

DOI: 10.12264/JFSC2023-0306

珠江口万山群岛黄鳍棘鲷食性随年龄的变化特征

杨禧越^{1,2}, 刘永¹, 李纯厚¹, 唐广隆¹, 张达娟², 游奕来³, 潘淑芳³, 郑秋实¹, 肖雅元¹, 吴鹏¹

1. 中国水产科学研究院南海水产研究所, 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, 广东 广州 510300;
2. 天津市水产生态及养殖重点实验室, 天津农学院水产学院, 天津 300392;
3. 广东珠海淇澳-担杆岛省级自然保护区管理处, 广东 珠海 519000

摘要: 黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)是我国东南沿海地区分布的特色经济鱼类和增殖放流鱼类, 研究黄鳍棘鲷的食性变化特征有助于了解其的食物来源及其在食物网中的功能地位。通过胃含物形态学和 18S rRNA 基因高通量测序的方法分析了万山群岛海域不同年龄(1~3 龄)黄鳍棘鲷的食性变化特征。形态学鉴定发现黄鳍棘鲷胃含物中有贝类、蟹类和食糜。18S rRNA 基因高通量测序共鉴定出黄鳍棘鲷胃含物中有真核生物 16 门 84 种, 黄鳍棘鲷主要的食物来源为节肢动物门的锈斑螳(*Charybdis feriatus*)和腹针胸刺水蚤(*Centropages abdominalis*), 软体动物门的变化短齿蛤(*Brachidontes variabilis*), 脊索动物门的圆吻海鲗(*Nematalosa nasus*), 红藻门的条斑紫菜(*Neopyropia yezoensis*), 其共占总食物来源的 66.73%。万山群岛黄鳍棘鲷主要以动物性饵料为食, 对植物性饵料的摄食相对较少。对 1~3 龄黄鳍棘鲷食性的研究发现, 随着年龄的增加, 黄鳍棘鲷的主要摄食种类逐渐由节肢动物门和软体动物门转向脊索动物门, 摄食的生物物种数量逐渐减少。研究结果为万山群岛黄鳍棘鲷的摄食生态研究提供基础数据。

关键词: 黄鳍棘鲷; 高通量测序技术; 食性; 胃含物; 体长

中图分类号: S931

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2024)02-0219-13

鱼类作为水生生态系统的重要组成部分, 影响着生态系统的物种组成及群落结构^[1], 其中食物作为鱼类与生态环境之间物质转化和能量流动的主要载体, 影响着鱼类的生存、摄食、繁殖等生命活动^[2]。鱼类食性的研究对于阐明鱼类与环境间的生态学关系, 以及鱼类在该生态系统中的营养生态位发挥重要作用^[3]。鱼类食性的探索有助于评估鱼类群落的营养结构和鱼类物种的

营养级, 以及各鱼类营养级之间的相互作用, 也有助于全面深入研究食物链和食物网的物质循环^[4]。鱼类的食性及摄食行为受其摄食器官的形态特征、生理活动及其生境环境因子的影响, 鱼类的摄食会随其年龄和体长的增长而发生改变^[5-8]。鱼类普遍存在随体长的食性变化现象^[9-11], 研究鱼类体长变化与鱼类食性的关系可反映该物种不同年龄段的摄食习性, 同时也更全面地反

收稿日期: 2023-11-14; **修订日期:** 2024-01-11.

基金项目: 国家重点研发计划课题项目(2019YFD0901201, 2019YFD0901204); 农业农村部财政专项(NFZX2021); 广东省基础与应用基础研究基金项目(2022A1515010896); 中央级公益性科研院所基本科研业务费项目(2023TD16); 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(2021SD04, 2020SY01); 珠海市社会发展领域科技计划项目(2320004343).

作者简介: 杨禧越(2000-), 男, 硕士研究生, 研究方向为海洋渔业生态. E-mail: yxy13628722377@163.com

通信作者: 吴鹏, 副研究员, 研究方向为海洋生态学. E-mail: wupeng@scsfri.ac.cn

映其生存环境中的物种组成变化^[9,12]。鱼类的营养生态位宽度与鱼体体长呈正相关,鱼类的体长大小、活动能力及齿式决定着其营养生态位宽度^[13],研究鱼类体长变化与鱼类食性的关系,能有效地反映出鱼类在不同生命阶段的营养需求,有利于更好地开展鱼类种质资源的保护。鱼类食性的转变通常与其口器大小、年龄阶段相关^[10],在养殖过程中,不同体长和年龄阶段鱼类的适口饵料存在差异,需要在养殖鱼类的食性转变时,及时转投适口饵料,鱼类体长变化对食性的影响阐明不清,便无法更好地指导该种鱼类的人工养殖过程。

研究鱼类食物组成情况通常使用人工显微镜镜检、稳定同位素法、分子生物学技术等方法^[4]。其中通过人工显微镜镜检对鱼类胃含物进行观察鉴定是应用最早,也是目前应用最广泛的方法^[11]。人工显微镜镜检鱼类胃含物具有一定的局限性,该方法需要实验人员具有很好的形态分类鉴定技能,工作强度较大;对经过咀嚼和消化的食物碎片进行形态鉴定具有很大难度^[14]。随着同位素测定水平的提高,稳定同位素法也是分析鱼类食性的重要手段,该方法优点在于能够反映鱼类在长时间内的摄食行为,以及推断鱼类对饵料消化和吸收利用的情况,但在对胃内含物的分类上具有一定局限性^[15-16]。分子技术手段分析食物中残留的 DNA 信息是一种准确、高效的方法。目前高通量测序技术(high-throughput sequencing technology)已被应用于鱼类^[17-19]、蟹类^[20]、水母^[21]等水生生物的摄食生态研究,该方法通过获取某一特定基因的操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)及其个体数量,能够准确地反映水生生物所摄食生物的种类,解决了形态学鉴定中食物碎片难以分辨的问题,该方法以获取食物信息量大、成效快等特点越来越广泛地应用于水生生物摄食研究中^[13-22]。

黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)隶属硬骨鱼纲,辐鳍亚纲,鲈形目,鲷科,鲷属,主要分布于中国的东南沿岸海域,多栖息于岩礁海区^[23-24]。

黄鳍棘鲷适应性强,可以在 4~35 ℃ 的水温下生活,并能够适应盐度的快速变化,在淡水、半咸水和海水中均可正常生活^[25]。万山群岛海域是黄鳍棘鲷分布的重要场所,历史上其资源捕捞量比较高,但目前万山群岛海域黄鳍棘鲷自然资源量极少^[26-27]。黄鳍棘鲷由于具有较高的营养价值和经济价值,目前是我国广东重要的增殖放流物种和养殖物种^[28]。以往的室内实验发现,黄鳍棘鲷为杂食性鱼类,在仔鱼时期以动物性饵料为主,到成鱼时期以植物性饵料为主^[29]。目前缺乏自然海域黄鳍棘鲷的食性研究,研究其的食物组成与体长的关系对于了解黄鳍棘鲷在生长过程中对栖息地的饵料需求有重大意义。本研究利用显微镜镜检和高通量测序技术对万山群岛海域不同体长的黄鳍棘鲷胃含物的种类组成进行对比研究,获取黄鳍棘鲷的饵料信息,研究结果可为黄鳍棘鲷种群恢复和人工养殖提供食性方面的科学数据。

1 材料与方法

1.1 鱼类样品和胃内含物样品获取

2021 年春季在万山群岛的桂山岛和东澳岛水域通过流刺网调查收集了 17 尾黄鳍棘鲷。现场测定采集的黄鳍棘鲷体长和体重等基础生物学数据(表 1)。参考文献资料^[29],根据黄鳍棘鲷年龄与体长的关系进行黄鳍棘鲷采集样品的分组,其中 S 组为 1 龄鱼[体长(194±13.1) mm; 体重(257±52.8) g], M 组为 2 龄鱼[体长(231±15.5) mm; 体重(409±79.4) g], L 组为 3 龄鱼[体长(294±33.3) mm; 体重(921±413.0) g]。采集的黄鳍棘鲷鱼类样品置于装满碎冰的冰盒中,带回实验室后于-20 ℃ 保存。然后,尽快开展鱼类胃含物样品取样,鱼类解冻后,用无菌的解剖剪解剖鱼体,取出胃含物,对于未消化完全的食物,现场直接通过形态特征鉴定胃含物种类,并拍照。同时,为了胃含物的分子测序分析,取胃含物中的食糜(3~5) g 置于 5 mL 冷冻管中,并保存于-80 ℃ 的超低温冰箱,直至送样测序。

表 1 万山群岛采集的黄鳍棘鲷生物学信息
Tab. 1 Biological information of the collected *Acanthopagrus latus* from the Wanshan Islands

样品名称 sample name	体长/mm body length	体重/g weight	组别 group
S1	170	155.64	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S2	189	249.02	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S3	191	239.64	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S4	192	230.66	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S5	204	324.54	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S6	205	305.29	S 组(1 年龄) S group (1 age)
S7	213	292.78	S 组(1 年龄) S group (1 age)
M1	230	433.36	M 组(2 年龄) M group (2 age)
M2	240	302.89	M 组(2 年龄) M group (2 age)
M3	241	520.63	M 组(2 年龄) M group (2 age)
M4	247	379.38	M 组(2 年龄) M group (2 age)
L1	268	442.52	L 组(3 年龄) L group (3 age)
L2	288	1652	L 组(3 年龄) L group (3 age)
L3	290	705.19	L 组(3 年龄) L group (3 age)
L4	292	800	L 组(3 年龄) L group (3 age)
L5	326	650	L 组(3 年龄) L group (3 age)
L6	345	1275	L 组(3 年龄) L group (3 age)

1.2 胃含物总 DNA 提取与胃含物 18S rRNA 基因高通量测序

使用试剂盒 QIAamp® Fast DNA Stool Mini Kit (Qiagen, Germantown, USA)提取每一尾黄鳍棘鲷的胃含物总 DNA。以提取的胃含物总 DNA 为模板, 采用带 Barcode 的引物 528F (5'-GCGGT AATTCCAGCTCCAA-3')和 706R (5'-AATCCRAG AATTTCACCTCT-3')进行 18S rRNA 基因 V4 区的 PCR 扩增^[30]。PCR 扩增产物经建库检测, 将合格的文库在 Illumina PE250 平台进行高通量测序(广州基迪奥生物科技有限公司)。

1.3 分子测序数据处理

测序得到 Raw reads 后, 利用 FASTP 软件先过滤掉低质量 reads; 然后使用 FLASH 软件对样品中过滤后的 reads 进行拼接为 tag, 再过滤低质量的 tag, 得到 Clean tag^[31]。Clean tag 进行聚类, 去除聚类比对过程中检测到的嵌合体 tag, 得到 Effective tag 数据^[32]。Effective Tags 利用 Uparse 在 97%水平上进行 OTU 聚类分析。选取代表性 OTUs 序列, 用 RDP Classifier 与 Silva 数据库进行

物种系统进化注释分析^[33]。在注释后的全部 OTUs 序列中, 将隶属于宿主黄鳍棘鲷和不属于鱼类摄食食物的 OTUs 序列(如: 真菌)均删除, 不用于后续分析。同时, 在 NCBI 中进行 Blast 分析进一步核对 OTUs 的分类信息(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)。最后, 通过各样品胃含物中的 OTU 组成分析食物多样性组成和不同物种的相对丰度。每个鱼类样品获取的 Raw reads 都提交到 NCBI 的 Sequence Read Archive (SRA)数据库(编号 PRJNA1013738)。根据胃含物样品中属的相对丰度, 选取了丰度值前 50 的属, 在 OmicShare 平台(<http://www.omicshare.com/tools>)采用热图分析了黄鳍棘鲷样品胃含物种属的丰度变化。

