

DOI: 10.12264/JFSC2023-0208

达氏鳇和施氏鲟生长差异群体肠道菌群特征

王若愚^{1,2}, 孙博¹, 曹顶臣¹, 孙志鹏¹, 王念民¹, 胡炜³, 张颖¹, 许式见²

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江省冷水性鱼类种质资源及增养殖重点开放实验室, 黑龙江 哈尔滨 150076;
2. 杭州千岛湖鲟龙科技股份有限公司, 农业农村部鲟遗传育种重点实验室, 浙江 杭州 311799;
3. 中国科学院水生生物研究所, 淡水生态与生物技术国家重点实验室, 湖北洪山实验室, 湖北 武汉 430072

摘要: 同塘生长差异常常导致鲟养殖产量受损, 而肠道菌群是影响鱼类生长性能的关键因素之一。为揭示肠道菌群与鲟科鱼类个体生长差异之间的关系, 本研究对同批次繁育、同条件养殖的生长速率差异大于体重 50% 的达氏鳇(*Huso dauricus*)和施氏鲟(*Acipenser schrencki*)群体进行了肠道菌群特征研究。结果表明, 达氏鳇和施氏鲟肠道菌群多样性和组成在种属间及生长差异群体间均具有明显差异。其中, 生长快速达氏鳇群体(LH)肠道优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 67.0%), 生长慢速达氏鳇群体(SH)肠道优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(29.5%)和狭义梭菌属 1 (*Clostridium sensu stricto* 1, 54.2%); 而生长快速施氏鲟群体(LA)肠道优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(33.5%)和鲸杆菌属(*Cetobacterium*, 38.1%), 生长中速施氏鲟群体(MA)肠道优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(42.6%)、狭义梭菌属 1 (14.3%)和鲸杆菌属(33.0%)。鞘氨醇单胞菌属和梭菌科(*Clostridiaceae*)细菌是不同生长速率鲟肠道中的主要差异类群。综上可知, 鲟科鱼类肠道菌群的多样性和组成具有种属差异性和群体差异性, 鞘氨醇单胞菌属和梭菌科细菌可能是影响鲟科鱼类生长速率的关键细菌类群。

关键词: 肠道菌群; 生长速率; 达氏鳇; 施氏鲟

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005–8737–(2023)09–1093–09

鲟起源于白垩纪时期, 素有“水中活化石”之称, 在鱼类的进化中具有重要地位^[1]; 此外, 鲟味道鲜美、营养丰富, 由其卵制作而成的鱼子酱被誉为“黑色黄金”, 市场价格昂贵, 因此具有极高的科研价值和经济价值^[2]。我国的鲟养殖起源于 20 世纪 90 年代, 经过近二十几年的发展, 中国现已成为世界最大的鲟养殖国和鱼子酱出口国, 国际地位极高^[3]。达氏鳇(*Huso dauricus*)和施氏鲟(*Acipenser schrencki*)是我国黑龙江流域特有的珍稀名贵鱼类^[4], 同时也是我国鲟养殖的重要品种, 其养殖产量占我国鲟总产量的 30% 以上^[5]。然而,

在养殖生产过程中, 与其他鱼类相比, 同塘养殖鲟的个体生长速率差异较大, 最大生长差异达 50% 以上, 且生长较慢的个体占比达 10% 以上, 被养殖户称为“尾苗子”, 严重危害了鲟的养殖经济效益。

鱼类的生长受遗传、环境和饮食等多方面因素影响^[6]。除此之外, 多项研究证实, 鱼类肠道菌群在宿主的生长发育、营养吸收、新陈代谢和免疫调节等方面发挥着重要作用^[7–8], 肠道菌群的个体差异可能是鱼类出现生长差异的原因之一。对不同品种鲤(*Cyprinus carpio*)生长比较研究发

收稿日期: 2023-08-28; 修订日期: 2023-09-16.

基金项目: 国家现代农业产业技术体系项目(CARS-46); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(HSY202302YB); 中国水产科学研究院基本科研业务费项目(2020TD56).

作者简介: 王若愚(1993–), 男, 博士, 副研究员, 研究方向为特色淡水鱼绿色健康养殖技术及水产动物微生态学. E-mail: wangruoyu@hrfri.ac.cn

通信作者: 张颖, 博士, 研究员, 研究方向为鱼类生殖生理与繁育技术, E-mail: 940126179@qq.com; 许式见, 硕士, 高级工程师, 研究方向为鲟优良品种选育及健康养殖技术开发, E-mail: xsj@kalugaqueen.com

现,不同生长速率鲤肠道菌群存在显著差异,拟杆菌门(Bacteroidetes)和厚壁菌门(Firmicutes)的比例可能是影响鲤生长速率的关键因素^[9]。对不同生长速率大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)群体比较研究发现,变形菌门(Proteobacteria)与大黄鱼生长速率密切相关,莫拉氏菌科(Moraxellaceae)相对丰度的变化可能是引起大黄鱼生长变慢的主要原因^[10]。然而,目前有关肠道菌群与鲟科鱼类个体生长差异之间关系的研究还鲜有报道。因此,本研究通过选择同批次繁育、同条件养殖的达氏鳇和施氏鲟以排除物种、环境和饮食等因素的干扰,利用高通量测序技术对不同生长速率鲟群体肠道菌群进行比较研究,探究肠道菌群与鲟种属、生长速率之间的关系,旨在为进一步探究鲟肠道菌群功能,以及定向调控肠道菌群和开发相应益生菌剂提供基本资料。

