

## 珠江口优势种鱼类肠道与水体中的微生物组成关系

郑秋实, 刘永, 吴鹏, 李纯厚, 肖雅元, 唐广隆, 郭智成, 吴佳鹏, 洪义国

### 引用本文:

郑秋实, 刘永, 吴鹏, 李纯厚, 肖雅元, 唐广隆, 郭智成, 吴佳鹏, 洪义国. 珠江口优势种鱼类肠道与水体中的微生物组成关系[J]. *农业环境科学学报*, 2023, 42(11): 2531–2540.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0552>

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 生物炭原位添加对养殖池塘底泥中微生物群落结构的影响

赵汉胤, 陈潘毅, 唐欣哲, 陈以芹, 李娟英

*农业环境科学学报*. 2021, 40(12): 2770–2778 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0434>

#### 基于宏基因组方法分析养猪发酵床微生物组季节性变化

陈倩倩, 刘波, 王阶平, 朱育菁, 张海峰

*农业环境科学学报*. 2018, 37(6): 1240–1247 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1330>

#### 洪湖养殖区水环境中微生物的耐药性及其群落功能多样性研究

关川, 童蕾, 秦丽婷, 刘慧

*农业环境科学学报*. 2018, 37(8): 1748–1757 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1460>

#### 南京地区斑点叉尾养殖池塘水体微生物群落结构研究

钟立强, 王明华, 张世勇, 姜虎成, 陈校辉, 朱广伟, 边文冀

*农业环境科学学报*. 2020, 39(7): 1594–1604 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0157>

#### 钝化材料对农田土壤Cd形态及微生物群落的影响

兰玉书, 袁林, 杨刚, 程蓉, 石楷岐, 高本汗

*农业环境科学学报*. 2020, 39(12): 2743–2751 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0637>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

郑秋实, 刘永, 吴鹏, 等. 珠江口优势种鱼类肠道与水体中的微生物组成关系[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(11): 2531-2540.

ZHENG Q S, LIU Y, WU P, et al. Relationships of microbial composition between intestines of the dominant fishes and water environment from the Pearl River Estuary, China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(11): 2531-2540.

## 珠江口优势种鱼类肠道与水体中的微生物组成关系

郑秋实<sup>1</sup>, 刘永<sup>1,2</sup>, 吴鹏<sup>1,2\*</sup>, 李纯厚<sup>1,2\*</sup>, 肖雅元<sup>1,2</sup>, 唐广隆<sup>1</sup>, 郭智成<sup>1</sup>, 吴佳鹏<sup>3</sup>, 洪义国<sup>3</sup>

(1. 农业农村部南海渔业资源开发利用重点实验室, 广东珠江口生态系统野外科学观测研究站, 广东省渔业生态环境重点实验室, 中国水产科学研究院南海水产研究所, 广州 510300; 2. 国家渔业资源环境大鹏观测实验站, 广东 深圳 518116; 3. 广州大学大湾区环境研究院, 珠江三角洲水质安全与保护教育部重点实验室, 广州 510006)

**摘要:**为探讨河口鱼类肠道微生物与水环境中微生物的相互影响关系,选取了2019年冬季珠江口4种鱼类优势种凤鲚(*Coilia mystus*)、棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)、鳙(*Ilisha elongata*)和短吻鲷(*Leiognathus brevirostris*)为研究对象,利用16S rRNA基因的高通量测序技术分析了鱼类肠道和水环境中的微生物群落。结果表明:鱼类肠道和水环境之间微生物组成差异明显,而4种鱼类肠道微生物组成无显著差异。鱼类肠道微生物均以变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)为优势类群,而水体微生物以变形菌门和放线菌门(Actinobacteria)为主;鱼类肠道中优势微生物属为 *Bacteroides*、*Romboutsia* 和 *Faecalibacterium* 等(相对丰度 $\geq 2\%$ ),而水环境中的微生物优势属为 *Candidatus\_Actinomarina* (相对丰度21.2%)。四种鱼类物种的肠道微生物分别与水环境微生物之间的共有OTUs组成存在差异,共有的OTUs数量占棘头梅童鱼肠道总OTUs数量的比例最高(18.8%),而共有OTUs数量在凤鲚中占比最低(9.7%);水体中高丰度的微生物 *Candidatus\_Actinomarina* 很少在鱼类肠道中发现,而水环境中部分相对丰度较低的微生物在鱼类肠道中丰度较高。弧菌(*Vibrio*)、大肠埃希菌-志贺菌(*Escherichia-Shigella*)和寡养单胞菌(*Stenotrophomonas*)等致病菌是鱼类肠道微生物和水环境微生物中共有的主要类群之一。共现网络分析发现棘头梅童鱼肠道微生物与水环境微生物的网络关系最为简单,而鳙肠道微生物与水环境微生物的网络关系较为复杂。总体而言,河口鱼类宿主物种的差别能影响鱼类肠道和水体间的微生物互作关系,研究结果从微生物互作角度有助于提升我们对河口鱼类对水环境适应性的认识。

**关键词:**珠江口; 鱼类肠道微生物; 水体微生物; 共生网络; 微生物群落

中图分类号:S931.1 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2023)11-2531-10 doi:10.11654/jaes.2023-0552

### Relationships of microbial composition between intestines of the dominant fishes and water environment from the Pearl River Estuary, China

ZHENG Qiushi<sup>1</sup>, LIU Yong<sup>1,2</sup>, WU Peng<sup>1,2\*</sup>, LI Chunhou<sup>1,2\*</sup>, XIAO Yayuan<sup>1,2</sup>, TANG Guanglong<sup>1</sup>, GUO Zhicheng<sup>1</sup>, WU Jiapeng<sup>3</sup>, HONG Yiguo<sup>3</sup>  
(1. Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Exploitation & Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Scientific Observation and Research Station of Pearl River Estuary Ecosystem of Guangdong Province, Guangdong Provincial Key Laboratory of Fishery Ecology Environment, South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science, Guangzhou 510300, China; 2. National Agricultural Experimental Station for Fishery Resources and Environment Dapeng, Shenzhen 518116, China; 3. Institute of Environmental Research at Greater Bay Area, Key Laboratory for Water Quality and Conservation of the Pearl River Delta, Ministry of

收稿日期:2023-07-12 录用日期:2023-10-17

作者简介:郑秋实(1996—),男,江苏徐州人,硕士研究生,研究方向为鱼类肠道微生物。E-mail:zqs528491@163.com

\*通信作者:吴鹏 E-mail:wupeng@scsfri.ac.cn; 李纯厚 E-mail:scslch@vip.163.com

基金项目:广东省基础与应用基础研究基金项目(2019B1515120065);珠江三角洲水质安全与保护教育部重点实验室开放基金(KLWQCPRD-202302);中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2020TD16);中国水产科学研究院南海水产研究所中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2021SD04,2020SY01)

**Project supported:** Guangdong Basic and Applied Basic Research Foundation (2019B1515120065); The Opening Fund of Key Laboratory for Water Quality and Conservation of the Pearl River Delta, Ministry of Education (KLWQCPRD-202302); Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund, CAFS (2020TD16); Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund, South China Sea Fisheries Research Institute, CAFS (2021SD04, 2020SY01)

Education, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China)

