

文章编号:1005-3832(2026)02-0027-10

海水养殖中华鲟黏液、肠道和环境微生物多样性研究

郑跃平¹,冯博^{2,3},徐嘉楠¹,宋银都¹,李远兰²,冯广朋^{2,3}

(1.上海市水生野生动植物保护研究中心,上海 200092;

2.中国水产科学研究院东海水产研究所,上海 200090;

3.大连海洋大学水产与生命学院,辽宁 大连 116023)

摘要:中华鲟(*Acipenser sinensis*)是我国长江流域特有的珍稀物种,其在海水中的生活时间占生活史的90%,因此海水环境对其生长发育的影响尤为重要。本研究运用16S rRNA高通量测序技术,探究海水养殖模式对中华鲟体表黏液、肠道内容物及其养殖水体中微生物群落结构的影响。结果显示:黏液微生物多样性最高,养殖水体次之,肠道内容物最低。黏液、肠道内容物、养殖水体的微生物菌群结构存在显著差异。在门水平,黏液和肠道内容物均以变形菌门、厚壁菌门和放线菌门为主,养殖水体中则以放线菌门、变形菌门和拟杆菌门为主。在属水平,海水养殖中华鲟亚成体肠道内容物中优势菌属为副胶菌属(*Paraclostridium*)、发光杆菌属(*Photobacterium*)、弧菌属(*Vibrio*),黏液中优势菌群为葡萄球菌属(*Staphylococcus*)、考克氏菌属(*Kocuria*),养殖水体中优势菌属为 *Candidatus Aquiluna*、NS3a_marine_group。结合热图可视化结果,共检测到11个潜在病原菌属,BugBase功能预测显示肠道内容物中潜在致病菌占比显著高于黏液和水质,革兰氏染色类型和氧气需求特征亦表现出显著差异。研究揭示了中华鲟不同部位及其养殖环境微生物群落的组成特征和功能潜力,表明肠道可能是潜在致病菌的主要富集区域,黏液和水体的菌群结构亦与宿主健康密切相关。本研究结果可为海水养殖条件下中华鲟生态研究、病害防控及健康养殖模式优化提供理论支持。

关键词:中华鲟;黏液;肠道内容物;养殖水体;微生物多样性;高通量测序

中图分类号:S943

文献标识码:A

Study on Microbial Diversity of Mucus, Intestine and Environment of *Acipenser sinensis* in Marine Aquaculture

ZHENG Yueping¹, FENG Bo^{2,3}, XU Jianan¹, SONG Yindu¹, LI Yuanlan², FENG Guangpeng^{2,3}

(1. Shanghai Aquatic Wildlife Protection and Research Center, Shanghai 200092, China;

2. East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai 200090, China;

3. College of Fisheries and Life Sciences, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China)

Abstract: *Acipenser sinensis*, a rare and endemic species of the Yangtze River in China, spends 90% of its entire life cycle in seawater, which underscores the pivotal role of the marine environment in its growth and development. This study utilized high-throughput 16S rRNA sequencing to assess the impact of seawater aquaculture on the surface mucus, intestinal contents, and microbial community structure within the aquaculture environment of *A. sinensis*. The findings indicated that the microbial diversity of mucus was the highest, followed by that of the aquaculture water, and the lowest diversity observed in the intestinal contents. Significant differences were noted in the microbial community structures across these environments. At the phylum level, the mucus and intestinal contents were predominantly composed of Proteobacteria, Firmicutes, and Actinobacteria, while the aquaculture water was characterized by Actinobacteria, Proteobacteria, and Bacteroidetes. At the genus level, the intestinal contents of seawater-cultured subadult *A. sinensis* were primarily inhabited by *Paraclostridium*, *Photobacteria*, and *Vibrio*. The mucus was notably populated by *Staphylococcus* and *Kocuria*, whereas the aquaculture water was dominated by *Candidatus Aquiluna* and NS3a_marine_group. Based on the heatmap visualization results, a total of 11 potential pathogenic bacteria were detected. BugBase functional prediction indicated that the relative abundance of potential pathogens in the intestinal contents was significantly higher than that in mucus and water samples. Significant differences were also observed in Gram staining types and oxygen requirements. This study revealed the

收稿日期:2025-07-28

基金项目:国家重点研发计划(2020YFD0900805);上海市水生野生动植物保护研究中心专项课题(SHSY2024-01)。

作者简介:郑跃平,男,工程师,从事水生野生动植物保护研究.E-mail: 36881366@qq.com

通信作者:冯广朋,男,博士,研究员,从事水生动物生理生态学研究.E-mail: Fenggp@ecsf.ac.cn

compositional characteristics and functional potential of microbial communities in different parts of *A. sinensis* and its breeding environment, indicating that the intestine may be an important enrichment place for potential pathogens. Meanwhile, the microbial communities in mucus and water are also closely associated with host health. These findings can provide theoretical support for the study of microecology, disease prevention, and the optimization of health-oriented aquaculture strategies for *A. sinensis* under marine farming conditions.

Key words: *Acipenser sinensis*; mucus; intestinal contents; aquaculture water bodies; microbial diversity; high throughput sequencing

中华鲟(*Acipenser sinensis*)是我国长江特有的珍稀水生动物,属于鲟形目(Acipenseriformes)、鲟科(Acipenseridae)、鲟属(*Acipenser*)。中华鲟是典型的江海洄游性鱼类,在长江中上游产卵繁殖,在海洋中育肥生长,直至性成熟后再回溯江河完成繁殖,其海水生活阶段占据整个生活史的90%以上^[1]。作为生物进化过程中的“活化石”,中华鲟不仅在鱼类系统发生、物种进化以及地球变迁研究中具有重要学术价值,同时也是长江生态系统健康的重要旗舰物种和指示物种^[2]。由于过度捕捞、水利工程阻隔洄游通道、栖息地退化及人类活动干扰等多重因素,中华鲟野生种群数量持续衰退^[3],2017—2023年连续7年未监测到自然繁殖迹象,已被列为国家一级重点保护动物和IUCN极危(CR)物种^[4]。随着中华鲟全人工繁育技术的突破,人工养殖在物种保护中发挥了重要作用。长期圈养在淡水环境中的中华鲟逐渐暴露出性成熟个体体型小、雌雄性成熟比例低、繁殖力下降等问题,因此,开展中华鲟的海水养殖对于恢复其自然生物学特性具有重要意义^[5]。