1 材料与方法

1.1 实验设计与样品采集

实验用 4 月龄达氏鳇和施氏鲟均来自中国水产科学研究院黑龙江水产研究所呼兰试验场。选取健康状况良好、体表无明显外伤且个体相近的达氏鳇和施氏鲟幼鱼各 60 尾,平均体重为(23.12±2.48) g。为统一养殖条件,排除环境和饮食等因素的干扰,将选取个体运回实验室后混养于同一全自动温控循环水养殖系统(240 cm×40 cm×50 cm)中。养殖期间光暗比为 12 h:12 h,水温(19.0±0.5)℃,pH 6.9,溶氧量≥6 mg/L。每日 7:00 和 19:00 早晚两次进行投喂,日投喂量为幼鱼体重的 3% (山东升索牌鲟商品颗粒饲料:粗

蛋白≥40,粗脂肪≥10%,粗纤维≤6%,粗灰分≤18%,水分≤12%)。早间投喂前进行吸污和换水,日换水量 20%。养殖 2 个月后选择生长速率差异大于体重 50%的个体于餐后 6 h 进行取样,其中达氏鳇主要分为生长快速(LH)和生长慢速(SH)两个群体,施氏鲟主要分为生长快速(LA)和生长中速(MA)两个群体,取样鱼体数据见表 1,每组各取 5 尾。经 MS-222 (40 mg/L)麻醉后在超净台中进行冰上解剖取样。用无菌镊子将肠道内容物由前肠向后肠小心挤出,样品于无菌培养皿中混匀后装入 1.5 mL 无菌离心管中,样品于液氮速冻后转入-80℃冰箱保存。

1.2 DNA 提取和 16S rRNA 基因测序

采用 HiPure Stool DNA Kit (Magen, 中国)试剂盒提取肠道总细菌 DNA。使用 NanoDrop™ 2000 分光光度计(NanoDrop Technologies, USA)测量 DNA 浓度和质量,所有样品均符合后续 PCR 扩增要求。使用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增 16S rRNA 基因的 V3V4 区。PCR 反应在 30 μL 预混液中进行,其中含有 15 μL 的 2×Gflex 缓冲液、2 μL dNTPs (2.5 mmol/L)、1 μL 正向引物(5 μmol/L)、1 μL 反向引物(5 μmol/L)、0.6 μL Tks Gflex™ DNA 聚合酶(1.25 U/μL)和 50 ng 模板 DNA。PCR 反应采用 GeneAmp® 9700 (ABI, USA)在以下条件下进行:94℃,5 min;然后 94℃ 30 s、56℃ 30 s、72℃ 20 s,循环 26 次;最后 72℃ 延伸 5 min。对每个样品进行 3 个 PCR 重复。PCR 产物使用电泳检测,检测后使用磁珠纯化,纯化后作为二轮 PCR 模板,并进行

表 1 分组情况及生长指标
Tab. 1 Grouping information and growth indexes

n=5; $\bar{x}\pm SD$

指标 index	组别 group			
	生长快速达氏鳇群体(LH)	生长慢速达氏鳇群体(SH)	生长快速施氏鲟群体(LA)	生长中速施氏鲟群体(MA)
	fast-growing population of <i>Huso dauricus</i>	slow-growing population of <i>Huso dauricus</i>	fast-growing population of <i>Acipenser schrencki</i>	medium-growing population of <i>Acipenser schrencki</i>
体重/g weight	85.91±8.89 ^a	24.41±3.28 ^c	86.37±15.85 ^a	41.97±3.61 ^b
全长/cm total length	29.76±1.19 ^a	19.26±1.24 ^c	29.46±5.35 ^a	24.16±1.13 ^b

注:表中同行数字上标不同小写字母表示不同群体间差异显著(P<0.05).
Note: Different lowercase letters in the same line indicate significant differences (P<0.05).

二轮 PCR 扩增, 第二轮 PCR 反应除循环减少至 7 次外, 其他条件与第一轮相同。再次使用电泳检测, 检测后使用磁珠纯化, 用 Qubit 2.0 荧光光度计(Life technologies, USA)进行定量。根据 PCR 产物浓度进行等量混样, 在 NovaSeq 6000 平台(Illumina, USA)上进行测序。建库测序部分由上海欧易生物医学科技有限公司完成。

1.3 Illumina 测序数据的处理

原始数据下机后, 首先使用 cutadapt 剪切掉引物序列。然后用 QIIME 2 (2020. 11)平台中的 DADA2 进行质量过滤、降噪、拼接及去嵌合体等质控分析, 将相似性 100%的序列归为扩增子测序变体(amplicon sequence variants, ASV), 得到包含细菌特征及特征丰度的表格和细菌代表性序列文件。使用 Silva138 数据库对代表性序列进行注释确定物种分类信息。从注释后的数据集中删除古菌、线粒体、叶绿体和未分类(不属于细菌)。最后, 共获得 1485529 条高质量细菌序列($n=20$, 每个样品 74276 ± 3230 条)。为了纠正不同测序深度带来的偏差, ASV 表被标准化为最小测序深度(每个样品 60965 条)用于后续分析。

1.4 统计分析

通过 QIIME 命令 summarize_taxa_through_plots.py 生成各分类水平的细菌群落组成信息。通过 QIIME 命令 alpha_diversity.py 和 collate_alpha.py 计算细菌 α -多样性(香农多样性指数 Shannon 和物种丰富度指数 Richness)。通过 QIIME 命令 beta_diversity_through_plots.py 计算细菌群落的 β -多样性, 利用基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)表征不同组间肠道菌群结构的差异。通过 R 语言“aov”函数进行单因素方差分析(one way ANOVA), 通过 R 语言“t.test”函数进行 t 检验(Student's t test)。通过 R 语言“vegan”程序包进行置换多元方差分析(permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA/adonis)和置换多元分散分析(permutational analysis of multivariate dispersion, PERMDISP/dispersion)。使用 STAMP 软件(<https://beikolab.cs.dal.ca/software/STAMP>)进行组间差异分析。除特别说明外, 本研究中图片均通过 R 语言“ggplot2”程序包和 Visio 2016 绘制。