**Abstract:** To explore the interaction between microbial communities in the intestines of fish and estuarine water, four dominant fish species were collected from the Pearl River estuary in winter, namely, *Coilia mystus*, *Collichthys lucidus*, *Ilisha elongata*, and *Leiognathus brevisrostris*. Microbial communities inhabiting the intestines of these fish and the water environment were analyzed using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene amplicon, respectively. A principal coordinates analysis (PCoA) and ANOSIM analysis of the resultant outputs showed that the intestinal microbial communities significantly differed from the water samples. However, there were no significant differences in the microbial compositions of the different fish species. The intestinal environment predominantly consisted of Proteobacteria and Firmicutes. In contrast, Proteobacteria and Actinobacteria were the most abundant phyla in the water. The most dominant genera in the intestines of fish were *Bacteroides*, *Romboutsia*, and *Faecalibacterium*, whereas *Candidatus\_Actinomarina* was the most abundant in water samples. The shared OTUs between fish intestinal and water samples varied across the four fish species. The shared OTUs accounted for the highest abundance of total OTUs in intestinal samples from *C. lucidus* (18.8%). In contrast, the shared OTUs accounted for the lowest abundance in intestinal samples from *C. mystus* (9.7%). Microorganisms observed to be highly abundant in the water (i. e., *Candidatus\_Actinomarina*) were rarely detected in the fish intestines, whereas low-abundance microorganisms in the water were more likely to be observed in the fish intestines. Pathogenic bacteria such as *Vibrio*, *Escherichia-Shigella*, and *Stenotrophomonas* were the main shared taxa between the fish intestines and the water environment. A co-occurrence network showed that the microbial communities of *Collichthys lucidus* and water exhibited the simplest networks, respectively. In contrast, a complex relationship was identified between the microbiota of the intestines of *Ilisha elongata* and the water, respectively. Overall, host fish species can influence the microbial interactions between intestinal and estuarine microbial communities; these findings will contribute toward a broader understanding of the unique adaptations that characterize estuarine fish.

**Keywords:** Pearl River estuary; fish intestinal microbiota; water microbiota; co-occurrence network; microbial community

河口是自然环境中独特的生态系统,是连接陆地和海洋的重要纽带,汇淡水、海水和咸淡水为一体,水文和物理化学条件复杂而多变,是全球生产力最高的生态系统之一。河口渔业资源丰富,是鱼类重要的产卵场、育幼场、索饵场及洄游通道,是溯河洄游和降海洄游鱼类的必经区域<sup>[1]</sup>。珠江口是我国三大河口之一,是亚热带众多重要水生生物的栖息地,也是我国传统的重要渔场之一。由于珠江口渔业捕捞和人类活动等的影 响,目前珠江口渔获物个体出现了明显的小型化和低龄化,小型鱼类正成为珠江口优势渔业物种<sup>[2-3]</sup>。以往研究表明,凤鲚(*Coilia mystus*)、棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)、短吻鲷(*Leiognathus brevisrostris*)等是珠江口常见的优势种<sup>[2,4]</sup>。

鱼类对环境变化具有一定的适应性,在环境变化过程中鱼类从基因、生理生化、组织结构、个体形态和群落组成等不同角度做出适应响应<sup>[5-6]</sup>。然而,从鱼类肠道微生物角度出发,探讨河口生态系统中不同鱼类物种的肠道微生物对水环境变化的响应研究还很缺乏。肠道微生物是宿主的重要组成部分,在宿主的物质代谢、健康稳态和免疫等生命过程中发挥重要作用<sup>[7]</sup>。鱼类肠道微生物主要来源于水体和食物的摄食过程<sup>[8]</sup>。由于受到外界环境和自身生长发育等因素的影响,其肠道微生物结构也发生变化<sup>[8-10]</sup>。周围

环境是影响宿主肠道微生物重要的因素之一,在以往的研究中发现,蚯蚓肠道微生物主要来源于周围土壤<sup>[11]</sup>,但蚯蚓的肠道微生物组成又与周围土壤微生物存在显著差异<sup>[12]</sup>。在水中也有相似的情况,鱼类群落组成,以及水体温度和盐度等因素会影响鱼类肠道的菌群结构<sup>[13]</sup>,目前鱼类肠道微生物的研究在养殖环境中较为深入,而对于自然环境中鱼类肠道微生物的研究略显不足。鉴于河口水环境多变的特性,探讨鱼类肠道微生物与水环境之间的相互关系,对于从微生物角度阐述鱼类对环境适宜性具有重要的研究意义。在微生物群落相互作用关系的研究中,网络共生分析可以很好地呈现这种相互关系<sup>[14]</sup>。为此,本研究在2019年冬季珠江口渔业资源调查的基础上,选取了该航次的鱼类优势种凤鲚(*C. mystus*)、棘头梅童鱼(*C. lucidus*)、短吻鲷(*L. brevisrostris*)和鲳(*Ilisha elongata*)4种小型鱼类为研究对象,比较了4种鱼类肠道微生物组成变化,并分析了这4种鱼类肠道微生物的差异及其与水体微生物间的互作关系,以期从微生物互作角度提升对河口鱼类适应水环境的认识。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

冬季和夏季珠江口鱼类群落比春季和秋季更加

稳定<sup>[15]</sup>,因此本研究选取了冬季作为代表性季节进行分析。本次调查于2019年12月在珠江口的内伶仃洋海域(22°24.022' N, 113°44.767' E)使用渔船底拖网进行渔业资源调查,该区域表层水体的温度为19.78℃,盐度为29.49。同时,在该区域采集了珠江口4种典型鱼类优势种,分别为凤鲚(CM)、棘头梅童鱼(CL)、鳙(IE)和短吻鲷(LB)。凤鲚为短距离河口洄游性鱼类,常栖息于近海,在繁殖时,成熟个体常至河口咸淡水区域繁殖,凤鲚为滤食性鱼类,主要以浮游动物为食,包括桡足类、糠虾类、磷虾类和鱼类等,其中,桡足类是其最重要的饵料类群<sup>[16]</sup>。棘头梅童鱼是一种底栖性的小型低级肉食性鱼类<sup>[17]</sup>,通常生活在大陆沿海水域<sup>[18]</sup>,主要以小型虾类(糠虾、磷虾等)及桡足类为食,并兼食鱼类以及长尾类等<sup>[19]</sup>。鳙是珠江口浅海常见的经济鱼类,主要以底栖生物和小型游泳动物为食<sup>[20]</sup>。短吻鲷为小型肉食性鱼类,是我国南方常见小型暖水性鱼类,主要栖息在近岸海域<sup>[3,21]</sup>。每种鱼分别采集体长相近鱼类个体9条,用无菌剪刀解剖鱼体,取出鱼类肠道,挤出肠道内含物,每种鱼每3条鱼类个体的肠道内含物混合置于2 mL 无菌离心管,为一个样品。因此,实验共设置生物重复3个。然后将解剖获取的样品置于液氮速冻保存,直至实验室DNA提取。分别采集表、底层海水(W)5 L,充分混合后,取其中的3 L混合水样用0.2 μm 孔径(Millipore, Ireland)滤膜现场过滤,每1 L混合水样用1张滤膜收集水样微生物,过滤滤膜收集后置于液氮中冷冻保存,并带回实验室处理。

## 1.2 DNA提取与高通量测序分析

肠道微生物总DNA按照the QIAmp® Fast DNA stool mini kit 试剂盒(QIAGEN)方法提取。海水滤膜按照E.Z.N.A®Water DNA Kit 试剂盒(Omega, 美国)提取水样总DNA。以提取的水样总DNA和肠道微生物总DNA为模板,针对微生物16S rRNA基因,采用341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTATCTAAT-3')引物进行PCR扩增,PCR扩增产物经建库检测,将合格的文库在 Illu-

mina HiSeq2500平台进行高通量测序(广州基迪奥生物科技有限公司)。测序后的4种鱼类的肠道微生物和水体微生物序列分别提交至NCBI的Sequence Read Archive(SRA)数据库,其中鱼类肠道微生物序列号为SRR12266821-SRR12266823和SAMN35618142-SAMN35618150,水体微生物序列号为SRR122779-38-SRR12277940。