2 结果与分析

2.1 黄鳍棘鲷胃含物的形态学鉴定

在进行黄鳍棘鲷胃含物样品的形态学鉴定时, 观察到大多个体胃内含物为无法用肉眼判断的食糜, 仅少部分个体摄食贝类和蟹类(图 1), 但仍很难鉴定出其具体物种。

2.2 18S rRNA 基因高通量测序结果分析

万山群岛 17 尾黄鳍棘鲷胃含物的 18S rRNA 基因高通量测序分析共鉴定出真核生物 16 门 84 种, 各物种与 NCBI 上参考序列比对结果的相似性在 91.09%~100%。从门分类水平来看(表 2), 黄鳍棘鲷主要的食物来源为节肢动物门(*Arthropoda*)、软体动物门(*Mollusca*)、脊索动物门(*Chordata*)和红藻门(*Rhodophyta*), 其相对丰度分别为 42.20%、24.98%、15.54%、6.10%, 这 4 大类共占总食物来源的 88.82%, 而其他门类的相对丰度均低于 5%。在种分类水平上(表 3), 结合相对丰度和出现频率来看, 黄鳍棘鲷主要摄食种类为节肢动物门的锈斑螳(*Charybdis feriatus*)和腹针胸刺水蚤(*Centropages abdominalis*), 软体动物门的变化短齿蛤(*Brachidontes variabilis*), 脊索动物门的圆吻海鲈(*Nematalosa nasus*)以及红藻门的条斑紫菜(*Neopyropia yezoensis*), 这些物种共占总食物来源的 66.73%。总体而言, 黄鳍棘鲷具有较为明显的杂食性特征。

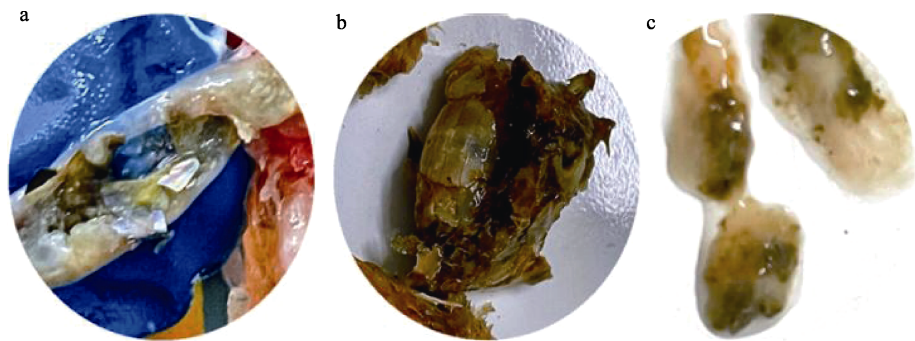


图 1 黄鳍棘鲷胃含物形态观察结果
a. 贝类; b. 蟹类; c. 食糜.

Fig. 1 Morphological observation of gastric contents of *Acanthopagrus latus*
a. Shellfish; b. Crab; c. Chime.

表 2 基于 18S rRNA 基因高通量测序分析门类
水平下黄鳍棘鲷的食物组成

Tab. 2 Diet composition of *Acanthopagrus latus* at
phylum level based on high-throughput sequencing
of 18S rRNA gene

序号 Number	门 Phylum	相对丰度/% Relative abundance
1	节肢动物门 Arthropoda	42.20
2	软体动物门 Mollusca	24.98
3	脊索动物门 Chordata	15.54
4	红藻门 Rhodophyta	6.10
5	扁形动物门 Platyhelminthes	4.01
6	刺胞动物门 Cnidaria	3.07
7	绿藻门 Chlorophyta	2.02
8	硅藻门 Bacillariophyta	1.04
9	甲藻门 Pyrrophyta	0.43
10	隐藻门 Cryptophyta	0.18
11	原生动物门 Protozoa	0.17
12	金藻门 Chrysophyta	0.10
13	淡色藻门 Ochrophyta	0.06
14	轮虫动物门 Rotifera	0.04
15	线虫动物门 Nematoda	0.03
16	纤毛虫门 Ciliophora	0.02

2.3 鱼类体长对食性变化的影响

门分类水平下,不同体长组的黄鳍棘鲷胃含物中的真核生物物种组成见图 2。3 个体长组的黄鳍棘鲷食性均以动物食性为主,其中 S 组的黄鳍棘鲷主要以节肢动物门、软体动物门和红藻门为食,分别占该组总真核生物的 54.13%、31.91%和 7.84%。M 组主要以脊索动物门、刺胞动物门(*Cnidaria*)和节肢动物门为食,分别占该组总真核生物的 61.16%、17.18%和 8.39%;同时相较于 S

组, M 组对脊索动物和刺胞动物的摄食有所增加,而对节肢动物和软体动物的摄食大幅减少。L 组主要以脊索动物门、扁形动物门(*Platyhelminthes*)和刺胞动物门为食,分别占该组总真核生物的 62.47%、16.27%和 10.51%;L 组与 M 组的食性差异较小,均以脊索动物为主要捕食对象。从总体上看,随着体长的增加,黄鳍棘鲷对节肢动物门和软体动物门的摄食呈减少趋势,脊索动物门逐渐成为黄鳍棘鲷的主要捕食对象。

S、M、L 3 组鱼类肠道中共获取了 84 个有效的 OTUs。韦恩图显示了 3 组之间黄鳍棘鲷摄食的 OTUs 组成差异(图 3),其中 S 组特有的 OTUs 占总 OTUs 的 23.81%,以绿藻门的衣藻属(*Chlamydomonas*)为主; M 组特有的 OTUs 占总 OTUs 的 3.57%; L 组特有的 OTUs 占总 OTUs 的 7.14%。S 组和 M 组共有的 OTUs 占总 OTUs 的 4.76%; S 组和 L 组共有的 OTUs 占总 OTUs 的 22.62%; M 组和 L 组共有的 OTUs 占总 OTUs 的 1.19%。3 个组共有的 OTUs 有 31 个, 占总 OTUs 的 36.90%。结合黄鳍棘鲷胃含物中物种组成情况分析(图 4),在共有的物种中,从门水平上看相对丰度较高的物种主要属于软体动物门、节肢动物门、脊索动物门和红藻门;在属的水平上主要为短齿蛤属(*Brachidontes*)、蜆属(*Charybdis*)、胸刺水蚤属(*Centropages*)、磷虾属(*Euphausia*)、海鲱属(*Nematalosa*)和紫菜属(*Neopyropia*)。综上可知, S 组的黄鳍棘鲷摄食种类相较于另外两组更广,随着体长的增加黄鳍棘鲷对饵料生物种类的摄食选择性有所升高。