2 结果与分析

2.1 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群多样性比较

不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群 α -多样性指数存在种属差异性和群体差异性(图 1a)。LH 组肠道菌群 Shannon 指数和 Richness 指数均高于其他各组, 其中 Richness 指数显著高于 LA 组($P<0.05$)。

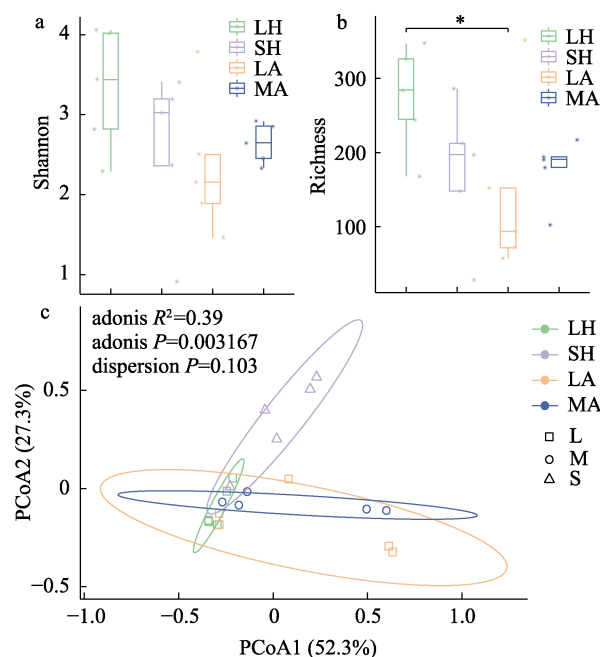


图1 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群 α -多样性指数(a)和主坐标分析(b)

*表示组间差异显著(one-way ANOVA, $P<0.05$). LH: 生长快速达氏鲟群体($n=5$), SH: 生长慢速达氏鲟群体($n=5$), LA: 生长快速施氏鲟群体($n=5$), MA: 生长中速施氏鲟群体($n=5$), L: 生长快速鲟($n=10$), M: 生长中速鲟($n=5$), S: 生长慢速鲟($n=5$).

Fig. 1 α -diversity indexes (a) and PCoA (b) of gut microbiota in *Huso dauricus* and *Acipenser schrenckii* with different growth rates
* indicate significant differences between groups. (one-way ANOVA, $P<0.05$). LH: fast-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), SH: slow-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), LA: fast-growing population of *Acipenser schrenckii* ($n=5$), MA: medium-growing population of *Acipenser schrenckii* ($n=5$), L: fast-growing sturgeon ($n=10$), M: medium-growing sturgeon ($n=5$), S: slow-growing sturgeon ($n=5$).

不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群结构同样存在种属差异性和群体差异性(图 1b, 表 2), 其中除 LA 和 MA 两组间无显著性差异外, 其余各组间均具有显著性差异($P<0.05$)。根据生长速率

将鲟分为 3 组, 其中生长快速鲟(L)与生长慢速鲟(S)肠道菌群结构存在显著差异($P<0.05$), 生长中速鲟(M)与生长慢速鲟(S)肠道菌群结构存在显著差异($P<0.05$), 而生长快速鲟(L)与生长中速鲟(M)肠道菌群结构无显著差异($P>0.05$)。同时, 不同种鲟(达氏鲟 H 和施氏鲟 A)肠道菌群结构存在显著差异($P<0.05$)。

表 2 基于 Bray-Curtis 距离的置换多元方差分析 (PERMANOVA)和置换多元分散分析(PERMDISP)检验不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群的差异

Tab. 2 Permutation multivariate analysis of variance (PERMANOVA) and permutation multivariate dispersion analysis (PERMDISP) based on Bray-Curtis distance to test the differences of gut microbiota in *Huso dauricus* and *Acipenser schrencki* with different growth rates

比较 compare		置换多元方差分析 PERMANOVA		置换多元分散分析 PERMDISP
		R^2	P	P adj
H	A	0.173	0.014*	0.405
L	M	0.063	0.366	0.891
L	S	0.241	0.008*	0.716
M	S	0.285	0.038*	0.957
LH	SH	0.534	0.007*	0.810
	LA	0.330	0.008*	0.079
	MA	0.360	0.007*	0.577
SH	LA	0.303	0.017*	0.341
	MA	0.285	0.040*	0.976
LA	MA	0.058	0.573	0.562

注: *表示组间差异显著(one-way ANOVA, $P<0.05$)。H: 达氏鲟($n=15$), A: 达氏鲟($n=15$), L: 生长快速鲟($n=10$), M: 生长中速鲟($n=5$), S: 生长慢速鲟($n=5$), LH: 生长快速达氏鲟群体($n=5$), SH: 生长慢速达氏鲟群体($n=5$), LA: 生长快速施氏鲟群体($n=5$), MA: 生长中速施氏鲟群体($n=5$)。

Note: * Indicate significant differences between groups (one-way ANOVA, $P<0.05$). H: *Huso dauricus* ($n=15$), A: *Acipenser schrencki* ($n=15$), L: fast-growing sturgeon ($n=10$), M: medium-growing sturgeon ($n=5$), S: slow-growing sturgeon ($n=5$), LH: fast-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), SH: slow-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), LA: fast-growing population of *Acipenser schrencki* ($n=5$), MA: medium-growing population of *Acipenser schrencki* ($n=5$).