## 1.3 高通量测序数据分析

样品下机测序序列截去Barcode和引物序列后,使用FASTP软件对测序序列进行过滤并移除低质量的序列,得到高质量的双端优化序列(Clean Reads)。然后,通过FLASH软件对样品中的Reads进行拼接,得到原始的拼接序列(Raw Tags)<sup>[22]</sup>。拼接得到的Raw Tags经过严格的过滤处理即为高质量的Tags数据(Clean Tags)<sup>[23-24]</sup>,然后通过UCHIME Algorithm([http://www.drive5.com/usearch/manual/uchime\\_algo.html](http://www.drive5.com/usearch/manual/uchime_algo.html))与数据库(Gold database, [http://drive5.com/uchime/uchime\\_download.html](http://drive5.com/uchime/uchime_download.html))去除其中的嵌合体序,得到Effective Tags。Effective Tags利用Uparse按照97%的序列相似性进行操作分类单元(Operational taxonomic unit, OTU)聚类分析<sup>[25]</sup>。选取代表性OTUs序列,用RDP Classifier方法<sup>[26]</sup>与SILVA数据库<sup>[27]</sup>进行物种系统进化注释分析。样品数据均一化处理后,使用QIIME软件计算样品的Shannon, Simpson, Chao指数和覆盖度(Coverage)<sup>[24]</sup>。

## 1.4 数据分析

根据样品中的OTUs的相对丰度以及OTUs的系统发育树,进行Bray-Curtis距离和加权Unifrac距离的主坐标分析(Principal coordinate analysis, PCoA),探讨珠江口4种鱼类肠道和水体中微生物的组成差异分析。同时,通过置换多因素方差分析(Adonis)比较了基于微生物Bray-Curtis距离的水体与肠道微生物的显著性差异。采用Upset图分析样品间的OTUs组成交互关系,Upset图采用的数据为测序得到的每种鱼类样品OTUs个数的平均值,对于鱼类样品中OTUs个数平均值小于1的不纳入统计分析。通过共生网络图分析鱼

表1 珠江口采集的4种优势鱼类的基础生物学信息

Table 1 Basic biological information of four dominant fish species collected in the Pearl River Estuary

鱼类名称	目	科	全长/cm	体质量/g	分布区域	食性
凤鲚(CM)	鲱形目	鳀科	11.8±0.9	7.0±1.9	渤海、黄海、广西沿海	滤食性
棘头梅童鱼(CL)	鲈形目	石首鱼科	12.2±0.4	40.4±6.3	渤海、黄海、东海、台湾海域	肉食性
鳙(IE)	鲱形目	鲱科	15.3±1.1	34.6±4.8	我国沿海	杂食性
短吻鲷(LB)	鲈形目	鲷科	6.8±0.4	6.1±1.0	东海、南海、台湾海域	肉食性

类肠道和水体环境间的微生物优势属的关系,筛选了水环境和四种鱼类肠道中丰度前50的属,通过在线平台(<https://www.bioincloud.tech>)计算 Spearman 相关性,将相关系数绝对值大于0.7和 $p$ 值小于0.05的属,导入 Cytoscape 绘制网络图。另外,通过共生网络图分析鱼类肠道和水体环境间的微生物 OTUs 的关系,筛选出排名靠前的 OTUs,经过筛选的 OTUs 总体相对丰度大于90%;用 R 软件加载“Hmisc”包计算 Spearman 相关性,通过 R 软件中 *ccor* 函数获取 OTUs 之间相关系数  $r$  对应的显著性  $p$  值,并用 *p.adjust* 函数对  $p$  值进行校正,将相关系数绝对值大于0.7和 $p$ 值小于0.05的网络图数据导入 Gephi 软件,用 Fruchterman-Reingold 布局绘制网络图;在网络图中,节点的大小代表 OTU 的相对丰度大小,红色的连接线代表正相关,绿色的代表负相关。

## 2 结果与分析

### 2.1 测序数据情况

通过 Illumina HiSeq 高通量测序,从水样和4种鱼类肠道样品中共获得 1 426 499 条原始序列。经过质控和过滤处理后,共获得 1 313 517 条有效序列,占总原始序列的 92.08%。水样和肠道微生物样品的有效序列数变化范围在 83 975±7 024 到 91 786±3 225 之间,其中鳊肠道微生物序列最多,棘头梅童鱼最少。在 97% 的相似性分类水平下,水样中的微生物物种数量(Sobs)平均为 2 423.667±59.5,显著高于鱼类肠道样品。在鱼类肠道样品中,凤鲚肠道获得的微生物物种数量最高(1 002.667±523.6),其次为棘头梅童鱼(946.667±67.7),而短吻鲮(890.667±125.3)和鳊(796.333±121.9)相对较低。根据 alpha 多样性指数也发现水体中的 ACE 和 Chao 指数均显著高于鱼类肠道。在4种鱼类肠道样品中,凤鲚的 ACE 和 Chao 指数最高,短吻鲮的 Shannon 指数最高。水体和鱼类肠道中的 Simpson 指数变化差异较少。所有样品的 Coverage 均达到 99% 以上,表明本研究的高通量测序数据能全面反映水体和鱼类肠道中的微生物群落组成。

### 2.2 肠道和水体中的微生物组成

在鱼类肠道和水环境样品中共检测出 44 门的微生物。如图 1 所示,门分类水平下,相对丰度较高的 10 个门的微生物均分别占水体和鱼类肠道样品微生物总丰度的 93% 以上。四种鱼类肠道微生物均以变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)为优势类群,变形菌门丰度变化范围在 18.0%~29.1% 之间,其中棘头梅童鱼肠道中变形菌门丰度最高,其次

表2 珠江口鱼类肠道微生物和水体微生物的测序信息和多样性分析

Table 2 Sequencing information and diversity analysis of fish intestinal microbiota and water microbiota from the Pearl River Estuary

样品	Sobs	Shannon	Simpson	Chao	ACE	Coverage
IE	796±122b	7.14±0.72a	0.98a	1 168±41b	1 320±55b	0.997a
LB	891±125b	7.18±0.16a	0.98a	1 215±179b	1 290±169b	0.997a
CM	1 003±523b	6.91±2.15a	0.94a	1 312±372b	1 402±353b	0.997a
CL	947±68b	6.47±0.59a	0.97a	1 246±42b	1 315±64b	0.996a
W	2 424±60a	7.46±0.82a	0.94a	2 983±72a	3 023±128a	0.991a

注:不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )。

Note: different letters indicate significant difference ( $P<0.05$ ).

