiotyków, wielu hodowców ostatnio stosuje w swoich gospodarstwach rybnych produkty probiotyczne dostępne na rynku. Koncepcja efektywnych mikroorganizmów została pierwotnie opracowana w Japonii przez dr Teruo Higa, który zaproponował konsorcjum pożytecznych i naturalnie występujących bakterii kwasu mlekowego, bakterii fototroficznych, promieniowców, drożdży i grzybów fermentujących, składające się z ponad 80 gatunków mikroorganizmów, jako rozwiązanie przywracające zdrowy ekosystem w glebie i wodzie. Dwie potencjalne główne korzyści suplementacji probiotykami w akwakulturze to poprawa wydajności wykorzystania paszy osiągnięta poprzez dostarczenie dodatkowych enzymów trawiennych i zwiększona odporność na choroby poprzez wykluczenie gatunków konkurencyjnych lub zahamowanie wzrostu gatunków patogennych.

Jednak niewiele badań poświęcono suplementacji probiotycznej karpia hodowlanych, zwłaszcza w kontekście wprowadzania probiotyków bezpośrednio do stawów hodowlanych jako mieszanina efektywnych zbiorowisk mikroorganizmów, a nie jako konkretny gatunek bakterii w zbiornikach doświadczalnych. Dlatego celem naszego projektu jest analiza wpływu probiotycznej suplementacji wody oraz pokarmu ryb hodowlanych na mikrobiom ich przewodu pokarmowego. W pierwszym roku realizacji projektu przeprowadzimy eksperyment z wykorzystaniem pięciu wariantów warunków doświadczalnych: (1) brak suplementacji probiotycznej, (2) probiotyczna suplementacja wody suplementem A, (3) probiotyczna suplementacja wody suplementem B, (4) probiotyczna suplementacja wody suplementem A i probiotyczna suplementacja paszy, (5) probiotyczna suplementacja wody suplementem B i probiotyczna suplementacja paszy. Następnie w ciągu kolejnych trzech lat będziemy stosować metody bioinformatyczne do modelowania: (1) zmian mikrobiomu wody w czasie, (2) zmian mikrobiomu osadów stawowych w czasie oraz (3) korelacji między tymi dwoma zbiorowiskami drobnoustrojów, (4) różnice w mikrobiomach wody pomiędzy warunkami doświadczalnymi, (5) różnice w mikrobiomach osadów stawowych pomiędzy warunkami doświadczalnymi, (6) różnice w mikrobiomach jelit ryb pomiędzy warunkami doświadczalnymi, (7) różnice w produktach mikrobiomu wody (wyrażone ekspresją genów mikrobiotycznych) pomiędzy poszczególnymi warunkami eksperymentalnymi.

Oczekiwany wynik naszego projektu jest lepsze zrozumienie zmian w różnorodności mikrobiomu wyrażonej liczbą bakterii oraz ich liczebnością. Uwzględnimy zmiany zróżnicowania mikrobiomu w czasie (trzy punkty czasowe poboru wody i osadów w ciągu roku produkcyjnego) oraz ze względu na różne schematy suplementacji probiotycznej (pięć warunków doświadczalnych). Analiza zostanie przeprowadzona na poziomie środowiskowym – poprzez rozważenie mikrobiomów wody i osadów stawowych oraz na poziomie gospodarza – poprzez rozważenie, w jaki sposób/czy mikrobiom jelita ryb jest zależny od środowiska. Kolejnym aspektem, który wyłoni się z analiz, jest wiedza, w jakim stopniu różnorodność biologiczna mikrobiomu wody wyrażona przez bakteryjne DNA odzwierciedla różnorodność funkcjonalną wyrażoną przez ekspresję genów drobnoustrojów w oparciu o analizę RNA.