鱼类的体表是保护机体的重要屏障,其分泌的黏液构成了鱼体与水环境之间的隔离层^[6],是防御外来侵害的第一道防线,同时也是鱼类天然免疫的重要组成部分^[7]。鱼类的黏液和肠道中的微生物群落与它们所处的肠道环境及周围水体条件密切相关,这些微生物不仅在鱼类的营养摄取、防御机制和免疫调节等方面发挥着关键作用,而且对其生长和发育过程也起着至关重要的影响^[8,9]。肠道微生物是宿主的重要组成部分,在宿主的物质代谢、健康稳态和免疫等方面发挥着重要作用^[10]。鱼类肠道微生物主要来源于水体和食物的摄取^[11]。肠道微生物在调节鱼类免疫反应、抑制潜在病原体和疾病防治等方面具有重要作用,其主要来源是投喂的食物和养殖环境^[12,13]。鱼类生活在水中,其皮肤黏液和肠道容易受到水环境的影响^[14]。因此,维持养殖环境及肠道菌群结构的稳定性是养殖成功的关键^[15]。

随着第二代高通量测序技术的普及,基于16S

rRNA的高通量测序技术已被广泛应用于微生物菌落鉴定及多样性分析,尤其在鱼类肠道微生物研究方面^[16]。近年来,研究人员广泛利用16S rRNA基因进行测序并解析多种鱼类的肠道微生物组成,如云龙石斑鱼(*Epinephelus moara* ♀ × *E. lanceolatus* ♂)^[17]、鳢(*Ophicephalus argus*)^[18]和大西洋鲑(*Salmo salar*)^[19],并探讨其与养殖水环境中微生物群落的潜在关联^[20,21]。尽管已有不少关于鱼类肠道、体表黏液以及不同水体微生物群落的相关研究^[22-24],但涉及鱼体不同部位与养殖环境之间微生物组成联动变化的系统性研究尚不多见。水体中的微生物群主要来源于外部环境中的空气、土壤、有机残体及鱼体代谢产物等,它们在水中承担着物质循环与水质调节的关键角色^[25],能够反映特定系统的水质状况,对养殖水环境具有重要意义^[26]。为明确海水养殖中华鲟亚成体的环境微生物特征,采用Illumina高通量测序技术,研究海水养殖中华鲟亚成体黏液、肠道内容物及其养殖水体的微生物菌群组成和多样性,以期为促进中华鲟的健康养殖提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验对象为4龄的海水养殖中华鲟亚成体,个体健康、体态良好。养殖实验于2022年6—9月进行,处于夏季高温期。考虑到室外环境水温波动较大,为保证实验鱼摄食与代谢的稳定性,同时避免极端高温应激,采用百诺肯养殖恒温系统,将养殖水温稳定在(25 ± 2) °C范围内。采用直径4 m、水深1.3 m的圆形流水池进行单养。水源取自当地自然海水,经沉淀、除藻及砂滤多级净化处理后引入养殖系统。6月、7月和9月每日投喂2次专用鲟鱼配合饲料,日投喂量为鱼体质量的1%;8月考虑到水温偏高每日投喂1次,投喂量降为鱼体质量的0.5%。每日排污2次,换水比例约为20%;配套安装曝气装置及断气报警装置,确保溶解氧维持在5 mg/L以上;pH稳定在7.8~8.2之间,水体盐度为

18,亚硝酸盐和氨氮经试剂盒检测均在 0~0.10 mg·L⁻¹ 之间,处于水质安全范围内。每 7 d 进行 1 次水质监测。

1.2 样品采集

实验鱼为 12 尾海水驯养的雌性中华鲟亚成体,全长为 (107.36 ± 11.63) cm,体长为 (93.67 ± 10.02) cm,体质量为 (7.44 ± 2.26) kg。将海水养殖中华鲟亚成体捕捉放入担架中,用湿毛巾蒙其眼部,待中华鲟状态稳定后,用镊子夹取医用棉球刮取其体表黏液,共刮取 4 尾中华鲟体表黏液,作为黏液实验组(T),分别标记为 T_1、T_2、T_3、T_4。将刮取黏液的棉球放入 50 mL 灭菌离心管中,-80 °C 冻存。用 2 mL 灭菌离心管刮取 0.2 g 肠道内含物,每尾取 2 份,作为肠道实验组(CN),分别标记为 CN_1、CN_2、CN_3、CN_4,-80 °C 冻存。从 4 个中华鲟海水养殖池中各取 1 L 水样,将真空泵与抽滤装置接好,用孔径为 0.45 μm 滤膜抽滤水样,将抽滤好的滤膜卷放入 50 mL 灭菌离心管中,作为水体环境实验组(W),分别标记为 W_1、W_2、W_3、W_4,-80 °C 冻存。对上述样品用 16S rRNA 基因克隆文库分析法进行细菌组成分析。

1.3 16S rRNA 高通量测序

样品采集完成后,立即置于干冰中冷冻保存,随后转运至上海美吉生物医药科技有限公司,开展 16S rRNA 基因测序相关实验。实验前期对样品进行总 DNA 提取,并使用 1% 琼脂糖凝胶进行初步质量检测。每份样本设 3 个重复,使用携带 Barcode 序列的上游引物 338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG)和 806R(GGACTACHVGGGTWCTAAT)对 16S rRNA 基因的 V3-V4 变异区进行 PCR 扩增。扩增后将同一样本的产物合并,进行 2% 琼脂糖凝胶检测,利用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒进行切胶回收,所获得的产物用于构建扩增子文库。采用 Illumina MiSeq PE300 测序平台进行双端测序(468 bp),生成用于微生物群落分析的原始数据。

1.4 数据处理及生物信息学分析

利用美吉生物云平台完成数据处理及生物信息学分析工作。测序获得的原始数据使用 fastp (Version 0.19.6) 和 FLASH (Version 1.2.11) 进行质量控制与序列拼接,随后通过 Uparse (Version 11) 软件进行 OTU 聚类分析,聚类阈值设定为 97% 的序列相似性。在物种注释方面,采用分类器算法对每条

代表性序列进行归属判定,比对数据库为 Silva 16S rRNA 基因数据库 (Version 138.2)。为减少测序深度差异对后续分析的影响,按照最小样本序列数对数据进行抽平处理,分析物种组成、多样性指标 (Alpha、Beta)。功能预测方面,采用 PICRUSt2 (Version 2.2.0) 对微生物群落进行基于 16S rRNA 基因的代谢功能与潜在致病性预测,推测微生物群落功能层级的组成差异及病原菌分布特征。采用非参数的 Kruskal-Wallis 方法,评估其在多组比较下的显著性水平 ($P < 0.05$)。

2 结果与分析

2.1 测序结果分析

本研究共采集海水养殖中华鲟亚成体的体表黏液、肠道内容物及养殖水体样品共 12 份。PCR 扩增结果表明,所有样品均符合测序条件。高通量测序共获得 619 373 条高质量序列,平均有效序列长度为 418 bp。经 97% 相似性标准聚类后,共识别出 1 840 个 OTUs。进一步物种注释显示,所获序列隶属于 38 个门、95 个纲、257 个目、421 个科、809 个属及 1 276 个种。各样品的稀释曲线趋于饱和(图 1),表明测序深度已基本覆盖样品中细菌群落的多样性,数据具有代表性。