2.2 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群组成比较

不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群组成存在种属差异性和群体差异性(图 2)。门水平上(图 2a), LH 组优势菌门为变形菌门(90.4%), SH 组优势菌门为变形菌门(35.6%)和厚壁菌门(61.7%), 而 LA 和 MA 两组较为相似, 优势菌门均为变形

菌门(38.8%和 45.2%)、厚壁菌门(22.9%和 21.6%)和梭杆菌门(*Fusobacteriota*, 38.1%和 33.0%)。

属水平上(图 2b), LH 组优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 67.0%), SH 组优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(29.5%)和狭义梭菌属 1 (*Clostridium sensu stricto* 1, 54.2%), LA 组优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(33.5%)和鲸杆菌属(*Cetobacterium*, 38.1%), MA 组优势菌属为鞘氨醇单胞菌属(42.6%)、狭义梭菌属 1 (14.3%)和鲸杆菌属(33.0%)。

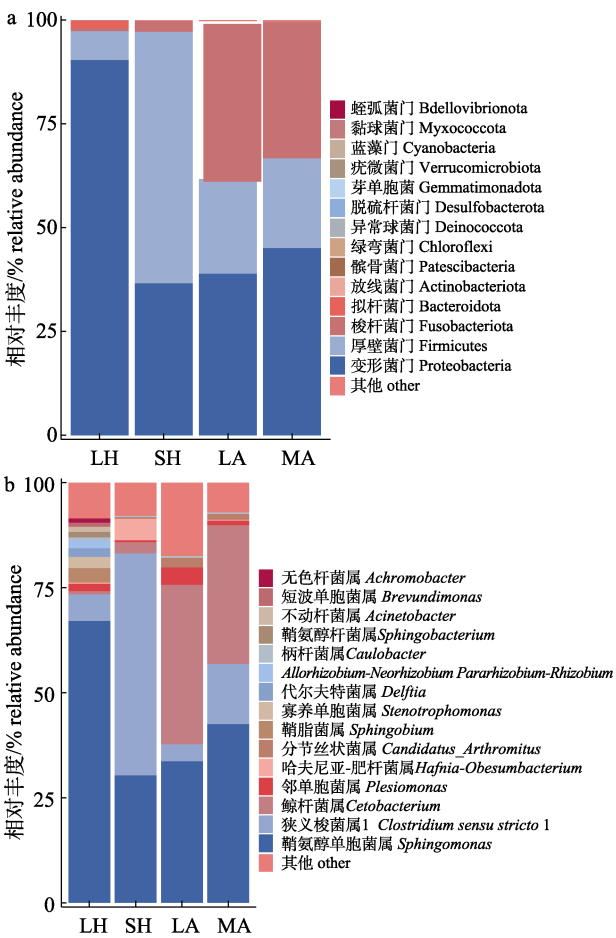


图 2 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群优势菌门(a)和优势菌属(b)组成

LH: 生长快速达氏鲟群体($n=5$), SH: 生长慢速达氏鲟群体($n=5$), LA: 生长快速施氏鲟群体($n=5$), MA: 生长中速施氏鲟群体($n=5$).

Fig. 2 Composition of the dominant bacterial phyla (a) and genus (b) of gut microbiota in *Huso dauricus* and *Acipenser schrencki* with different growth rates

LH: fast-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), SH: slow-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), LA: fast-growing population of *Acipenser schrencki* ($n=5$), MA: medium-growing population of *Acipenser schrencki* ($n=5$).

不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群 ASV 数量及其共有或特有 ASV 数量有所不同(图 3)。LH 组 ASV 数量最多, 达 870。SH、LA 和 MA 3 组数量较为相似, 分别为 596、585 和 623。不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群共有 ASV 数量为 52, 其中不同生长速率达氏鲟共有 ASV 数量仅为 14,

不同生长速率鲟共有 ASV 数量为 78, 相同生长速率达氏鲟和施氏鲟共有 ASV 数量仅为 15。不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群特有 ASV 数量较多, 其中 LH 组特有 ASV 数量最多, 占总 ASV 数量的 82.3%。SH、LA 和 MA 3 组特有 ASV 数量较为相似, 分别占总 ASV 数量的 45.2%、43.9%和 41.3%。

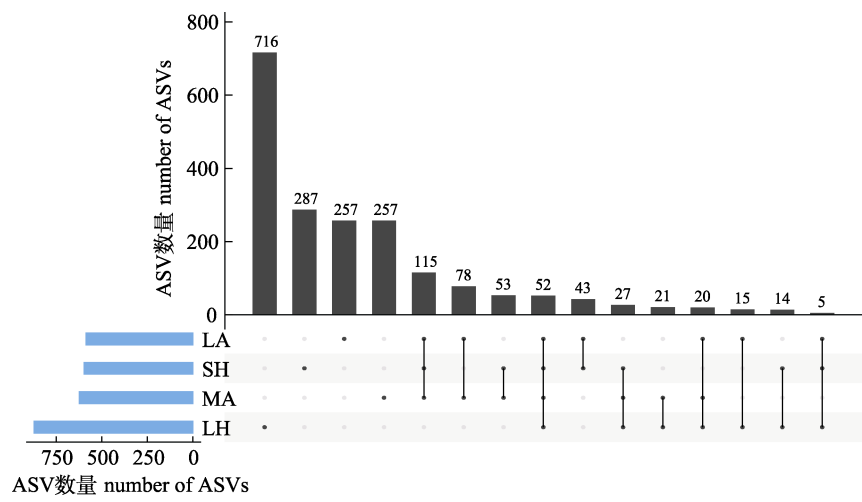


图 3 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群 ASV 数量(柱状图)及其共有或特有 ASV 数量(Upset 图)
LH: 生长快速达氏鲟群体(n=5), SH: 生长慢速达氏鲟群体(n=5), LA: 生长快速施氏鲟群体(n=5),
MA: 生长中速施氏鲟群体(n=5).