为鳊(27.4%),凤鲚最低;厚壁菌门丰度变化范围在 12.4%~37.7% 之间,该丰度在短吻鲮样品中最高,在鳊中最低。水体中厚壁菌门丰度较低,仅为 1.0%。水体微生物以变形菌门和放线菌门(Actinobacteria)为主,其相对丰度分别为 36.2% 和 34.7%。拟杆菌门相对丰度在短吻鲮中最高(17.6%),其次为鳊(13.5%)和凤鲚(12.9%),水样(11.3%)和棘头梅童鱼(9.9%)相对较低。各鱼类肠道和水样中浮霉菌门(Planctomycetes, 4.1%~9.8%)和蓝藻(Cyanobacteria, 4.3%~6.6%)丰度均较高,但样品间差异较小。此外,酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度在鳊肠道中较高,分别为 8.5% 和 5.1%,远高于其余鱼类和水样。

从属分类水平上分析各样品的微生物相对丰度发现,在肠道样品中平均相对丰度 $\geq 2\%$ 的优势属依次为 *Bacteroides*、*Romboutsia*、*Faecalibacterium*、*Lactobacillus* 和 *Escherichia-Shigella* (图 1)。水样中以 *Candidatus\_Actinomarina* 丰度值最高为 21.2%,其余水样微生物丰度值均低于 3.5%。4 种鱼类的肠道样品中 *Candidatus\_Actinomarina* 丰度值极低( $<0.1\%$ )。4 种鱼类肠道样品中微生物组成也有差异,*Vibrio* 相对丰度在鳊中最高,在其他 3 种鱼肠道中都很低,均小于 1%。凤鲚肠道特有的菌属则是 *Romboutsia*,在其他 3 种鱼肠道中几乎没有发现,棘头梅童鱼肠道中最多的菌属是 *Lactobacillus*,在其他 3 种鱼类肠道中均占 1% 左右,短吻鲮肠道中 *Bacteroides* 和 *Faecalibacterium* 都大于 6%,远高于其他属,其中 *Bacteroides* 在四种鱼肠道中都有发现。

基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析发现珠江口水环境的样品明显聚为一簇,而 4 种鱼类肠道微生物聚为另外一簇,并且 4 种鱼类的肠道微生物组成差异较小,样品交叉较为明显(图 2)。通过 adonis 分析

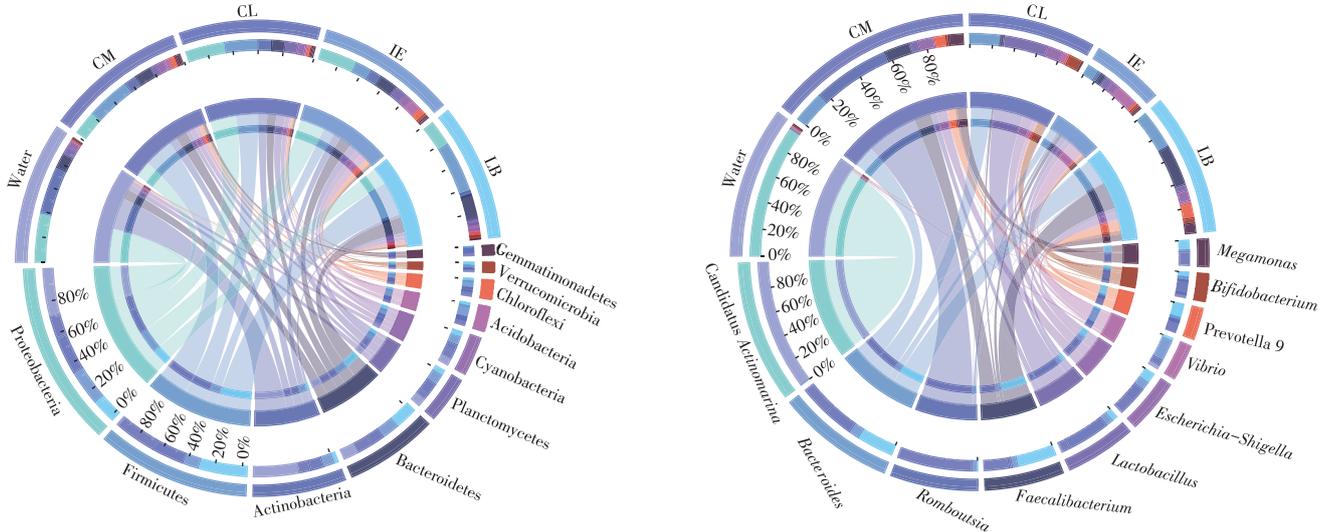


图1 门和属水平下珠江口鱼类肠道和水体的微生物组成(TOP 10)

Figure 1 Microbial composition of fish intestines and water bodies in the Pearl River Estuary at phylum and genus level(TOP 10)

(permannova)也发现4种鱼类相互间的肠道微生物组成差异不显著( $P>0.05$ ),而鱼类样品与水样之间有显著差异( $P=0.001$ )(表3)。基于加权 Unifrac 距离的 PCoA 分析同样发现4种鱼类肠道微生物与水体微生物群落组成差异较大(图2)。

### 2.3 鱼类肠道和水体中微生物的关系

微生物 OTUs 数量在珠江口4种鱼类肠道和水体中的分布情况见图3。4种鱼类肠道和水体样品独有的 OTUs 数量相对较多。4种鱼类肠道分别与水体样品共有 OTUs 的表现: 鳊与水样共有的 OTUs 数量为146个,占鳊肠道总 OTUs 数量的13.9%;短吻鲷与水样共有的 OTUs 数量为205个,占短吻鲷肠道总 OTUs 数量的14.5%;凤鲚与水样共有的 OTUs 数量为166个,占凤鲚肠道总 OTUs 数量的9.7%;棘头梅童鱼与水样共有的 OTUs 数量为201个,占棘头梅童鱼肠道总 OTUs 数量的18.8%。

基于共有的 OTUs 组成和相对丰度值,进一步分

表3 珠江口鱼类肠道微生物和水体微生物的差异分析

Table 3 Differential analysis of gut microbiota and water microbiota in the Pearl River Estuary fish

组别	$R^2$	$P$
IE-vs-LB	0.201	0.750
IE-vs-CM	0.183	0.800
IE-vs-CL	0.253	0.143
LB-vs-CM	0.161	0.800
LB-vs-CL	0.236	0.143
CM-vs-CL	0.237	0.143
IE, LB, CM, CL-vs-W	0.195	0.001

析了微生物优势属,发现不同鱼类肠道与水体之间共有微生物差别较大(图4)。鳊肠道和水环境中共有的优势微生物为 *Bifidobacterium* 和 *Vibrio*;短吻鲷肠道和水环境中共有的优势微生物为 *Akkermansia*;棘头梅童鱼肠道和水环境中共有的优势微生物为 *Mycobacterium*、*Acinetobacter*、*Stenotrophomonas* 和 *Bifidobacterium* 等;凤鲚肠道和水环境中共有的优势微生物为 *Blastopirellula* 和 *Acinetobacter* 等。此外,水环境中优势的微生物属很少在鱼类肠道微生物中发现,例如:水环境中大量发现的 *Candidatus Actinomarina*, 该类微生物在鱼类肠道中相对丰度都没有超过0.03%。鱼类肠道中发现了部分水环境中相对丰度较低的微生物属。例如凤鲚、鳊、短吻鲷和棘头梅童鱼肠道中的 *Escherichia-Shigella*、*Vibrio*、*Akkermansia* 和 *Lactobacillus* 相对丰度较高,但这四种微生物属在水环境中都很少,不超过0.14%。

### 2.4 鱼类肠道和水体中的微生物共生网络分析

通过共生网络图分析鳊、凤鲚、棘头梅童鱼、短吻鲷4种鱼类肠道微生物分别和水环境微生物之间的潜在相互关系。从属的水平上看,一些微生物属在水体和鱼类肠道微网络图中的节点连线都很多,和水体与鱼类肠道微网络图中的其他节点都有较强的相互作用。这些高度关联的节点中,水体和棘头梅童鱼共有5个,其他三种鱼有2~3个(图5)。根据 OTUs 组成构建了4种鱼类肠道和水体微生物的共生网络图(图6),鳊肠道和水环境之间的微生物互作网络由520个节点和7472条边组成;短吻鲷肠道和水环境之间的微生物互作网络由478个节点和4614条边组成;棘