2.2 多样性分析

Venn 图结果显示,3 类样品中共有 OTUs 为 58 个,其中体表黏液特有 OTUs 数量最多(856 个),肠道内容物和养殖水体中分别检测到 60 个和 270 个特有 OTUs(图 2),提示各样品间微生物组成存在显著差异。基于 Chao 和 Ace 指数的物种丰富度评估结果显示,肠道的物种丰富度显著高于体表和养殖水体 ($P < 0.05$, 图 3a、b)。Shannon 和 Simpson 指数分析则表明,体表黏液的群落多样性最高,其次为养殖水体,肠道最低(图 3c、d)。

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA) 结果显示,水体样本间聚类紧密,呈现明显的集群趋势,而肠道与黏液样品之间存在一定分离,3 类样品总体分布相对独立(图 4a),提示它们在微生物组成上存在较大差异。系统聚类分析结果(图 4b)表明,肠道样品之间聚类关系相对紧密,但部分体表黏液样品(如 T_1)与水体样本(W 组)之间仍存在一定交叉分布,说明两者之间微生物群落结构仍具有一定的重叠区域。

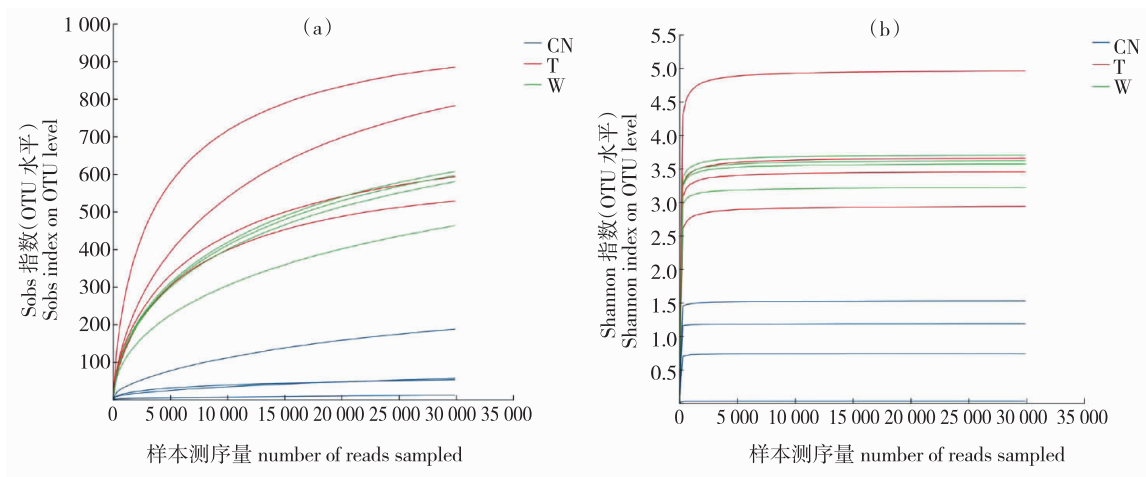


图 1 样本稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves and Shannon curves of different samples

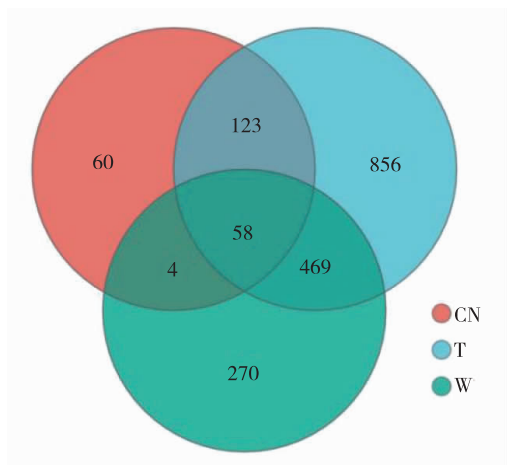


图 2 黏液、肠道内容物及其养殖水体 OTUs 分布 Venn 图

Fig. 2 Venn diagram analysis of mucus, intestinal content, and culture water

2.3 物种组成及变化分析

在门水平,海水养殖中华鲟亚成体肠道内容物和黏液的优势菌门结构组成较为相似,排名前 3 的菌门均包含厚壁菌门、变形菌门和放线菌门,但各菌门占比不同。而黏液和养殖水体的前 3 名优势菌门则包含变形菌门和放线菌门,与前者相比缺少厚壁菌门(图 5)。不同门类的排列顺序有所差异。肠道内容物优势菌门依次为变形菌门(58.19%)、厚壁菌门(35.85%)和放线菌门(5.64%)。而在黏液中优势菌门发生改变,厚壁菌门成为第一优势菌门(35.83%)。养殖水体中优势菌门依次为放线菌门(39.34%)、变形菌门(28.13%)和拟杆菌门(28.00%),与前两者的优势菌门组成存在差异。肠道内容物、黏液和养殖水体三者的优势菌门排列与占比均不

同,但均存在变形菌门,可见三者的优势菌群结构存在相似性与差异性。

在属水平,海水养殖中华鲟亚成体肠道内容物中优势菌属为副梭菌属(*Paraclostridium*)、发光杆菌属(*Photobacterium*)、弧菌属(*Vibrio*)。除其他菌属外,黏液中优势菌群为葡萄球菌属(*Staphylococcus*)、考克氏菌属(*Kocuria*);养殖水体中优势菌属

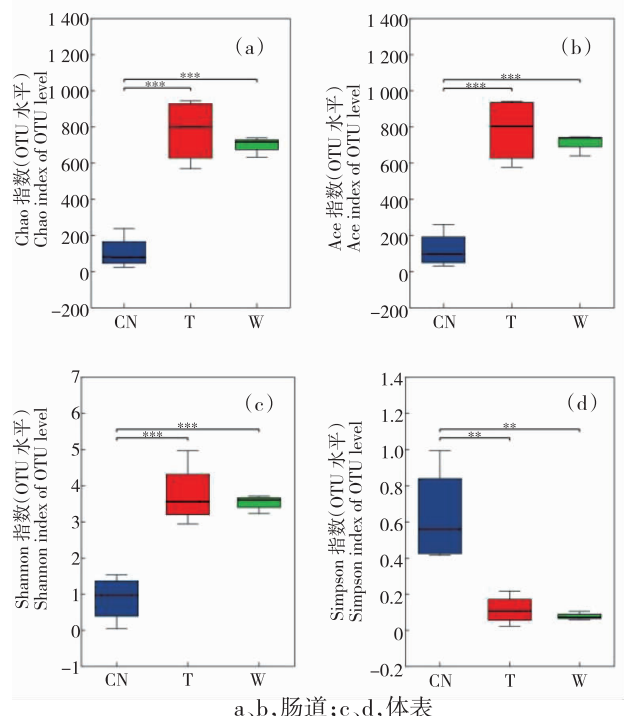


图 3 黏液、肠道内容物及其养殖水体中微生物的 Alpha 多样性指数间差异检验

Fig. 3 Alpha diversity differences of microorganisms in mucus, intestinal content, and culture water