表 3 采集的黄鳍棘鲷个体信息和两种鉴定方法的分析结果

Tab. 3 The information on *Acanthopagrus latus* individuals and analysis results of two identification methods

样品名称 sample name	目测法食物成分 food components by observation	分子鉴定主要生物成分(相对丰度/%) molecular identification of major biological components (relative abundance)
S1	食糜 chyme	锈斑螳 <i>Charybdis feriatus</i> (13.64%) 衣藻 <i>Chlamydomonas</i> sp. (13.00%)
S2	食糜 chyme	条斑紫菜 <i>Neopyropia yezoensis</i> (95.18%) 腹针胸刺水蚤 <i>Centropages abdominalis</i> (3.26%)
S3	食糜 chyme	腹针胸刺水蚤 <i>Centropages abdominalis</i> (95.29%) 冠瘤海鞘 <i>Styela canopus</i> (2.62%)
S4	食糜 chyme	细伪类孔吸虫 <i>Pseudopecoeloides tenuis</i> (73.79%) 腹针胸刺水蚤 <i>Centropages abdominalis</i> (16.11%)
S5	蟹类 crab	锈斑螳 <i>Charybdis feriatus</i> (56.25%) 锐齿螳 <i>Charybdis acuta</i> (37.01%)
S6	贝类和食糜 shellfish and chyme	变化短齿蛤 <i>Brachidontes variabilis</i> (75.03%) 柔弱磷虾 <i>Euphausia tenera</i> (16.04%)
S7	蟹类 crab	柔弱磷虾 <i>Euphausia tenera</i> (89.59%) 变化短齿蛤 <i>Brachidontes variabilis</i> (5.99%)
M1	食糜 chyme	齿头鲱 <i>Denticeps clupeoides</i> (56.86%) 斑马海葵 <i>Macrodactyla doreensis</i> (18.89%)
M2	食糜 chyme	条斑紫菜 <i>Neopyropia yezoensis</i> (51.95%) 谷皮菱形藻 <i>Nitzschia palea</i> (11.04%)
M3	食糜 chyme	圆吻海鳗 <i>Nematalosa nasus</i> (41.26%) 柔弱磷虾 <i>Euphausia tenera</i> (13.37%)
M4	蟹类 crab	条斑紫菜 <i>Neopyropia yezoensis</i> (83.33%) 锈斑螳 <i>Charybdis feriatus</i> (3.57%)
L1	食糜 chyme	腹针胸刺水蚤 <i>Centropages abdominalis</i> (59.56%) 鳮隐尾吸虫 <i>Aphanurus mugilus</i> (6.56%)
L2	食糜 chyme	圆吻海鳗 <i>Nematalosa nasus</i> (94.84%) 变化短齿蛤 <i>Brachidontes variabilis</i> (1.77%)
L3	食糜 chyme	细伪类孔吸虫 <i>Pseudopecoeloides tenuis</i> (47.17%) 腹针胸刺水蚤 <i>Centropages abdominalis</i> (7.27%)
L4	食糜 chyme	鳮隐尾吸虫 <i>Aphanurus mugilus</i> (85.07%) 四片藻 <i>Tetraselmis</i> sp. (5.76%)
L5	蟹类 crab	细伪类孔吸虫 <i>Pseudopecoeloides tenuis</i> (29.73%) 小球藻 <i>Chlorella</i> sp. (8.11%)
L6	蟹类 crab	条斑紫菜 <i>Neopyropia yezoensis</i> (29.71%) 斑节对虾 <i>Penaeus monodon</i> (17.28%)

分析黄鳍棘鲷胃含物中优势属的丰度发现(图 4)。门分类水平上, S 组的黄鳍棘鲷相较于 M 组和 L 组更偏向于捕食节肢动物门、脊索动物门和绿藻门的生物; 而 M 组和 L 组的黄鳍棘鲷偏食的门类均可以在 S 组的胃含物中发现, 相较于 S 组, M 组和 L 组减少了对软体动物门、红藻门、扁形动物门、原生动物门(*Protozoa*)、金藻门

(*Chrysophyta*)、隐藻门(*Cryptophyta*)、淡色藻门(*Ochromytha*)、线虫动物门(*Nematoda*)的摄食。在属分类水平下, M 组和 L 组的黄鳍棘鲷相较于 S 组所摄食的属有明显减少, 摄食范围缩小。与 M 组和 L 组相比, S 组有 30 个属有所增加, 有 19 个属有所减少; 与 L 组相比, M 组有 7 个属有所增加, 有 14 个属有所减少。综上所述, 体长为(194±

13.1) mm 的 1 龄黄鳍棘鲷的摄食范围较广, 而随着体长和年龄的增加黄鳍棘鲷所摄食种类在属水平下的变化逐渐减小。

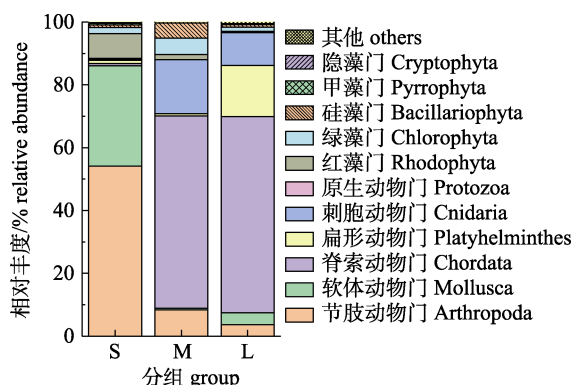


图 2 不同体长组的黄鳍棘鲷胃含物中真核生物的物种组成

Fig. 2 Species composition of eukaryote in stomach contents of Yellowfin seabream with different body length group