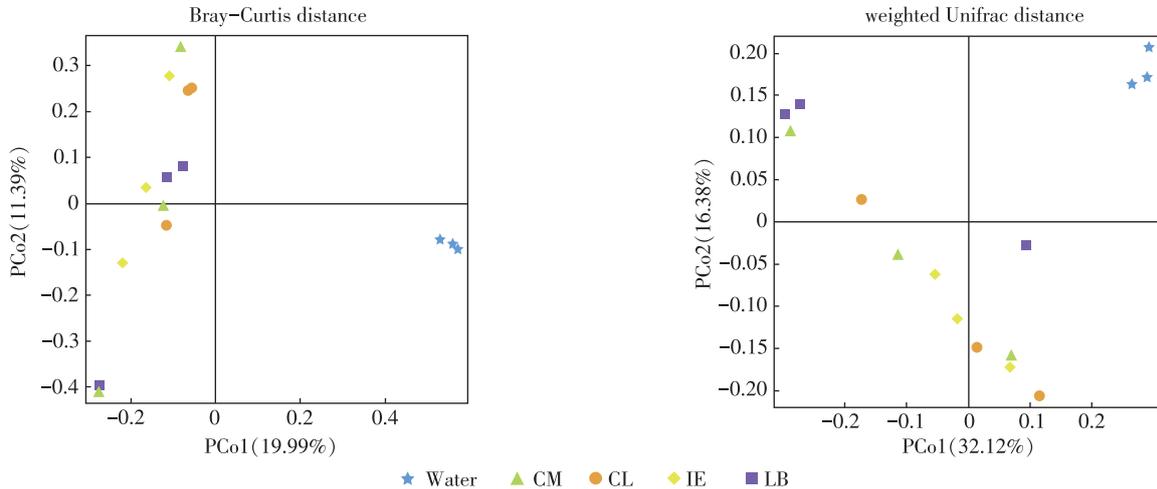


图2 基于OTUs水平的珠江口鱼类肠道和水体的微生物群落比较

Figure 2 Comparison of microbial communities at OTUs level in fish intestines and water bodies from the Pearl River Estuary

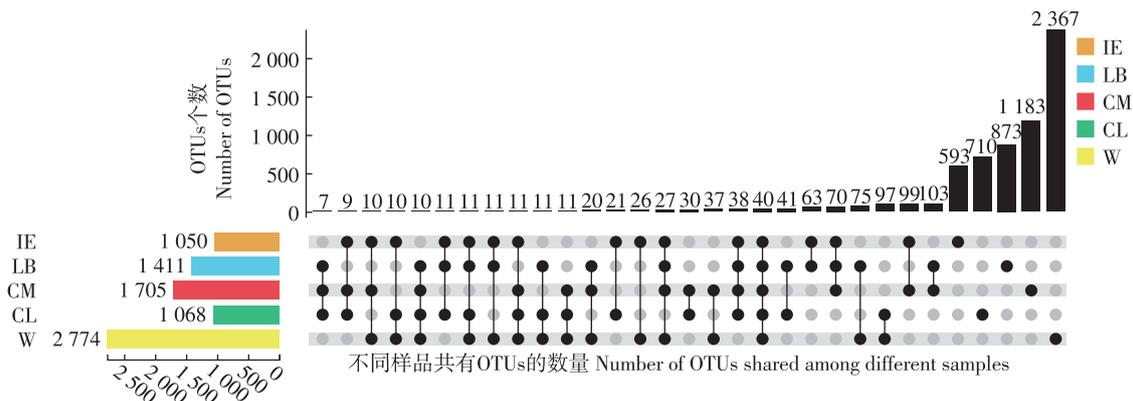


图3 珠江口鱼类肠道和水体中的微生物 OTUs 组成

Figure 3 OTUs composition in fish intestines and water bodies from the Pearl River Estuary

头梅童鱼肠道和水环境之间的微生物互作网络由428个节点和2909条边组成;凤鲚肠道和水环境之间的微生物互作网络由424个节点和3644条边组成。微生物网络复杂性最高的是鳊肠道和水环境之间,因为鳊肠道和水环境之间的微生物互作网络图节点数量、边数量、平均度和平均聚类系数均最高,同时网络图中鳊和水环境之间共有的OTUs的比例是最低的(图6)。棘头梅童鱼肠道和水环境之间的微生物互作网络图最为简单,节点数量相对较低,并且边的数量、平均度和平均聚类系数都最少,在网络图中棘头梅童鱼和水环境共有的OTUs比例达到69.63%,远高于其他3种鱼。

### 3 讨论

#### 3.1 4种鱼类肠道微生物和水环境微生物的组成差异

从门水平上,珠江口4种鱼类肠道微生物组成和周围水环境的微生物组成存在较大差异。本研究发

现鱼类肠道样品中变形菌门和厚壁菌门相对丰度较高,而水体中以变形菌门和放线菌门为主。以往研究也发现变形菌门和厚壁菌门是水生动物的肠道中的优势类群,如大西洋鲑鱼<sup>[28]</sup>和爱琴海海洋保护区中的 *Diplodus annularis* 和 *D. vulgaris* 等12种鱼类<sup>[10,29]</sup>。变形菌门和厚壁菌门普遍被认为在有机物降解、营养物质循环以及消化等方面发挥着重要作用<sup>[30-31]</sup>。水体中的微生物优势种则是变形菌门和放线菌门,以往的研究也在这一海域发现了同样的情况<sup>[32]</sup>,放线菌门是水环境微生物群落中的重要组成部分之一,在水质净化和有机物分解过程中起着重要的作用<sup>[33]</sup>。在属水平上,珠江口四种鱼类肠道与水环境之间的微生物组成差异更加明显(图1)。四种鱼类肠道样品中微生物优势属在水体中相对丰度都较低,如 *Bacteroides*、*Romboutsia* 和 *Lactobacillus* 等。同时水体中相对丰度最高的 *Candidatus\_Actinomarina* 却在鱼类肠道样品中所占比例极低。以往研究也发现海水池塘循环水“跑