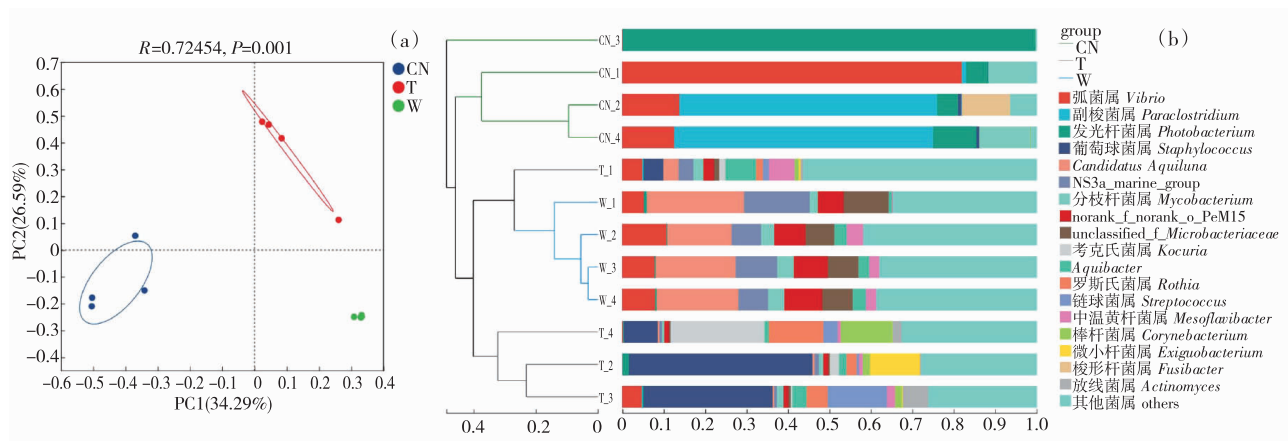


图 4 黏液、肠道内容物及养殖水体中微生物的 Beta 多样性

Fig. 4 Beta diversity of bacteria in mucus, intestinal content, and culture water

注: a. PCoA 图(属水平); b. 样本层级聚类树(属水平)。

Notes: a. PCoA on genus level; b. hierarchical clustering tree on genus level.

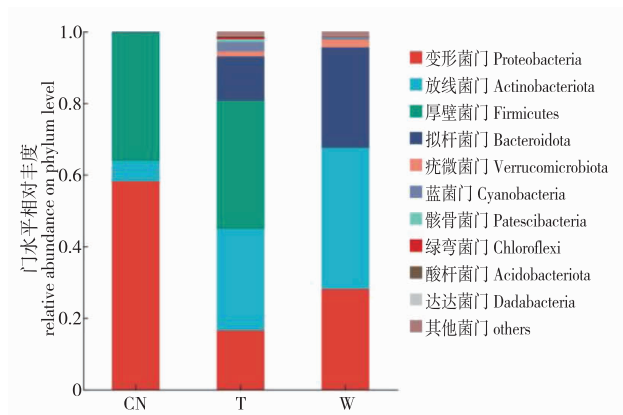


图 5 黏液、肠道内容物及养殖水体中微生物在门水平的菌群结构组成

Fig. 5 Dominant species of bacteria in mucus, intestinal content, and culture water on phylum level

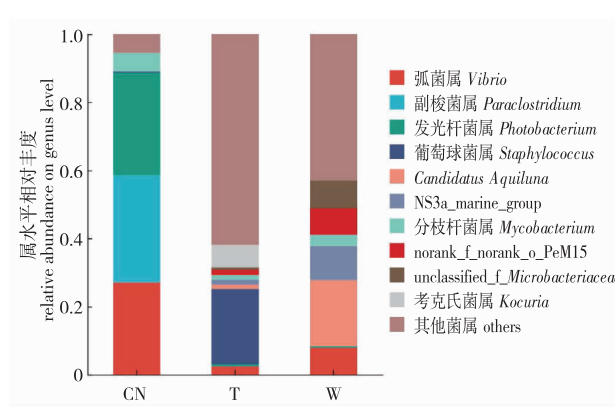


图 6 黏液、肠道内容物及养殖水体中微生物在属水平的菌群结构组成

Fig. 6 Dominant species of bacteria in mucus, intestinal content, and culture water on genus level

为 *Candidatus Aquiluna* 和 *NS3a_marine_group*。三者共有的菌属有 3 个, 分别是弧菌属、发光杆菌属和分枝杆菌属(图 6)。

2.4 潜在病原菌的分析

为探究潜在病原菌在各样本类型中的分布特征, 统计 OTU 丰度后筛选前 50 个优势 OTUs, 在属分类水平上绘制热图, 直观展示其在体表黏液、肠道内容物及养殖水体中的分布差异(图 7)。热图分析显示, 养殖水体(W)中潜在病原菌的分布最为广泛, 主要包括发光杆菌属、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、链球菌属(*Streptococcus*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、黏着杆菌属(*Tenacibaculum*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、棒杆菌属(*Corynebacterium*)、脂环

酸芽孢杆菌属(*Bacillus*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和葡萄球菌属, 这些属包含对鱼类具有致病潜力的物种。

在 W_1 至 W_4 样本中, 弧菌属和分枝杆菌属的丰度较高, 丰度接近 $3e^4$ 。体表黏液(T)中潜在病原菌分布次之, 以葡萄球菌属为主, 该属在 T_1 和 T_4 样本中丰度较高, 而发光杆菌属和弧菌属的丰度相对较低。不动杆菌属、链球菌属、黄杆菌属、黏着杆菌属、假单胞菌属、棒杆菌属、脂环酸芽孢杆菌属、分枝杆菌属等属在 T 样本中的丰度也较低。肠道内容物(CN)中潜在病原菌的分布较窄, 发光杆菌属和弧菌属丰度较高, 其余葡萄球菌属等属的丰度普遍较低, 表现为蓝色区域(丰度接近 $1e^{-1}$)。总体来