Fig. 3 Number of ASVs in gut microbiota of *Huso dauricus* and *Acipenser schrencki* with different growth rates (bar graph) and their common or unique ASVs (upset graph)

LH: fast-growing population of *Huso dauricus* (n=5), SH: slow-growing population of *Huso dauricus* (n=5), LA: fast-growing population of *Acipenser schrencki* (n=5), MA: medium-growing population of *Acipenser schrencki* (n=5).

2.3 不同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道差异菌群

STAMP 分析结果显示, 不同生长速率达氏鲟肠道差异菌群和施氏鲟肠道差异菌群有所不同(图 4)。不同生长速率达氏鲟肠道差异菌群为鞘氨醇单胞菌属的 ASV1 和 ASV4 以及狭义梭菌属 1 的 ASV3 和 ASV7, 其中 ASV1 和 ASV4 在 LH 组显著富集, ASV3 和 ASV7 在 SH 组显著富集。不同生长速率施氏鲟肠道差异菌群为鞘氨醇单胞菌属的 ASV1, 梭菌科(Clostridiaceae)狭义梭菌属 1 的 ASV3 和 ASV7, 以及梭菌科未分类到属的 ASV5, 其中 ASV5 在 LA 组显著富集, ASV1、ASV3 和 ASV7 在 MA 组显著富集。

3 讨论

3.1 鲟肠道菌群与其种属之间的关系

遗传因素是影响动物肠道菌群形成和选择性

变化的重要因素, 鱼类肠道菌群结构受遗传因素驱动^[6,11]。同时, 鱼类不同个体的肠道都具有独特的生态位, 即特定的环境条件, 如酸碱度、氧气含量等。这些生态位可能受遗传因素影响, 从而在一定程度上决定了肠道菌群的种类和数量^[12]。本研究通过比较相同生长速率达氏鲟和施氏鲟肠道菌群特征发现, 两种鲟肠道菌群的多样性和组成均存在明显差异, 这可能是由于不同宿主对肠道微生物具有不同的选择性导致^[13]。Rawls 等^[14]通过将斑马鱼(*Danio rerio*)和小鼠肠道菌群交叉移植到无菌斑马鱼和小鼠中, 发现移植后的宿主肠道菌群与原物种更为相似, 证明了宿主对肠道菌群的选择性。对 4 个不同品种罗非鱼(*Oreochromis mossambicus*)的比较研究发现, 不同种罗非鱼肠道菌群结构存在明显差异^[15]。对哲罗鱼(*Hucho taimen*)、细鳞鱼(*Qinling lenok*)和黑斑狗鱼(*Esox*

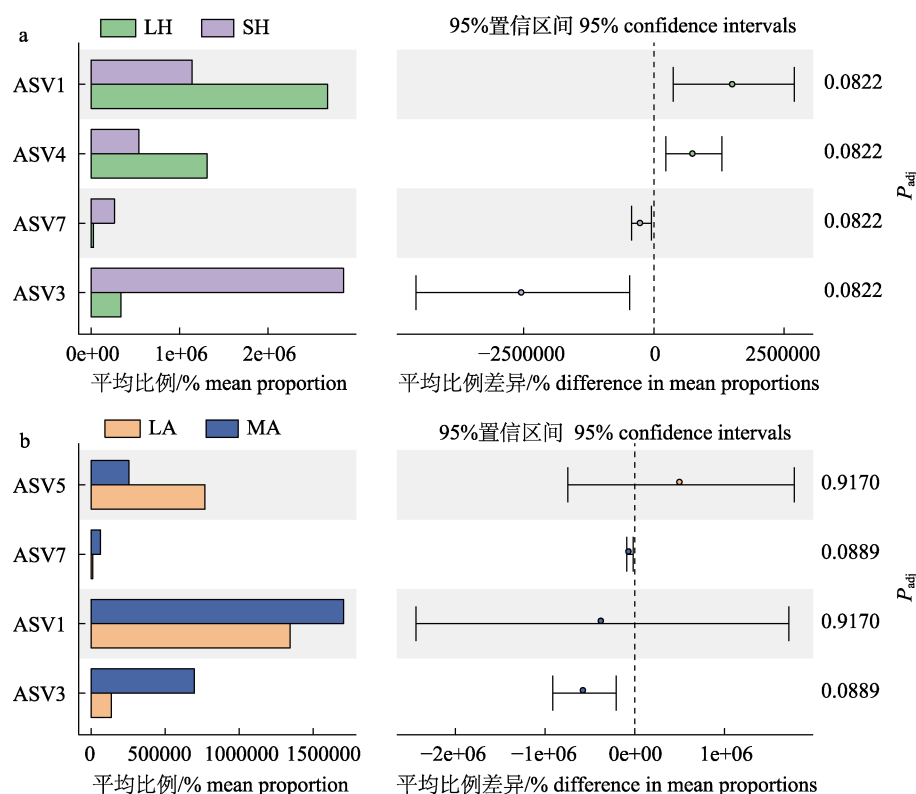


图 4 不同生长速率达氏鳇(a)和施氏鲟(b)肠道菌群差异 ASV

(至少在一个样品中相对丰度>1%, $P<0.05$, Post-hoc test=0.95)

LH: 生长快速达氏鳇群体($n=5$), SH: 生长慢速达氏鳇群体($n=5$), LA: 生长快速施氏鲟群体($n=5$),

MA: 生长中速施氏鲟群体($n=5$).