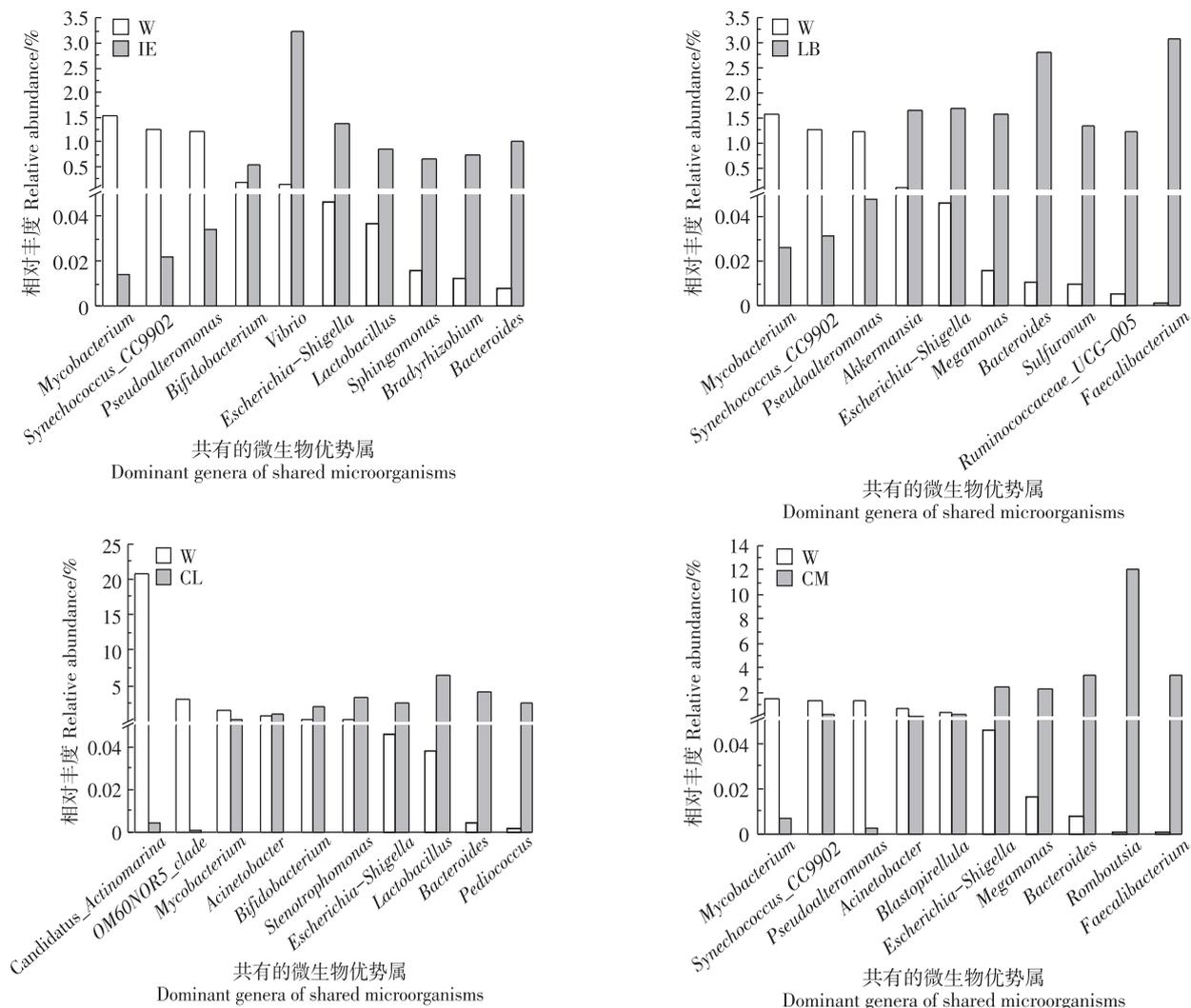


图4 基于共有的OTUs分析珠江口鱼类肠道和水环境中的微生物优势属组成

Figure 4 Relative abundance of dominant microbial genera based on shared OTUs composition for fish intestines and water bodies from the Pearl River Estuary

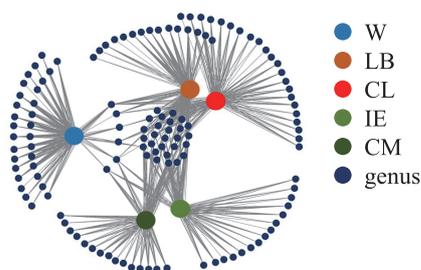


图5 基于属水平的珠江口鱼类肠道和水环境微生物的共生网络  
Figure 5 Co-occurrence network of fish intestinal microbiota and water microbiota from the Pearl River Estuary on genus-level

道”养殖系统中花鲈肠道也以 *Bacteroides*、*Romboutsia* 和 *Lactobacillus* 为优势属,而且也在养殖水环境中几乎未见<sup>[34]</sup>。

虽然4种鱼类肠道微生物群落组成无显著差异,

但不同鱼类肠道也存在特定的微生物类群。*Romboutsia* 在凤鲚和鳊的肠道中被大量发现,但是在肉食性的棘头梅童鱼和短吻鲮中占比却非常少,可能是因为食性的原因导致了这一结果。*Romboutsia* 能将宿主难以消化的大分子碳水化合物代谢为丁酸等短链脂肪酸,降低肠道 pH,提高宿主的免疫调节能力,维持肠道微生态平衡<sup>[35]</sup>。前人研究了长江口八种鱼野生条件下肠道菌群的 DGGE 指纹图谱也发现肉食性、草食性和滤食性鱼类之间肠道菌群存在明显差异<sup>[36]</sup>。*Latobacillus* 在棘头梅童鱼肠道中的相对丰度远高于其他的物种;*Facalibacterium* 在短吻鲮和凤鲚肠道中相对丰度较高,但在其他两种鱼肠道中相对丰度较低。这表明了鱼类宿主的物种差异对肠道微生物有影响,在对爱琴海的 *D. annularis* 和 *D. vulgaris* 等12种

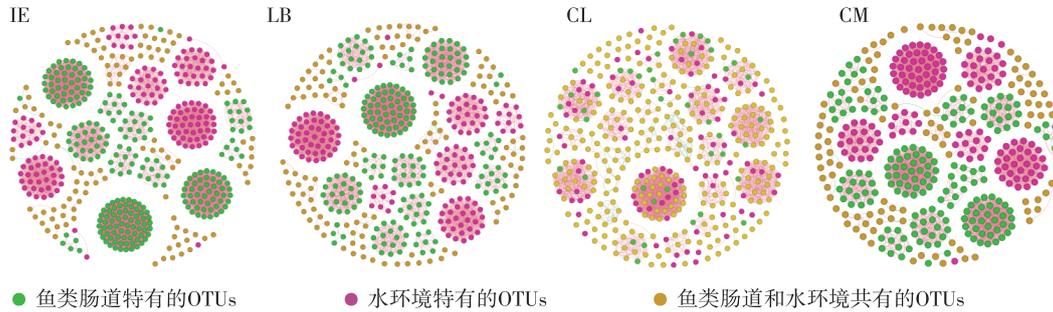


图6 基于 OTUs 构建的珠江口鱼类肠道和水环境微生物的共生网络

Figure 6 Co-occurrence network of fish intestinal microbiota and water microbiota from the Pearl River Estuary based on OTUs composition

鱼类的肠道微生物群落的研究中同样发现,不同物种的肠道微生物组成不同<sup>[29]</sup>。

### 3.2 4种鱼类肠道和水环境之间微生物的关系差异

4种鱼类肠道微生物和水环境微生物之间的关系存在差异。本研究发现棘头梅童鱼肠道与水环境之间的微生物网络共生图较为简单,主要是由于鱼类肠道和水环境之间共有的节点远高于其他3种鱼,大部分相互作用的微生物都是肠道和水环境之间共有的,肠道和水环境之间的微生物关系远高于其他3种鱼。鳙肠道与水体微生物互作关系较为复杂,更多的是肠道微生物和水环境微生物各自之间的相互关系(图5)。宿主物种的差别也可影响鱼类肠道微生物和水环境微生物之间的互作关系,前人在研究了不同环境下的鲤鱼和鳊鱼的肠道微生物发现,宿主物种对不同环境下鱼类肠道微生物的群落结构有着显著的影响<sup>[37]</sup>。在 *Metaplex longipes* 和 *Helice japonica* 两种野生水生生物的肠道微生物和环境微生物之间相互关系的研究中发现,水环境变化给这两种不同物种蟹类肠道微生物带来的变化也有差异<sup>[38]</sup>。Li等<sup>[39]</sup>通过比较饲养的草鱼、鲫鱼和鳊鱼的肠道微生物菌群发现,肠道微生物群落结构是在鱼类种属特异情况下选择性压力的产物。

*Candidatus Actinomarina* 在水体中的相对丰度很高,但是在鱼类肠道中很少发现;在水中相对丰度较低的微生物如 *Vibrio* 和 *Escherichia-Shigella*,却在四种鱼类肠道中相对丰度较高。相关研究表明,鱼类肠道中微生物的形成与水环境中的微生物有紧密的联系,并且水环境的变化也会对肠道菌群的组成和稳定性产生一定的影响<sup>[37]</sup>。对大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)肠道微生物和水环境微生物关系研究中,有 12.69%±3.63% 的肠道微生物来源于水环境,而水环境中的一些优势属也没有在鱼类肠道中发现<sup>[40]</sup>。在