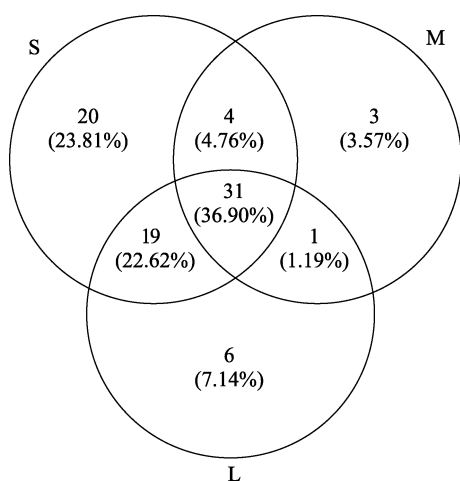


图 3 不同体长组的黄鳍棘鲷胃含物中真核生物 OTUs 组成

Fig. 3 The OTUs composition of eukaryote in stomach contents of Yellowfin seabream with different body length group

3 讨论

3.1 胃含物的形态学鉴定与 DNA 条形码测序的比较分析

胃含物的形态学鉴定与 DNA 条形码测序相结合的方法对于海洋生物的食性分析更为全面。本研究通过胃含物的形态学鉴定发现黄鳍棘鲷胃含物仅存在少数的蟹类和贝类, 大部分食物成分

为无法辨认的食糜。采用 DNA 条形码测序技术发现黄鳍棘鲷胃含物样品中存在真核生物 16 门 84 种, 发现了形态学鉴定未观察到的在肠道内容物中占主导地位的类群: 脊索动物门、红藻门。两种方法相结合丰富了黄鳍棘鲷的食物谱信息。DNA 条形码技术具有较高的灵敏度, 可以检测混合样品中的痕量 DNA, 使得该方法可以高效地获取大量生物信息^[34-36], 并可以同时分析多个摄食对象^[37], 因此, DNA 条形码测序技术可作为一种有效的方法来分析海洋生物的食性组成^[34-38]。但分子测序技术仍可能存在未能鉴定到的摄食对象。虽然真核生物多样性测序技术检测胃含物可以不受鉴定对象形态的限制, 但采用该技术必须预先建立一个比较完整的食物基因序列数据库, 提高鉴定结果准确性^[39]。单一的检测方法通常存在一定的局限性, 由于 DNA 条形码测序技术是对食糜中的生物 DNA 进行检测, 该过程中无法判断被捕食生物的生命阶段, 且存在被捕食者的胃含物被带入捕食者胃中的情况(即黄鳍棘鲷饵料组成的生物所摄食的食物种类), 对检测结果产生干扰^[20]。因此, 将 DNA 条形码测序技术与人工显微镜镜检等方法相结合, 可提高鉴定结果的可信度, 以达到更好的分析结果。

研究进一步确认发现黄鳍棘鲷是一种典型的杂食性鱼类, 且摄食范围较广。本研究在黄鳍棘鲷的胃含物里共鉴定出真核生物 16 门 84 种, 其中动物性饵料占 90.09%, 植物性饵料占 9.91%。而动物性饵料的主要成分为节肢动物门的锈斑螭、腹针胸刺水蚤; 软体动物门的变化短齿蛤; 脊索动物门的圆吻海鲢。植物性饵料的主要成分为红藻门的条斑紫菜。本研究鉴定出的锈斑螭和变化短齿蛤均属于海洋底栖生物^[40-41], 其中锈斑螭广泛分布于我国广东沿海, 锈斑螭也是珠江口海域常见的蟹类^[42]。此外, 春季锈斑螭大多处于幼蟹阶段, 个体较小, 活动能力较弱^[43], 易成为黄鳍棘鲷的捕食对象。变化短齿蛤多分布于我国广东沿海地区, 以湛江周边海域、大亚湾和大鹏湾分布最为丰富^[44-46]。圆吻海鲢多分布于我国沿海地区, 在对珠江口海域的鱼类种类组成调查中曾

有过捕获记录^[47], 珠江口海域常作为鱼类的产卵场和仔稚鱼的育肥场, 在对珠江口海域鱼卵和仔稚鱼种类组成调查中也发现了圆吻海鲢^[48], 在该阶段圆吻海鲢可能会成为黄鳍棘鲷的摄食对象。腹针胸刺水蚤属于海洋浮游动物, 多分布于

广东沿海等南海海域^[49], 可为黄鳍棘鲷提供丰富的饵料资源。条斑紫菜属于大型藻类, 广泛分布于广东沿海及周边岛屿^[50]。未来需加大采集黄鳍棘鲷样品数量, 扩大对黄鳍棘鲷胃含物的形态学鉴定分析, 明确黄鳍棘鲷的食物贡献比例。