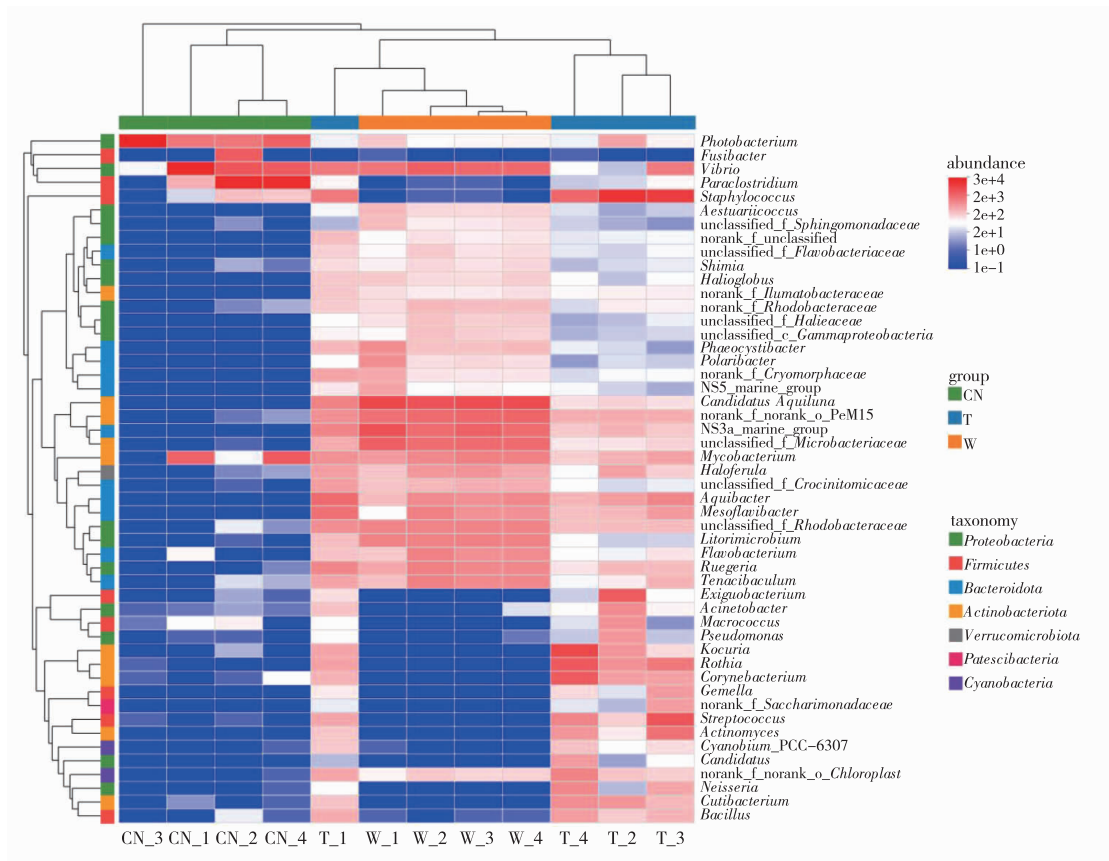


图 7 属水平下肠道内容物、养殖水体及黏液中微生物的组成热图

Fig. 7 Thermogram of microbial composition in intestinal contents, aquaculture water, and mucus at the horizontal level

看, 养殖水体中潜在病原菌的多样性和丰度最高, 体表黏液次之, 肠道内容物最低。

2.5 表型预测分析

为进一步揭示海水养殖中华鲟亚成体不同部位微生物群落的功能特征, 本文采用 BugBase 工具对其黏液、肠道内容物及养殖水体中的微生物进行表型功能预测, 涵盖革兰氏染色特征(阳性与阴性)、代谢类型(厌氧、兼性厌氧与好氧)以及潜在致病性等 6 类表型特征。分析结果显示, 肠道内容物和养殖水体的菌群以革兰氏阳性菌占主导地位, 分别占总菌群的 76.80% 和 67.90% (图 8a), 而体表黏液中革兰氏阴性菌比例相对较高, 达 28.40% (图 8b)。在代谢类型方面, 肠道内容物中的厌氧菌占比较高, 其次为体表黏液, 而养殖水体中此类菌群相对较少 (图 8c); 相反, 养殖水体中兼性厌氧菌的丰度明显高于其他 2 个样本类型 (图 8d)。好氧菌的分布则以体表黏液中最为丰富, 占比 46.85%, 其次为养殖水体 (25.41%), 肠道内容物中比例最低 (11.56%) (图 8e)。此外, 潜在致病性细菌主要集中于肠道内

容物样本中, 其丰度明显高于体表黏液和水体样本 (图 8f), 提示该部位可能是病原微生物的主要富集区域。

3 讨论

3.1 不同样本类型中微生物菌群结构差异分析

微生物构成了地球上生物多样性的一个丰富而多样的组成部分, 源于不同环境的微生物群体展现出各自独特的菌群组成和特性^[14]。鱼类的健康状况与其生活的水环境密切相关^[27]。体表黏液能够形成并维持一个特定组成的微生物群落, 在鱼类的特定生长阶段表现出一定的稳定性^[28]。本研究对海水养殖环境中中华鲟亚成体的体表黏液、肠道内容物及其养殖水体的微生物群落组成进行了比较分析, 结果表明 3 类样本间的菌群结构差异显著。Alpha 多样性指标结果显示, 肠道内容物中微生物的物种丰富度和群落多样性均明显低于同期的养殖水体, 且统计学差异极显著 ($P < 0.001$)。前人研究也发现, 斑点叉尾鲟 (*Ictalunes punctatus*)^[29]、大菱鲆 (*Scoph-*

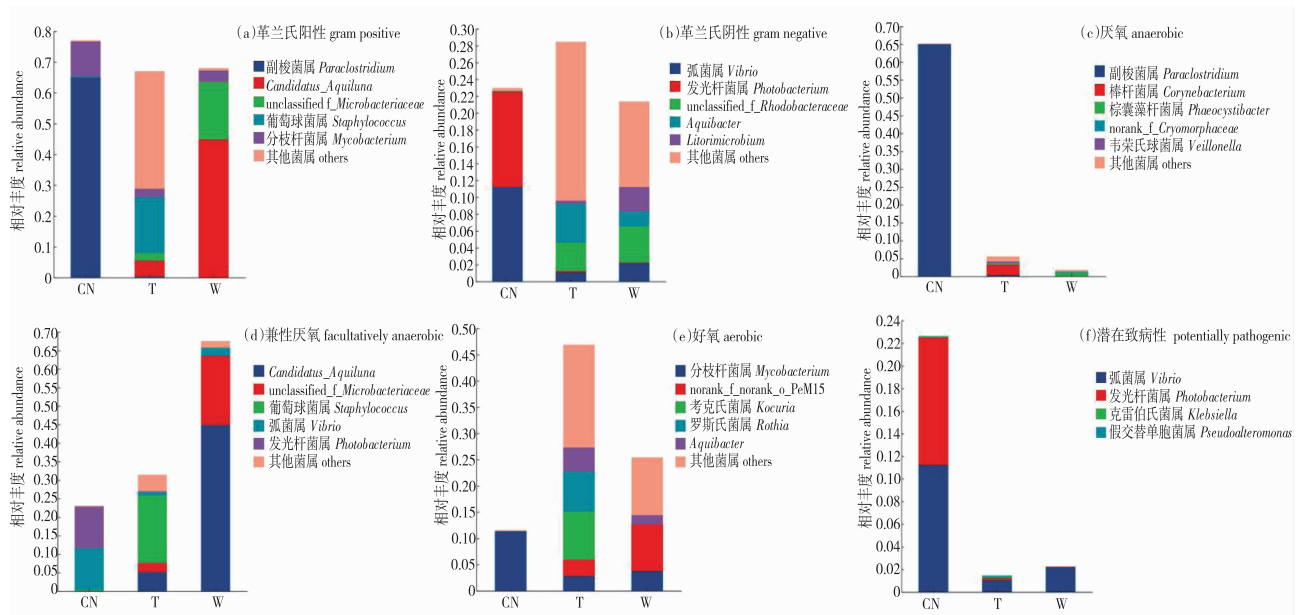


图 8 基于 BugBase 的黏液、肠道内容物及养殖水体微生物菌群表型功能预测分析

Fig. 8 Phenotypic functional prediction of microbial communities in mucus, intestinal contents, and aquaculture water based on BugBase analysis