对 *S. nudus* 肠道和周围沉积物微生物相互作用的研究中发现,沉积物中的优势微生物类群(*Synechococcus* 和 *Escherichia-Shigella* 等)很少在 *S. nudus* 肠道中出现<sup>[41]</sup>。

细菌性疾病是水产养殖动物最重要的疾病之一,2005年以来暴发的生物源性疾病中,细菌性疾病所占比例超过 55%<sup>[42]</sup>。本研究还发现致病菌是鱼类肠道微生物和水环境微生物中共有的主要类群。其中, *Vibrio* 是一种革兰氏阴性、兼性厌氧的致病菌<sup>[43]</sup>,这种菌属在水环境中和鱼类肠道中都有发现,并且被认为是一种外源性感染的重要病原体。另一种潜在的病原体属 *Escherichia-Shigella* 也在四种鱼类肠道和水中被发现, *Escherichia-Shigella* 是一种常见的细菌属,普遍存在于鱼类和其他动物体内<sup>[44-45]</sup>。当鱼类处于生理失衡的环境中,例如水质变化或高营养负荷下,这些细菌可能对它们的健康构成威胁。特别是大肠杆菌和其他 *Escherichia-Shigella* 群体的繁殖可能导致鱼类患上肠炎或败血症等疾病<sup>[46]</sup>。本研究还发现了大量存在于棘头梅童鱼肠道的 *Stenotrophomonas*,这种菌属被认为是一种潜在致病菌<sup>[9,47]</sup>,是引起斑点叉尾鲷高致死性、传染性疾病的主要病原菌之一<sup>[42]</sup>,并且在水环境和其他三种鱼类肠道中也有少量存在。除此之外,还有一些在鱼类肠道和水环境之间常出现的微生物,例如 *Acinetobacter* 属的微生物被视为潜在致病菌,可能会诱发鱼类肠道炎症等疾病,这些感染往往表现为溃疡、出血和黏液分泌增加等症状<sup>[48]</sup>。病原体可能通过水生动物进食或直接接触污染水体而进入动物体内引起疾病。未来可深入研究如何预防和控制病原菌感染以及维持肠道微生物稳定性。使用益生菌或其代谢产物可降低病原细菌在鱼类肠道中的滋生和繁殖,增强鱼类抵抗病原体侵入的能力,例如益生菌可以促进大口黑鲈生长、增强消化和免疫

力、促进肠道菌群平衡及提高肠道菌群多样性<sup>[49]</sup>,还有研究表明植物乳杆菌对凡纳滨对虾致病菌有抑制作用<sup>[50]</sup>。

## 4 结论

(1)珠江河口鱼类物种对其肠道微生物的组成影响较小,但鱼类肠道与水体间的微生物组成差异较大。

(2)水环境中部分相对丰度较低的微生物更容易在鱼类肠道中发现,而水体中高丰度的微生物很少在鱼类肠道中发现;致病菌是鱼类肠道微生物和水环境微生物之间共有的主要类群之一。

(3)凤鲚、棘头梅童鱼、短吻蝠和鳎4种鱼类肠道和水环境的微生物互作网络关系存在差别,棘头梅童鱼与水环境之间的网络关系最为简单,而鳎最为复杂。

## 参考文献:

- [1] 陈渊泉. 长江口河口锋区及邻近水域渔业[J]. 中国水产科学, 1995, 2(1): 13. CHEN Y Q. Fisheries status in estuarine front zone of Changjiang (Yangtze) river and adjacent waters[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 1995, 2(1): 13.
- [2] 李开枝, 尹健强, 黄良民, 等. 珠江口伶仃洋海域底层游泳动物的季节变化[J]. 生态科学, 2012, 31(1): 1-7. LI K Z, YIN J Q, HUANG L M, et al. Seasonal variations of bottom nekton in the Lingding Bay of Pearl River Estuary, China[J]. *Ecological Science*, 2012, 31(1): 1-7.
- [3] 唐广隆, 钟智辉, 李纯厚, 等. 珠江口万山群岛海域春季渔业资源群落结构特征及其与环境因子的关系[J]. 中国水产科学, 2022, 29(8): 1198-1209. TANG G L, ZHONG Z H, LI C H, et al. Community structure of fishery resources and its relationship to environmental factors in the Wanshan Islands Sea of the Pearl River Estuary in Spring[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2022, 29(8): 1198-1209.
- [4] 谢雨芳, 吴鹏, 刘永, 等. 珠江河口凤鲚的栖息地适宜性评价[J]. 南方水产科学, 2023, 19(1): 22-29. XIE Y F, WU P, LIU Y, et al. Study on habitat suitability of *Coilia mystus* in Pearl River Estuary, China[J]. *South China Fisheries Science*, 2023, 19(1): 22-29.
- [5] BOWDEN T J. Modulation of the immune system of fish by their environment[J]. *Fish and Shellfish Immunology*, 2008, 25(4): 373-383.
- [6] 徐田振. 基于形态学的珠江流域鱼类空间适应性研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2018: 41-42. XU T Z. Study on spatial adaptability of fish in Pearl River basin based on morphology[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2018: 41-42.
- [7] SIAN E, SARAH C, JASON W, et al. The gut microbiota of marine fish[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 873.
- [8] 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.
- [9] SULLAM K E, ESSINGER S D, LOZUPONE C A, et al. Environmental and ecological factors that shape the gut bacterial communities of fish: a meta-analysis[J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(13): 3363-3378.
- [10] 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.
- [11] 符芙蓉, 孙扬, 赵丽霞, 等. 蚯蚓肠道微生物与污染物的互作效应及机制[J]. 生态学杂志, 2023(15): 1113. FU F R, SUN Y, ZHAO L X, et al. Interaction effect and mechanism between microorganisms in earthworm intestine and pollutants in soil[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2023(15): 1113.
- [12] PASS D A, MORGAN A J, READ D S, et al. The effect of anthropogenic arsenic contamination on the earthworm microbiome[J]. *Environmental Microbiology*, 2015, 17: 1884-1896.
- [13] 王瑞旋, 王江勇, 徐力文, 等. 军曹鱼肠道及水体异养菌和弧菌的周年变化[J]. 中国水产科学, 2008, 15(6): 1008-1015. WANG R X, WANG J Y, XU L W, et al. Annual changes of heterotrophic bacteria and vibrios in intestine and rearing water of maricultured cobia, *Rachycentron cannadum* Linnaeus[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2008, 15(6): 1008-1015.
- [14] 吴桐桐, 徐基胜, 周云鹏, 等. 黄河三角洲不同生境土壤理化特性及细菌群落结构特征[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(10): 2250-2261. WU T T, XU J S, ZHOU Y P, et al. Variation in soil properties and bacterial community composition of different habitat soils in the Yellow River Delta, China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(10): 2250-2261.
- [15] 林坤. 基于网络理论的鱼类群落复杂性与稳定性分析[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2022: 17-18. LIN K. Analysis of complexity and stability of fish community based on network theory[D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University, 2022: 17-18.
- [16] 周卫国, 丁德文, 索安宁, 等. 珠江口海洋牧场渔业资源关键功能群的遴选方法[J]. 水产学报, 2021(3): 433-443. ZHOU W G, DING D W, SUO A N, et al. Key functional groups selection in marine ranching fishery resources from the Pearl River Estuary[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2021(3): 433-443.
- [17] 詹蔚, 陈来国, 范瑞芳, 等. 东江野生鱼中多溴联苯醚的污染特征[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(7): 1309-1314. ZHAN W, CHEN L G, FAN R F, et al. Polluted characteristic of polybrominated diphenyl ethers in wild fish muscle from Dongjiang River[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, 32(7): 1309-1314.
- [18] LIU H, JIANG T, HUANG H, et al. Estuarine dependency in *Collichthys lucidus* of the Yangtze River Estuary as revealed by the environmental signature of otolith strontium and calcium[J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2015, 98(1): 165-172.
- [19] 贺舟挺, 薛利建, 金海卫. 东海北部近海棘头梅童鱼食性及营养级的探讨[J]. 海洋渔业, 2011, 33(3): 9. HE Z T, XUE L J, JIN H W. On feeding habits and trophic level of *Collichthys lucidus* in inshore waters of northern East China Sea[J]. *Marine Fisheries*, 2011, 33(3): 9.
- [20] 余景, 赵漫, 陈丕茂, 等. 珠江口浅海8种经济鱼类的食性研究[J]. 南方农业学报, 2016, 47(3): 483-488. YU J, ZHAO M, CHEN P M, et al. Food habits of 8 species of economical fishes in the Pearl River estuary shallow waters[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2016, 47(3): 483-488.
- [21] 刘金苓, 李华丽, 唐以杰, 等. 珠海淇澳岛红树林湿地经济鱼类的重金属污染现状及对人体健康风险分析[J]. 生态科学, 2017, 36(5): 186-195. LIU J L, LI H L, TANG Y J, et al. Heavy metal pollution and risk analysis to human in economic fish of mangrove wetland in Qi'ao Island Zhuhai[J]. *Ecological Science*, 2017, 36(5): 186-195.
- [22] MAGO T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27