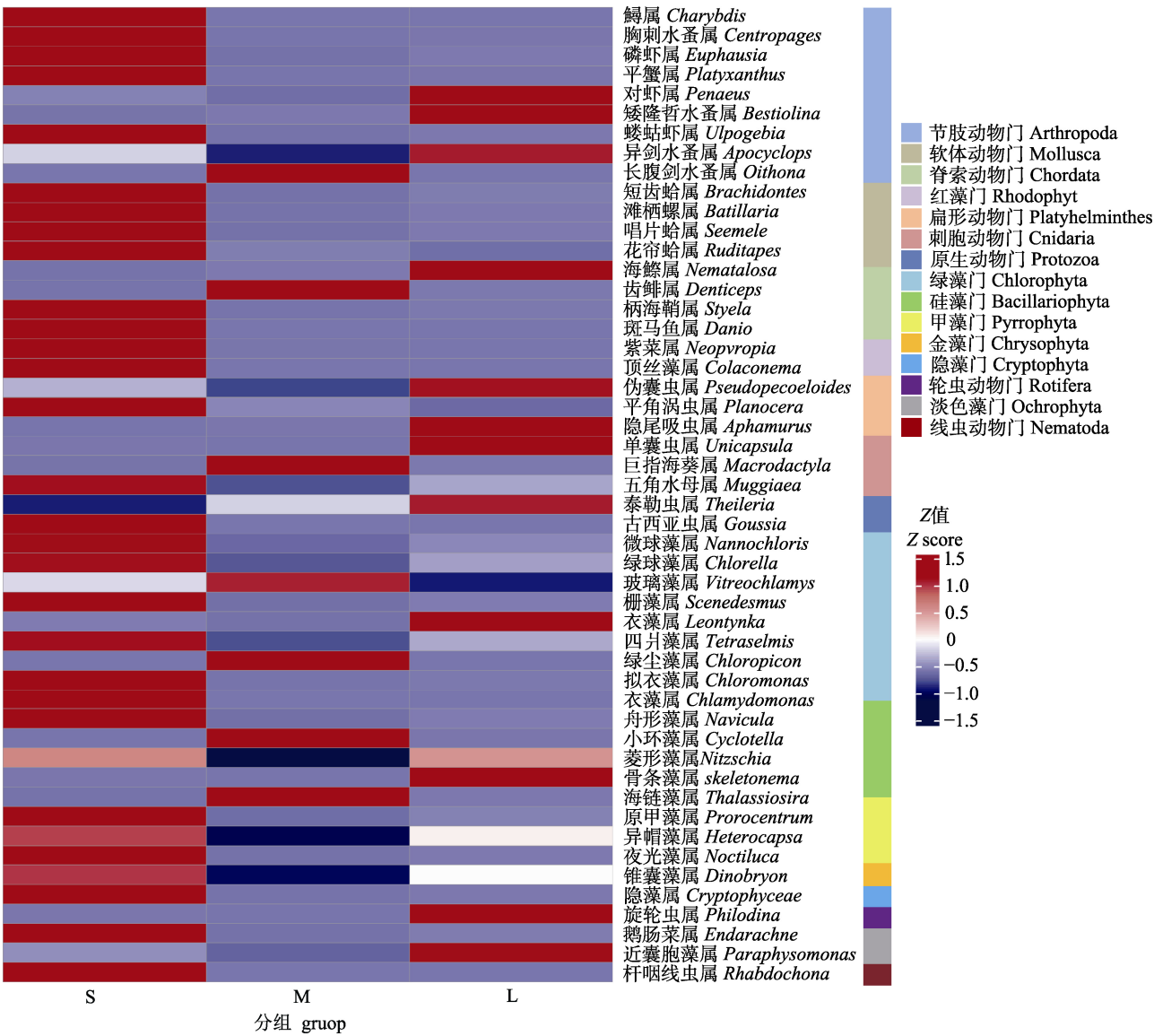


图 4 属分类水平不同体长组的黄鳍棘鲷胃含物中物种组成分布
Fig. 4 Eukaryote composition in stomach contents at genus level from Yellowfin seabream with different body lengths

3.2 万山群岛海域黄鳍棘鲷的食物组成与年龄变化的关系

黄鳍棘鲷随着体长的增加, 食性存在明显的年龄变化特征。在本研究中, 1~3 年龄的黄鳍棘鲷主要摄食种类由节肢动物门和软体动物门转向脊

索动物门, 1 龄幼鱼摄食的生物种类相比 2 年龄和 3 年龄的黄鳍棘鲷摄食范围更广。该现象与西埔湾的黄鳍棘鲷(1 龄幼鱼与成鱼)摄食种类的结果相同^[51]。然而, 与广东大亚湾更小体长的黄鳍棘鲷(99~160) mm 食性结果^[4]相比发现, 黄鳍棘鲷

的食性随着体长变化也存在改变。从门分类水平上看,研究发现大亚湾黄鳍棘鲷胃含物的主要优势种为脊索动物门和软体动物门,且脊索动物门的鱼类占比最高^[4]。本研究所鉴定出的优势门类中以节肢动物门的蟹类占比最高,而脊索动物门的鱼类相对较低。推测产生差异的原因,与捕获黄鳍棘鲷的海域位置和鱼类体长变化有关。一方面,大亚湾作为多种鱼类的产卵、索饵和育肥场所,且在春季生活着大量的仔稚鱼^[52],可为黄鳍棘鲷提供大量的鱼类饵料。另一方面,大亚湾的黄鳍棘鲷均为 1 龄鱼, Pan 等^[4]发现黄鳍棘鲷的食性随体长的增加无明显变化;而本研究调查的黄鳍棘鲷为 1 龄到 3 龄的鱼,体长和年龄范围相对较广;因此,黄鳍棘鲷的食性随体长的增加而发生的变化更为明显。

黑鲷等其他鲷科鱼类的食性也存在年龄变化对鱼类食性产生影响现象。柏怀萍^[53]对象山港黑鲷(*Acanthopagrus schlegelii*)的摄食习性研究表明,生活在同一区域的黑鲷幼鱼与成鱼的摄食种类具有一定差异,且幼鱼胃含物的种类相较于成鱼要更丰富。张其永等^[54]对闽南-台湾浅滩二长棘鲷(*Paerargyrops edita*)食性的研究中发现,二长棘鲷幼鱼多捕食虾类、贝类、浮游动物,对鱼类的捕食较少,而生长到成鱼阶段则增加了对鱼类等游泳动物的捕食。高亚辉等^[55]对真鲷(*Pagrus major*)早期仔鱼食性转变的研究表明,真鲷幼鱼对植物性饵料和动物性饵料均有摄食,但大多属于活动能力弱的生物和浮游生物,随着真鲷幼鱼的不断生长,游泳能力增强,其胃肠道内的消化酶也发生改变,对动物性饵料的摄食逐渐上升。因此,本研究推测黄鳍棘鲷食性产生变化的原因可能是:随着黄鳍棘鲷年龄和体长的增加,其活动能力和捕食能力逐渐增强,摄食对象也由活动能力较弱、体型较小的底栖生物和浮游生物转变为活动能力较强、体型较大的鱼类。