thalmus maximus)^[30]、花鲈(*Lateolabrax japonicus*) 和日本黄姑鱼(*Nibea japonica*)^[31]肠道的微生物多样性低于养殖水体,本研究结果与上述结果一致。综合比较 3 类样本可见,黏液菌群的多样性最高,水体次之,肠道最低。这一结果提示体表黏液作为鱼体与环境的交界区域,具有复杂且动态的菌群组成,可能在维持黏膜屏障和抵御外界病原方面发挥关键作用;而肠道菌群多样性相对较低,但潜在致病菌比例较高,说明其在营养代谢与健康风险之间具有双重意义。因此,本研究表明不同样本类型间微生物群落存在显著性差异,未来可在更多不同实验条件下,进一步探索养殖环境与宿主微生物的关联。

3.2 不同样本类型中微生物菌群在门和属水平的优势菌分析

在门水平上,海水养殖中华鲟亚成体的体表黏液和肠道菌群呈现出相对稳定的优势门类特征,与其他鲟鱼类具有一致性。黏液和肠道内容物中优势菌门主要为变形菌门、厚壁菌门和放线菌门,与西伯利亚杂交鲟(*Acipenser baerii* Brandt ♀ × *A. schrenckii* Brandt ♂)^[32]、欧洲鳇(*H. huso*)^[33]和淡水养殖中华鲟^[34]的研究结果基本吻合。养殖水体中主要菌门为放线菌门、变形菌门和拟杆菌门,养殖水体与宿主样本菌群组成既存在差异,也在部分菌群上表现出

重叠,尤其是与体表黏液的相似性更为明显。这一现象提示环境可能是宿主微生物的重要来源,但同时宿主仍表现出选择性维持自身菌群的能力^[35]。上述结果也与长江鲟(*A. dabryanus*)^[14]、鲟属(*Acipenser*)和鳇属(*Huso*)^[36]及玫瑰高原鳅(*Triplophysa rosa*)^[37]等物种的研究发现一致,进一步提示宿主微生物组成与环境微生物组成之间具有共同演化与适应机制。尽管肠道内容物和水体中均以变形菌门为主,但其次优势菌门存在显著性差异:肠道中厚壁菌门占比较高,而水体则以放线菌门为主。前者广泛参与宿主的有机物降解与营养吸收^[38-42],后者则在水体净化与生态平衡中发挥关键作用^[43]。这一差异说明不同部位微生物群落的生态功能存在分化,反映了宿主和水环境间复杂的相互影响。

在属水平上,3 类样本中优势菌属组成差异显著。肠道中以副梭菌属、发光杆菌属、弧菌属为主;黏液中主要为葡萄球菌属和考克氏菌属;养殖水体则以 *Candidatus Aquiluna* 和 NS3a_marine_group 为优势种。这些菌属在维持群落稳定、促进健康养殖方面可能具有重要功能。三者共享的弧菌属和分枝杆菌属,提示特定菌属可在不同生态位中稳定存在。与长江鲟^[14]相比,本研究中的优势菌属及共有菌属构成存在差异,可能与养殖水体盐度、饲料组

成及养殖方式有关。此外,体表黏液与养殖水体样本的菌群多样性较高,分别有 43%和 61%的菌属被归为“其他”类群,表明二者微生物种类极为丰富,存在大量低丰度甚至未被分类的新种。这与鲟鳇鱼类研究中提出的黏液为微生物易附着的关键屏障^[32,44]的观点相吻合,进一步凸显表皮黏液作为环境-宿主交界区域的重要性。

3.3 不同样本类型中潜在致病性微生物的分布特征及功能预测

水产养殖中细菌感染是最主要的病害类型之一,常见临床症状包括烂鳃、肠炎和败血症等^[45]。本研究在肠道、黏液和水体样本中共鉴定出 11 个潜在的病原菌属,包括发光杆菌属、弧菌属、链球菌属、假单胞菌属、葡萄球菌属等。其中,美人鱼发光杆菌(*Photobacterium damsela*)可导致鲈、虹鳟等皮肤溃烂^[46],海豚链球菌(*Streptococcus iniae*)和无乳链球菌(*S. agalactiae*)可引发脑膜炎和败血症^[47],而荧光假单胞菌(*Pseudomonas fluorescens*)及松鼠葡萄球菌(*Staphylococcus sciuri*)在温水鱼中也被确认具有致病性^[48]。不同样本中潜在病原菌的分布显示出空间差异性:养殖水体中病原菌最为丰富,其次为体表黏液,肠道最少。这种由外至内的递减模式表明,水体可能是病原菌的初始来源,经由体表黏附进而侵入肠道,在鱼体免疫力下降或应激条件下引发系统性感染。因此,水体管理和体表防护应作为关键控制点,采用加强消毒、调控鱼体密度和增强鱼体免疫力等措施,以有效降低发病风险。

通过 BugBase 对菌群表型预测显示,黏液中以革兰氏阴性菌为主,而肠道与水体则以革兰氏阳性菌占优势,其占比接近 60%。这与达氏鳇(*Huso dauricus*)^[49]和大泷六线鱼(*Hexagrammos otakii*)^[50]等的研究结果一致,提示革兰氏阳性菌在鱼类肠道中的营养代谢中发挥核心作用,参与 SCFA 生成和维生素合成^[51];而黏液中革兰氏阴性菌则可能与环境应对和黏液屏障功能相关^[52,53]。在氧气需求方面,肠道菌群以厌氧菌为主,水体以兼性厌氧菌为主,黏液则以好氧菌为主。其中,副梭菌属在肠道中占比高达 64.97%,不仅主导了肠道厌氧环境,还具备重要的益生潜力。如 *Paraoclostridium benzoelyticum* G5 已在蓝子鱼肠道中被验证具有促进生长和抗 *Vibrio* 感染的能力^[54],显示其在中华鲟养殖中可能具有应用前景。本研究中,肠道内容物中潜在致病

菌占比超 20%,远高于体表黏液(1.44%)和水体(2.17%),表明肠道可能是潜在致病菌的主要富集部位。弧菌属和发光杆菌属在肠道中丰度较高,弧菌是水产养殖病害中最常见的病原菌之一^[55-57];而发光杆菌属虽能降解有机物^[58,59]并具有抗菌活性^[60],但在特定条件下亦可能成为病原。值得注意的是,许多常见环境菌如弧菌和气单胞菌等,在正常条件下可能为共生菌,但在免疫抑制或环境胁迫下可迅速转化为致病状态^[61]。因此,维持肠道微生态稳定显得尤为关键。未来研究可探索通过饲料优化、益生菌添加等手段改善宿主肠道微生态,但本研究结果仅提示潜在方向,尚不能直接验证这些措施的有效性。