Fig. 4 Discriminatory ASVs of gut microbiota in *Huso dauricus* (a) and *Acipenser schrenckii* (b) with different growth rates (relative abundance >1% in at least one sample, $P<0.05$, Post-hoc test=0.95)

LH: fast-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), SH: slow-growing population of *Huso dauricus* ($n=5$), LA: fast-growing population of *Acipenser schrenckii* ($n=5$), MA: medium-growing population of *Acipenser schrenckii* ($n=5$).

reicherti)的比较研究同样发现,同种规格的3种冷水鱼肠道菌群的多样性及组成具有明显差异,细鳞鱼和黑斑狗鱼肠道优势菌门为厚壁菌门和变形菌门,而哲罗鱼肠道优势菌门为厚壁菌门^[16]。鲟作为亚冷水鱼类,其肠道优势菌门同样为变形菌门和厚壁菌门。变形菌门和厚壁菌门是鱼类肠道核心菌群,对维持鱼类内稳态和健康具有重要意义^[17-19]。然而,遗传因素对鱼类肠道菌群的具体影响还有待进一步研究。

3.2 鲟肠道菌群与其生长速率之间的关系

肠道菌群与鱼类生长之间关系密切,其可通过参与消化、免疫和代谢等方面的调节,直接或间接地影响着鱼类的生长速率^[6-8,20-21]。本研究在排除了环境和饮食等因素的影响下,通过比较不同种属、不同生长速率群体鲟肠道菌群特征发现,

无论是达氏鳇还是施氏鲟,其不同生长速率群体间肠道菌群的多样性和组成均存在一定差异。研究表明,肠道菌群的可能与鲟生长速率差异的形成密切相关。在关于大黄鱼^[10]和草鱼(*Ctenopharyngodon idella*)^[22]的研究中均同样发现,不同生长速率大黄鱼和草鱼的肠道菌群结构存在明显差异。此外,在哺乳动物的相关研究中也发现了相同规律^[23]。然而,在虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)^[24]和七彩神仙鱼(*Symphysodon haraldi*)^[25]的两项研究却发现,生长快速与生长缓慢群体间肠道菌群结构 β 多样性无显著差异,但优势菌群相对丰度有所区别,生长快速群体肠道中具有促消化功能的有益菌比例更高,而生长缓慢群体肠道中病原菌比例更高。本研究同样发现,不同生长速率鲟肠道优势菌群差异明显,相较于生长慢

速群体(SH 和 MA), 生长快速达氏鳇群体(LH)的肠道优势菌门为变形菌门, 而生长快速施氏鲟群体(LA)的肠道优势菌门为梭杆菌门。多项研究证实, 鱼类的生长速率与变形菌门和梭杆菌门的相对丰度呈正相关。如大黄鱼的研究证实, 变形菌门在生长正常组鱼肠道内的丰度高于缓慢组^[10]。对斑马鱼的研究证实, 梭杆菌门丰度的增加对斑马鱼的生长有促进作用^[26]。此外, 本研究还发现不同生长速率鲟肠道中鞘氨醇单胞菌属和梭菌科细菌的相对丰度差异显著, 这些差异类群可能是鲟生长差异形成的关键因素。已有研究证实, 鞘氨醇单胞菌属细菌是鱼类肠道有益菌, 对维持鱼体健康具有重要作用^[21,27]。同时, 鞘氨醇单胞菌属细菌可通过分泌多种消化酶影响鱼类消化吸收能力, 进而影响鱼类生长性能^[28]。本研究中, 尽管 MA 组鞘氨醇单胞菌属的 ASV1 的相对丰度高于 LA 组, 但在梭菌科狭义梭菌属 1 的 ASV3 和 ASV7 的共同作用下未能提高施氏鲟的生长速率。梭菌科狭义梭菌属 1 细菌被认为是一类有害菌, 其可通过产生外毒素等方式引起宿主肠黏膜损伤和炎症反应^[29-31]。此外, 在一项关于小鼠肥胖的研究中发现, 狭义梭菌属 1 细菌在肥胖抵抗的小鼠肠道中具有更高的相对丰度, 其可能通过参与合成肉桂醇抑制宿主肥胖^[32]。然而, 肠道菌群与鲟生长速率的直接联系还需深入研究。

4 结论

综上所述, 本研究结果表明, 鲟肠道菌群的多样性和组成与其种属和生长速率均存在密切联系。鞘氨醇单胞菌属和梭菌科细菌可能是影响鲟科鱼类生长速率的关键细菌类群。这些结果有助于了解鲟肠道菌群与其种属、生长速率之间的关系, 并为定向调控肠道菌群, 实现鲟的快速生长提供理论依据。

参考文献:

- [1] Liu H B, Zhang Y, Lu T Y, et al. Analysis of papain hydrolyzed fragments of immunoglobulin in serum of Chinese sturgeon *Acipenser sinensis* gray and Huso sturgeon Georgi[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2010, 23(3): 7-10. [刘红柏, 张颖, 卢彤岩, 等. 中华鲟和达氏鳇血清免疫球蛋白的木瓜蛋白酶水解片段分析[J]. 水产学杂志, 2010, 23(3): 7-10.]
- [2] Koshelev V N, Vilkova O Y, Kotsyuk D V. Modern data on the distribution, abundance and qualitative structure of the populations of the Kaluga *Huso dauricus* and the Amur sturgeon *Acipenser schrenckii* (Acipenseridae) in the Amur River and the Amur Estuary[J]. Journal of Ichthyology, 2022, 62(7): 1394-1403.
- [3] Yang H L, Zhang Y, Wang N M, et al. Histological structure and transcriptome characteristics on the gill of hybrid sturgeon (*Huso dauricus*♀ × *Acipenser schrenckii*♂) under alkali stress[J]. Freshwater Fisheries, 2022, 52(4): 40-46. [杨合霖, 张颖, 王念民, 等. 碱胁迫下“鲟龙 1 号” (*Huso dauricus*♀ × *Acipenser schrenckii*♂) 鳃组织结构变化及转录表达特征[J]. 淡水渔业, 2022, 52(4): 40-46.]
- [4] Zhang Y, Xu W, Sun D J, et al. Antioxidant enzyme activities during embryonic development of *Huso dauricus*, *Acipenser schrenckii* and their hybrids[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2017, 30(6): 19-23. [张颖, 徐伟, 孙大江, 等. 达氏鳇、施氏鲟及其杂交子代胚胎发育期的抗氧化酶活性[J]. 水产学杂志, 2017, 30(6): 19-23.]
- [5] Zhao M J, Xia Y T, Liu L T, et al. Developmental path of sturgeon industry in China under the supply-side structural reform[J]. Agricultural Outlook, 2018, 14(12): 78-83. [赵明军, 夏永涛, 刘龙腾, 等. 供给侧结构性改革背景下中国鲟鱼产业发展路径[J]. 农业展望, 2018, 14(12): 78-83.]
- [6] Yukgehnash K, Kumar P, Sivachandran P, et al. Gut microbiota metagenomics in aquaculture: Factors influencing gut microbiome and its physiological role in fish[J]. Reviews in Aquaculture, 2020, 12(3): 1903-1927.
- [7] 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.
- [8] Xiong J B, Nie L, Chen J. Current understanding on the roles of gut microbiota in fish disease and immunity[J]. Zoological Research, 2019, 40(2): 70-76.
- [9] Li X M, Yan Q Y, Xie S Q, et al. Gut microbiota contributes to the growth of fast-growing transgenic common carp (*Cyprinus carpio* L.)[J]. PLoS ONE, 2013, 8(5): e64577.
- [10] Li Y Y, Chen X, Song T Y. Differences in intestinal flora of cultured large yellow croaker *Pseudosciaena crocea* with different growth rates[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2017, 32(5): 509-513. [李英英, 陈曦, 宋铁英. 不同生长速度的大黄鱼肠道菌群结构的差异[J]. 大连海洋大学学报, 2017, 32(5): 509-513.]
- [11] Zhang C, Wang Y, Zheng X F, et al. Bacterial diversity in the gut of Japanese seabass (*Lateolabrax japonicus*) and

- giant croaker (*Nibea japonica*) reared in seawater net pens[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2020, 27(9): 1113-1124. [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.]
- [12] Pereira F C, Berry D. Microbial nutrient niches in the gut[J]. Environmental Microbiology, 2017, 19(4): 1366-1378.
- [13] Li H. Effects of dietary supplementation of safflower on growth, immunity and intestinal flora of common carp (*Cyprinus carpio* L.)[D]. Xinxiang: Henan Normal University, 2022. [李衡. 日粮中添加红花对鲤生长、免疫及肠道菌群的作用研究[D]. 新乡: 河南师范大学, 2022.]
- [14] Rawls J F, Mahowald M A, Ley R E, et al. Reciprocal gut microbiota transplants from zebrafish and mice to germ-free recipients reveal host habitat selection[J]. Cell, 2006, 127(2): 423-433.
- [15] Zhang J Y. Analysis and study on the gut microbimes of tilapia in different species and culture environment[D]. Nanning: Guangxi University, 2021. [张婧怡. 不同品种及不同养殖环境的罗非鱼肠道微生物分析研究[D]. 南宁: 广西大学, 2021.]
- [16] Huang L L, Zhang Y, Zhou H, et al. Comparison of intestinal microbial diversity in cold-water fishes in Xinjiang by 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. Food Science, 2018, 39(10): 138-144. [黄丽丽, 张艳, 周红, 等. 基于 16S rRNA 高通量测序方法比较新疆冷水鱼肠道中微生物多样性[J]. 食品科学, 2018, 39(10): 138-144.]
- [17] Roeselers G, Mittge E K, Stephens W Z, et al. Evidence for a core gut microbiota in the zebrafish[J]. The ISME Journal, 2011, 5(10): 1595-1608.
- [18] Diwan A D, Harke S N, Gopalkrishna, et al. Aquaculture industry prospective from gut microbiome of fish and shellfish: An overview[J]. Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition, 2022, 106(2): 441-469.
- [19] Givens C E, Ransom B, Bano N, et al. Comparison of the gut microbiomes of 12 bony fish and 3 shark species[J]. Marine Ecology Progress Series, 2015, 518: 209-223.
- [20] Butt R L, Volkoff H. Gut microbiota and energy homeostasis in fish[J]. Frontiers in Endocrinology, 2019, 10: 9.
- [21] Legrand T P R A, Wynne J W, Weyrich L S, et al. A microbial sea of possibilities: Current knowledge and prospects for an improved understanding of the fish microbiome[J]. Reviews in Aquaculture, 2020, 12(2): 1101-1134.
- [22] Wang S T. Identification of intestinal microbiotas in grass carp with different growth and functional research of short-chain fatty acid receptor gene[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2023. [王沈同. 草鱼生长差异肠道菌群鉴定及短链脂肪酸受体基因功能研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2023.]
- [23] Zhang J S, Xu P, Tao Y, et al. Analysis on the difference of intestinal microflora of Sujiang piglets with different growth performance[J]. Microbiology China, 2020, 47(12): 4240-4249. [张君胜, 徐盼, 陶勇, 等. 不同生长性能苏姜猪保育猪肠道菌群差异分析[J]. 微生物学通报, 2020, 47(12): 4240-4249.]
- [24] Chapagain P, Arivett B, Cleveland B M, et al. Analysis of the fecal microbiota of fast- and slow-growing rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. BMC Genomics, 2019, 20(1): 788.
- [25] Zhang Y A, Wen B, David M A, et al. Comparative analysis of intestinal microbiota of discus fish (*Symphysodon haraldi*) with different growth rates[J]. Aquaculture, 2021, 540: 736740.
- [26] Zhang Z, Ran C, Ding Q W, et al. Ability of prebiotic polysaccharides to activate a HIF1 α -antimicrobial peptide axis determines liver injury risk in zebrafish[J]. Communications Biology, 2019, 2: 274.
- [27] Cai H D, Mo K L, Hu Y H, et al. Effect of composite *Bacillus* on growth, immunity and gut microbiota of grouper (*Epinephelus coioides*)[J]. Feed Research, 2021, 44(21): 64-70. [蔡红丹, 莫坤联, 胡永华, 等. 饲料中添加复合芽孢杆菌对石斑鱼生长、免疫及肠道菌群的影响[J]. 饲料研究, 2021, 44(21): 64-70.]
- [28] Zhou Y, Yuan X C, Liang X F, et al. Enhancement of growth and intestinal flora in grass carp: The effect of exogenous cellulase[J]. Aquaculture, 2013, 416-417: 1-7.
- [29] Wang Y, Xu L, Liu J H, et al. A high grain diet dynamically shifted the composition of mucosa-associated microbiota and induced mucosal injuries in the colon of sheep[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 2080.
- [30] Wang J, Ji H F, Wang S X, et al. Probiotic *Lactobacillus plantarum* promotes intestinal barrier function by strengthening the epithelium and modulating gut microbiota[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1953.
- [31] Fletcher J R, Pike C M, Parsons R J, et al. *Clostridioides difficile* exploits toxin-mediated inflammation to alter the host nutritional landscape and exclude competitors from the gut microbiota[J]. Nature Communications, 2021, 12: 462.
- [32] Pang Y S, Zheng Y L, Yang N, et al. Potential novel biomarkers in small intestine for obesity/obesity resistance revealed by multi-omics analysis[J]. Lipids in Health and Disease, 2022, 21(1): 98.