- (21):2957-2963.
- [23] BOKULICH N A, SUBRAMANIAN S, FAITH J, et al. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from illumina amplicon sequencing[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(1):57-59.
- [24] GREGORY J C, JUSTIN K, JESSE S, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5):335-336.
- [25] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10):966.
- [26] WANG Q, GARRITY G, TIEDJE J, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16):5261.
- [27] ELMAR P, CHRISTIAN Q, KATRIN K, et al. SILVA: a comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB[J]. *Nucleic Acids Research*, 2007 (21):7188-7196.
- [28] 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(1):30893.
- [29] KORMAS K, NIKOULI E, KOUSTENI V, et al. Midgut bacterial microbiota of 12 fish species from a marine protected area in the Aegean Sea Greece[J]. *Microbial Ecology*, 2022, 84(4):1-11.
- [30] 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.
- [31] 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.
- [32] 吴鹏, 刘永, 李纯厚, 等. 珠江口沉积物中重金属和石油污染对微生物群落结构的影响[J]. *海洋湖沼通报*, 2022, 44(1):106-114.
- WU P, LIU Y, LI C H, et al. Effects of heavy metals and oil in sediments of Pearl River Estuary on microbial community[J]. *Transactions of Oceanology and Limnology*, 2022, 44(1):106-114.
- [33] HOLMFELDT K, DZIALLAS C, TITTELMAN 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.
- [34] 泮森军, 王明阳, 王龙斌, 等. 海水池塘跑道养殖系统中鱼类肠道及养殖环境的细菌群落研究[J]. *中国海洋大学学报:自然科学版*, 2023, 53(5):47-60.
- PAN M J, WANG M Y, WANG L B, et al. Studies on bacterial community in fish gut and environment of a marine in-pond raceway pond system[J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2023, 53(5):47-60.
- [35] QIN R, WANG J, CHAO C, et al. Rs5 produced more butyric acid through regulating the microbial community of human gut microbiota [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69(10):3209-3218.
- [36] 李可俊, 管卫兵, 徐晋麟, 等. PCR-DGGE对长江河口八种野生鱼类肠道菌群多样性的比较研究[J]. *中国微生态学杂志*, 2007, 19(3):268-269.
- LI K J, GUAN W B, XU J L, et al. PCR DGGE analysis of bacterial diversity of the intestinal system in eight kinds of wild fishes from the Changjiang river estuary[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2007, 19(3):268-269.
- [37] DALY K, KELLY J, MORAN A W, et al. Host selectively contributes to shaping intestinal microbiota of carnivorous and omnivorous fish[J]. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 2019, 65(3):129-136.
- [38] LI H D, LI S S, FAN S L, et al. Profiling intestinal microbiota of *Metaplex longipes* and *Helice japonica* and their co-occurrence relationships with habitat microbes[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1):21217.
- [39] LI T T, LONG M, GATESOUBE F J, et al. comparative analysis of the intestinal bacterial communities in different species of carp by pyrosequencing[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 69(1):25-36.
- [40] LIU Q F, LAI Z N, GAO Y, et al. Connection between the gut microbiota of largemouth bass (*Micropterus salmoides*) and microbiota of the pond culture environment[J]. *Microorganisms*, 2022, 9(8):1770-1770.
- [41] LI J W, CHEN S W, WU P, et al. Insights into the relationship between intestinal microbiota of the aquaculture worm *Sipunculus nudus* and surrounding sediments[J]. *Fishes*, 2023, 8(1):32-32.
- [42] 李权生, 王荣华, 谭情, 等. 几种常见淡水鱼致病菌的药敏试验[J]. *现代农业科技*, 2012(19):254-255.
- LI Q S, WANG R H, TAN Q, et al. Drug sensitivity tests for several common pathogenic bacteria in freshwater fish[J]. *Modern Agricultural Sciences and Technology*, 2012(19):254-255.
- [43] FRANS I, MICHIELS C W, BOSSIER P, et al. *Vibrio anguillarum* as a fish pathogen: virulence factors, diagnosis and prevention[J]. *Journal of Fish Diseases*, 2011, 34(9):643-661.
- [44] GAO Y M, ZOU K S, ZHOU L, et al. Deep insights into gut microbiota in four carnivorous coral reef fishes from the South China Sea[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(3):426.
- [45] GAINZA, ORESTE, RAMIREZ, et al. Intestinal microbiota of white shrimp *Penaeus vannamei* under intensive cultivation conditions in Ecuador[J]. *Microbial Ecology*, 2018, 75(3):562-568.
- [46] SUN F L, WANG Y S, WANG C Z, et al. Insights into the intestinal microbiota of several aquatic organisms and association with the surrounding environment[J]. *Aquaculture*, 2019, 507:196-202.
- [47] ABRAHAM T J, PAUL P, ADIKESAVALU H, et al. *Stenotrophomonas maltophilia* as an opportunistic pathogen in cultured African catfish *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822) [J]. *Aquaculture*, 2016, 450:168-172.
- [48] ZHOU L, LIN K T, GAN L, et al. Intestinal microbiota of grass carp fed faba beans: a comparative study[J]. *Microorganisms*, 2019, 7(10):465.
- [49] 王世贵, 闫法军, 张明磊, 等. 两种潜在益生芽孢杆菌对大口黑鲈生长、消化、免疫及肠道菌群的影响[J]. *中国水产科学*, 2023, 30(4):479-491.
- WANG S G, YAN F J, ZHANG M L, et al. Effects of two probiotics on growth, digestion, immunity, and intestinal microbial communities of largemouth bass (*Micropterus salmoides*) [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2023, 30(4):479-491.
- [50] 夏雨, 范荣波, 易华西, 等. 植物乳杆菌对凡纳滨对虾致病菌抑制及其对肠道菌群结构的影响[J]. *中国海洋大学学报*, 2020, 50(10):37-46.
- XIA Y, FAN R B, YI H X, et al. Inhibition of *Lactobacillus plantarum* pathogenic bacteria in *Litopenaeus vannamei* culture and its effect on intestinal flora[J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2020, 50(10):37-46.

(责任编辑:叶飞)