3.4 结论和展望

本研究通过对海水养殖环境中华鲟亚成体不同生态位微生物的系统分析,明确了其体表、肠道与水体间微生物群落的差异性与分布特征。结果反映出中华鲟不同部位微生态之间存在稳定而特异的群落结构,这种结构的形成可能受到宿主组织功能与微环境条件的共同影响。特别是在肠道中富集的潜在致病菌属,提示肠道可能是病原菌传播与定植的关键环节,对中华鲟健康构成潜在威胁,具有重要防控价值。

本研究为理解中华鲟在人工海水养殖条件下的微生物适应机制提供了基础依据,也为后续的健康评估与风险管理提供了支持。未来可进一步结合功能基因分析与宿主生理指标,明确关键菌群的作用机制,并开展干预策略研究,探索调控微生态平衡的有效手段,以提升海水养殖中华鲟的稳定性与抗病能力。

参考文献

- [1] 危起伟.从中华鲟(*Acipenser sinensis*)生活史剖析其物种保护:困境与突围[J].湖泊科学,2020,32(5):1297-1319.
- [2] 周虹,李洋,张家发,等.爱国鱼:中华鲟[J].科学世界,2017(50):46-49.
- [3] 庄平,李大鹏,张涛,等.鲟鱼环境生物学——生长发育及其环境调控[M].北京:科学出版社,2017:13-14.
- [4] 董芳,危起伟.论中华鲟抢救性保护的途径[J].水生生物学报,2024,48(9):1610-1616.
- [5] 陈雪卉,冷小茜,罗江,等.海淡水养殖中华鲟免疫特性的比较[J].水生生物学报,2023,47(8):1335-1341.

- [6] ELLIS A E. Immunity to bacteria in fish[J]. Fish & Shellfish Immunology, 1999, 9(4): 291–308.
- [7] GUARDIOLA F A, CUESTA A, ARIZCUN M, et al. Comparative skin mucus and serum humoral defence mechanisms in the teleost gilthead seabream (*Sparus aurata*)[J]. Fish & Shellfish Immunology, 2014, 36(2): 545–551.
- [8] FLINT H J, SCOTT K P, LOUIS P, et al. The role of the gut microbiota in nutrition and health[J]. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, 2012, 9(10): 577–589.
- [9] RLUND J L, MAZMANIAN S K. The gut microbiota shapes intestinal immune responses during health and disease[J]. Nature Reviews Immunology, 2009, 9(8): 313–323.
- [10] SIAN E, SARAH C, JASON W, et al. The gut microbiota of marine fish[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 873.
- [11] GHANBARI M, KNEIFEL W, DOMIG K J. A new view of the fish gut microbiome: advances from next-generation sequencing[J]. Aquaculture, 2015, 448: 464–475.
- [12] VERSCHUERE L, ROMBAUT G, SORGELOOS P, et al. Probiotic bacteria as biological control agents in aquaculture[J]. Microbiology & Molecular Biology Reviews, 2000, 64(4): 655–671.
- [13] GÓMEZ G D, BALCÁZAR J L. A review on the interactions between gut microbiota and innate immunity of fish[J]. FEMS Immunology & Medical Microbiology, 2010, 52(2): 145–154.
- [14] 田甜, 张建明, 朱欣, 等. 长江鲟幼鱼黏液、肠道内容物及其养殖水体的微生物菌群结构和潜在病原菌分析[J]. 南方水产科学, 2023, 19(6): 71–83.
- [15] 吴斌. 棕点石斑鱼循环水养殖系统细菌多样性分析[J]. 海洋科学, 2023, 47(3): 116–127.
- [16] 荣华, 谢雨晴, 赵涛, 等. 四种不同食性鱼类肠道微生物群落组成及多样性比较分析[J]. 渔业科学进展, 2024, 45(4): 75–85.
- [17] MA C, CHEN C X, JIA L, et al. Comparison of the intestinal microbiota composition and function in healthy and diseased Yunlong grouper [J]. AMB Express, 2019, 9(1): 1–11.
- [18] 徐晟云, 陈昆慈, 罗青, 等. 基于 16S rRNA 高通量测序的鳢肠道微生物群落结构研究[J]. 大连海洋大学学报, 2020, 35(5): 693–700.
- [19] WANG C, SUN G X, LI S S, et al. Intestinal microbiota of healthy and unhealthy Atlantic salmon *Salmo salar* L. in a recirculating aquaculture system[J]. Journal of Oceanology and Limnology, 2018, 36(2): 414–426.
- [20] 裘钱玲琳, 徐如卫, 朱建林, 等. 凡纳滨对虾土塘养殖与循环养殖系统细菌群落结构比较研究[J]. 生物学杂志, 2015, 32(6): 45–49.
- [21] 侯婷婷, 钟志平, 刘纛, 等. 青石斑鱼海水循环水养殖水体的细菌群落特征[J]. 微生物学报, 2016, 56(2): 253–263.
- [22] 陈奇, 宋协法, 周广军, 等. 鲟鱼循环水养殖系统中生物滤池的水质变化及微生物群落结构响应[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2022, 52(11): 56–66.
- [23] 苟妮娜, 钟明智, 王开锋. 基于 16S rRNA 高通量测序的野生和养殖多鳞白甲鱼肠道微生物群落组成研究[J]. 西北农业学报, 2021, 30(7): 963–970.
- [24] 叶建勇, 唐金玉, 丁辰龙, 等. 基于高通量测序的克氏原螯虾肠道及其养殖环境菌群结构分析[J]. 青岛农业大学学报(自然科学版), 2020, 37(2): 129–134.
- [25] 翟万营. 南极鱼亚目鱼类肠道、皮肤黏液及其生存水环境微生物结构和功能研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2020.
- [26] 孙寓姣, 陈程, 丁爱中, 等. 官厅水库水质特征及水体微生物多样性的响应[J]. 中国环境科学, 2015, 35(5): 1547–1553.
- [27] 梁杰超, 季斌, 陈威, 等. 基于 Miseq 测序的长江中游枯水季水体菌群结构[J]. 科学技术与工程, 2019, 19(14): 84–89.
- [28] MOHAMMED K A, ARABACI M, ÖNALAN Ş. Investigation for zoonotic disease pathogens (*Aeromonas hydrophila*, *Pseudomonas fluorescens*, *Streptococcus iniae*) seen in carp farms in Duhok region of Northern Iraq by molecular methods [J]. AIP Conference Proceedings, 2017, 1833(1): 020078.
- [29] 熊向英, 赵艳飞, 王志成. 斑点叉尾鮰肠道及其养殖环境菌群结构分析[J]. 水产科学, 2022, 41(4): 589–596.
- [30] 吴欢欢, 王伟继, 吕丁, 等. 应用高通量测序技术分析大菱鲆幼鱼肠道及其养殖环境的微生物群落结构[J]. 渔业科学进展, 2019, 40(4): 84–94.
- [31] 张琛, 王岩, 郑侠飞, 等. 海水网箱养殖花鲈和日本黄姑鱼肠道细菌的多样性[J]. 中国水产科学, 2020, 27(9): 1113–1124.
- [32] 邢薇, 徐冠玲, 李铁梁, 等. 金藻多糖对杂交鲟幼鱼 (*Acipenser baerii* Brandt ♀ × *A. schrenckii* Brandt ♂) 生长性能、鱼体营养成分、血清指标及肠道菌群的影响[J]. 四川农业大学学报, 2023, 41(3): 525–536.
- [33] 邢薇, 罗琳. 西伯利亚鲟和欧洲鳊肠道菌群的比较分析以及棉籽蛋白替代部分鱼粉对欧洲鳊肠道菌群的影响研究[J]. 中国水产, 2021(10): 83–88.
- [34] 郑跃平, 刘杰豪, 金审, 等. 不同生理状态中华鲟体表黏液与生境微生物组成差异分析[J]. 渔业科学进展, 2024, 45(2): 150–161.