Gut microbiota of *Huso dauricus* and *Acipenser schrencki* populations with different growth rates

WANG Ruoyu^{1,2}, SUN Bo¹, CAO Dingchen¹, SUN Zhipeng¹, WANG Nianmin¹, HU Wei³, ZHANG Ying¹, XU Shijian²

1. Key Open Laboratory of Cold Water Fish Germplasm Resources and Breeding of Heilongjiang Province; Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150076, China;
2. Key Laboratory of Sturgeon Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Hangzhou Qiandaohu Xunlong Sci-Tech Co., Ltd., Hangzhou 311799, China;
3. State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology; Hubei Hongshan Laboratory; Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China

Abstract: In sturgeon aquaculture, abnormal growth variations among fish in the same pond frequently result in decreased yields. The gut microbiota, a crucial component of the digestive system, plays a pivotal role in growth performance of these fish. Currently, there is limited research on the relationship between gut microbiota and individual growth differences in sturgeon. The objective of this study was to examine the characteristics of the gut microbiota in populations of *Huso dauricus* and *Acipenser schrencki* in which growth rate differences exceeded 50% of body weight. The fish were bred at the same time and under identical conditions. The aim was to uncover the relationship between sturgeon growth rate and the composition of the gut microbiota. The results revealed notable differences in gut microbiota diversity and composition between *H. dauricus* and *A. schrencki*, as well as among different populations in both species. In the fast-growing population of *H. dauricus* (LH), the dominant genus in the gut was *Sphingomonas* (67.0%), whereas in the slow-growing population of the same species (SH), the dominant taxa were *Sphingomonas* (29.5%) and *Clostridium sensu stricto* 1 (54.2%). In the fast-growing population of *A. schrencki* (LA), the dominant genera in the gut were *Sphingomonas* (33.5%) and *Cetobacterium* (38.1%), whereas in the medium-growing population of the same species (MA), the dominant taxa were *Sphingomonas* (42.6%), *Clostridium sensu stricto* 1 (14.3%), and *Cetobacterium* (33.0%). *Sphingomonas* and Clostridiaceae were the primary discriminatory taxa in the gut microbiota of sturgeon exhibiting varying growth rates. In conclusion, species-specific variations were evident in the diversity and composition of the gut microbiota in sturgeon. Genetic factors play a crucial role in shaping and selectively altering the gut microbiota in animals, including fish. Moreover, each individual fish harbors a distinctive ecosystem within its gut, which is influenced by genetic factors and contributes, to some extent, to the determination of the types and quantities of gut microbiota. There is evidently a close relationship between the gut microbiota and fish growth, as the gut microbiota directly or indirectly impacts the growth rate of the fish through its involvement in digestion, immunity, and metabolism. In particular, *Sphingomonas* and Clostridiaceae may exert a pivotal influence on sturgeon growth rates. These findings provide initial insights into the link between the gut microbiota of sturgeon and growth rates, offering a theoretical foundation for the precise modulation of the intestinal microbiota to attain rapid growth of sturgeon in aquaculture.

Key words: *Acipenser schrencki*; *Huso dauricus*; gut microbiota; growth rate

Corresponding author: ZHANG Ying, E-mail: 940126179@qq.com; XU Shijian, E-mail: xsj@kalugaqueen.com