- [35] ROESELERS G, MITTGE E K, STEPHENS W Z, et al. Evidence for a core gut microbiota in the zebrafish [J]. ISME Journal, 2011, 5(10): 1595–1608.
- [36] 黄薇,周华书,刘兰英,等. 鲟鲤鱼网箱养殖环境微生物菌群结构及潜在病原菌分析[J].水生生物学报,2021,45(6):1255–1263.
- [37] 刘妮,彭作刚.玫瑰高原鳅肠道微生物多样性研究[J].水生生物学报,2021,45(1):118–124.
- [38] GAJARDO K, RODILES A, KORTNER T M, et al. A high-resolution map of the gut microbiota in Atlantic salmon (*Salmo salar*): a basis for comparative gut microbial research [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 30893.
- [39] DEHLER C E, SECOMBES C J, MARTIN S A M. Environmental and physiological factors shape the gut microbiota of Atlantic salmon parr (*Salmo salar* L.) [J]. Aquaculture, 2017, 467: 149–157.
- [40] KONSTANTINOS K, ELENI N, DIMITRIOS V D. Midgut bacterial microbiota of 12 fish species from a marine protected area in the Aegean Sea (Greece)[J]. Microbial Ecology, 2023, 86(2): 1405–1415.
- [41] STEVENS H, BRINKHOFF T, RINK B, et al. Diversity and abundance of Gram positive bacteria in a tidal flat ecosystem [J]. Environmental Microbiology, 2010, 9(7): 1810–1822.
- [42] CLEMENTS K D, ANGERT E R, MONTGOMERY W L, et al. Intestinal microbiota in fishes: what's known and what's not [J]. Molecular Ecology, 2014, 23(8): 1891–1898.
- [43] HOLMFELDT K, DZIALLAS C, TITELMAN J, et al. Diversity and abundance of freshwater *Actinobacteria* along environmental gradients in the brackish northern Baltic Sea [J]. Environmental Microbiology, 2009, 11(8): 2042–2054.
- [44] 樊英,于晓清,李乐,等.基于16S rRNA高通量测序分析大泷六线鱼表皮粘液及肠道内容物微生物多样性[J].生物技术进展,2021,11(1):79–90.
- [45] AYALEW A, FUFU A. Maintenance of fish health in aquaculture: review of epidemiological approaches for prevention and control of infectious disease of fish [J]. Veterinary Medicine International, 2018, 2018: 1–10.
- [46] 赵奇.三种常见水产致病菌多重PCR检测方法的建立及中草药组方的筛选[D].秦皇岛:河北科技师范学院,2024.
- [47] ELDAR A, BEJERANO Y, LIVOFF A, et al. Experimental streptococcal meningo-encephalitis in cultured fish [J]. Veterinary Microbiology, 1995, 43(1): 33–40.
- [48] MOHANTY B R, SAHOO P K. Edwardsiellosis in fish: a brief review [J]. Journal of Biosciences, 2007, 32(3 Suppl): 1331–1344.
- [49] 阮瑞,吴金平,李营,等.人工养殖下达氏鳃幼鱼肠道菌群组成分析[J].淡水渔业,2018,48(5):93–98.
- [50] 樊英,王友红,姬广磊,等.基于宏基因组测序技术揭示大泷六线鱼肠道微生物特征[J].微生物学报,2023,63(1):357–375.
- [51] SARMAH P, KARDONG D. Enzyme-producing gut bacteria of fish and its effect on fish health: a review [J]. Uttar Pradesh Journal of Zoology, 2022, 2022: 1–16.
- [52] PÉREZ T, BALCÁZAR J L, RUIZ-ZARZUELA I, et al. Host-microbiota interactions within the fish intestinal ecosystem [J]. Mucosal Immunology, 2010, 3(4): 355–360.
- [53] AUSTIN B. The bacterial microflora of fish, revised [J]. The Scientific World Journal, 2006, 6: 931–945.
- [54] BAKKY M A H, TRAN N T, ZHANG M, et al. Synergistic effects of butyrate-producing bacteria (*Clostridium senegalense* 15 or *Paraclostridium benzoelyticum* G5) and *Gracilaria lemaneiformis*-originated polysaccharides on the growth and immunity of rabbitfish [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2025, 291: 138683.
- [55] CHEN C Y. Comparative genome analysis of *Vibrio vulnificus*, a marine pathogen [J]. Genome Research, 2003, 13(12): 2577–2587.
- [56] 邴旭文,阎斌伦,张晓君,等.泥鳅(*Misgurnus anguillicaudatus*)病原霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)的表型与分子鉴定[J].海洋与湖沼,2009,40(6):692–698.
- [57] 高璐,杭莉,杨振泉,等.江苏省部分地区淡水产品中弧菌菌群及其致病性分析[J].中国人兽共患病学报,2013,29(2):142–147.
- [58] 薛超波,王国良,金珊,等.滩涂贝类养殖环境中细菌生态分布的初步研究[J].中国卫生检验杂志,2005,15(10):1191–1193.
- [59] 莫照兰,王祥红,于勇,等.虾池有机污染物降解细菌的筛选[J].水产学报,2000,24(4):334–338.
- [60] 郑立,林伟,严小军,等.海洋细菌抗菌和细胞毒活性的初步研究[J].应用生态学报,2004,15(9):1633–1636.
- [61] SENTHAMARAI M D, RAJAN M R, BHARATHI P V. Current risks of microbial infections in fish and their prevention methods: a review [J]. Microbial Pathogenesis, 2023, 185(Suppl C): 106400.