3.3 黄鳍棘鲷与其他鲷科鱼类的食性比较

黄鳍棘鲷与珠江口其他鲷科鱼类存在食物竞争现象。本次在万山群岛渔业资源的刺网调查中,除了捕获到黄鳍棘鲷外,还捕获到二长棘鲷、花尾胡椒鲷(*Plectorhinchus cinctus*)、真鲷、平鲷

(*Rhabdosargus sarba*)等鲷科鱼类^[23]。以往研究还发现珠江口的鲷科鱼类常见物种有黑鲷、黄鳍棘鲷、二长棘鲷、短尾大眼鲷(*Priacanthus macracanthus*)等^[56-57]。黑鲷作为珠江口海域的主要放流物种^[57],是与黄鳍棘鲷产生食物竞争的主要物种。郭家彤等^[58]对大亚湾黑鲷的摄食习性研究发现,黑鲷摄食藤壶、鱼类、贝类为主;研究还发现随着体长的增加,黑鲷的食性也倾向于摄食个体较大的饵料,这与本研究中不同体长组黄鳍棘鲷的食性特征相类似。同样,基于高通量测序对象山港海域黑鲷食性进行分析发现,该海域的黑鲷以大型藻类、贝类、浮游生物、鱼类和蟹类为主要摄食对象,1 龄鱼黑鲷的优势饵料生物为胸刺水蚤属和蜉属,这与本研究结果类似,而且随着年龄体长的增加,黑鲷食性也开始转变为以鱼类为主要摄食对象^[13]。对于二长棘鲷和花尾胡椒鲷两种鲷科鱼类,食性分析发现二长棘鲷主要以虾贝类、海胆类、海星类、浮游生物和小型鱼类为摄食对象;花尾胡椒鲷主要以虾贝类、海胆类、浮游生物和鱼类为摄食对象^[59]。真鲷主要摄食底栖甲壳类、软体动物、棘皮动物等,但早期仔鱼可摄食一些浮游藻类^[60]。曹艳^[61]研究发现平鲷主要以虾蟹类、贝类、藤壶及海藻为摄食对象,其生活习性与黄鳍棘鲷具有一定相似性。总体而言,鲷科鱼类大多为杂食性鱼类,且在食性组成上具有一定相似性,多以底栖生物、浮游生物和鱼类为主要捕食对象。生活于同一海域的鲷科鱼类之间会存在一定的种间竞争关系,未来需进一步分析黄鳍棘鲷的摄食习性与其栖息环境的关系,更全面探究珠江口黄鳍棘鲷的摄食生态。

4 结论

通过胃含物形态学和 18S rRNA 基因高通量测序的方法分析了万山群岛海域不同年龄的黄鳍棘鲷的食物组成变化。鱼类胃含物的 18S rRNA 基因高通量测序方法比形态学鉴定方法所反映的鱼类摄食物种信息更广。对不同年龄组的黄鳍棘鲷进行食性分析发现,1 年龄的黄鳍棘鲷主要摄食种类为节肢动物门的锈斑蜉和腹针胸刺水蚤,以及软体动物门的变化短齿蛤;2 年龄和 3 年龄黄

鳍棘鲷主要摄食脊索动物门的圆吻海鲷等。随着鱼类年龄的增加, 黄鳍棘鲷摄食的生物物种数量逐渐减少。比较黄鳍棘鲷与珠江口其他鲷科鱼类的食物组成关系发现珠江口鲷科鱼类存在食物竞争的现象。

参考文献:

- [1] Shuai F M, Li X H, Liu Q F, et al. Spatial patterns of fish diversity and distribution in the Pearl River[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(9): 3182-3192. [帅方敏, 李新辉, 刘乾甫, 等. 珠江水系鱼类群落多样性空间分布格局[J]. *生态学报*, 2017, 37(9): 3182-3192.]
- [2] Liu G, Li H, Wu Z Y, et al. Animal derived diet of great bustard in the breeding season based on DNA barcoding[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2021, 56(3): 405-416. [刘刚, 李皓, 吴自有, 等. 基于 DNA 条形码分析大鸨繁殖期动物性食物[J]. *动物学杂志*, 2021, 56(3): 405-416.]
- [3] Han D Y, Xue Y, Ji Y P, et al. Trophic and spatial niche of five gobiid fishes in Jiaozhou Bay[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2013, 20(1): 148-156. [韩东燕, 薛莹, 纪毓鹏, 等. 胶州湾 5 种虾虎鱼类的营养和空间生态位[J]. *中国水产科学*, 2013, 20(1): 148-156.]
- [4] Pan W N, Qin C X, Zuo T, et al. Is metagenomic analysis an effective way to analyze fish feeding habits? A case of the yellowfin sea bream *Acanthopagrus latus* (houltuyn) in Daya Bay[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2021, 8: 634651.
- [5] Dou S Z. Feeding ecology of fish—a critical review on theories, methods and their application[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 1996, 27(5): 556-561. [窦硕增. 鱼类摄食生态研究的理论及方法[J]. *海洋与湖沼*, 1996, 27(5): 556-561.]
- [6] Xue Y. Study on the feeding ecology of dominant fishes and food web of fishes in the central and southern Yellow Sea[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2005. [薛莹. 黄海中南部主要鱼种摄食生态和鱼类食物网研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2005.]
- [7] Chen D G. Fishery resources biology[M]. Beijing: China Agriculture Press, 1997: 58-59. [陈大刚. 渔业资源生物学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 58-59.]
- [8] Zhang X J, Cheng J H. Survey on study of the fish age determination[J]. *Marine Fisheries*, 2009, 31(1): 92-99. [张学健, 程家骅. 鱼类年龄鉴定研究概况[J]. *海洋渔业*, 2009, 31(1): 92-99.]
- [9] Pang X, Tian Y J, Zhang C, et al. Seasonal and ontogenetic changes in the diet of Pacific cod (*Gadus macrocephalus*) in the Yellow Sea[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2023, 32(6): 1255-1268. [逢鑫, 田永军, 张弛, 等. 黄海大头鳕食性随体长及季节的变化[J]. *上海海洋大学学报*, 2023, 32(6): 1255-1268.]
- [10] Hüne M, Quintullanca A, Aldea C, et al. Diet variations and morphological changes of the rockcod *Patagonotothen tessellata* (Teleostei: Nototheniidae) in Chilean Central Patagonia[J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2023, 106(6): 1425-1442.
- [11] Sun P, Ling J Z, Zhang H. Diet composition and feeding habits of black sea bream (*Acanthopagrus schlegelii*) in Xiangshan Bay based on high-throughput sequencing[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(3): 1221-1228. [孙鹏, 凌建忠, 张辉. 基于高通量测序的象山港海域黑鲷(*Acanthopagrus schlegelii*)食性分析[J]. *生态学报*, 2021, 41(3): 1221-1228.]
- [12] Li Y L, Chen B L, Bao X B, et al. Preliminary dietary analysis of *Hyporhamphus sajori* juveniles based on DNA metabarcoding[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2023, 30(4): 393-405. [李玉龙, 陈百灵, 鲍相渤, 等. 基于 DNA 宏条形码技术的沙氏下鱚幼鱼食性分析[J]. *中国水产科学*, 2023, 30(4): 393-405.]
- [13] Hayden B, Palomares M L D, Smith B E, et al. Biological and environmental drivers of trophic ecology in marine fishes - a global perspective[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 11415.
- [14] Pompanon F, Deagle B E, Symondson W O C, et al. Who is eating what: Diet assessment using next generation sequencing[J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(8): 1931-1950.
- [15] Zhou D Y. Feeding habits of lake anchovy (*Coilia mystus*) in Meiliang Bay, Taihu Lake: Stomach content and stable isotope analysis[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2011. [周德勇. 太湖梅梁湾梅鲢的食性研究: 胃含物和稳定同位素分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2011.]
- [16] Wu P, Wang T, Liu Y, et al. Differences of macroalgal consumption by eight herbivorous coral reef fishes from the Xisha Islands, China[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2022, 9: 882196.
- [17] Wu P, Wang T, Liu Y, et al. Macroalgal consumption by two herbivorous coral-reef fish species from Jinjing Island, Xisha[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2023, 42(6): 1509-1516. [吴鹏, 王腾, 刘永, 等. 高通量测序分析西沙晋卿岛两种草食性鱼类对大型海藻的摄食差异[J]. *生态学杂志*, 2023, 42(6): 1509-1516.]
- [18] Jia X Q. The analysis of relationship between intestinal microbiota structure and growth speed of *Anguilla marmorata*

- [D]. Xiamen: Jimei University, 2017. [贾雪卿. 花鲷肠道菌群结构与生长速度相互关系的研究[D]. 厦门: 集美大学, 2017.]
- [19] Zhang C, Hu S M, Lin X Z, et al. Diet and trophic level analysis of the triggerfish (*Balistapus undulatus*) in coral reefs of Nansha[J]. Journal of Tropical Oceanography, 2022, 41(1): 7-14. [张琛, 胡思敏, 林先智, 等. 南沙珊瑚礁区波纹钩鳞鲀(*Balistapus undulatus*)食性和营养级分析[J]. 热带海洋学报, 2022, 41(1): 7-14.]
- [20] Xu J J, Feng G P, Zhang T, et al. Diet composition and feeding habits of female Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis* in the Yangtze River Estuary based on high-throughput sequencing[J]. Fisheries Science, 2023, 42(1): 1-10. [徐静静, 冯广朋, 张涛, 等. 基于高通量测序的长江口中华绒螯蟹雌蟹食性分析[J]. 水产科学, 2023, 42(1): 1-10.]
- [21] Xu S N, Sun T T, Peng S J, et al. Dietary analysis of two hydromedusa in situ based on high-throughput sequencing technique[J]. Journal of Applied Oceanography, 2020, 39(1): 49-56. [徐盛楠, 孙婷婷, 彭赛君, 等. 基于高通量测序技术的两种水螅水母现场食物研究[J]. 应用海洋学学报, 2020, 39(1): 49-56.]
- [22] Li F X, Du M R, Gao Y P, et al. Analysis of food sources of *Crassostrea gigas* using high-throughput sequencing techniques[J]. Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(5): 86-96. [李凤雪, 杜美荣, 高亚平, 等. 长牡蛎食物组成的高通量测序分析[J]. 渔业科学进展, 2021, 42(5): 86-96.]
- [23] Li J E, Zhou H T, Xu B T, et al. A Preliminary study on the growth of yellowfin sea bream, *Sparus latus* (Houttuyn)[J]. Journal of South China Normal University (Natural Science Edition), 1985, 1: 114-121. [李加儿, 周宏团, 许波涛, 等. 黄鳍鲷 *Sparus latus* Houttuyn 生长的初步研究[J]. 华南师范大学学报(自然科学版), 1985, 1: 114-121.]
- [24] Zhu W L, Xiao S, Yang C L, et al. Genetic structure analysis of *Acanthopagrus latus* populations along South China coast based on mitochondrial *cytb* gene sequences[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2021, 34(2): 446-454. [朱威霖, 肖珊, 杨春玲, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因序列的华南沿海黄鳍棘鲷种群遗传结构分析[J]. 西南农业学报, 2021, 34(2): 446-454.]
- [25] Wang Y C. Growing development characteristics on the digestive tract and histology and histochemistry of wild and cultured *Sparus latus*[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2012. [王永翠. 黄鳍鲷消化道生长发育特征和野生与养殖成鱼组织学及组织化学研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2012.]
- [26] Tang G L, Liu Y, Wu P, 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. [唐广隆, 刘永, 吴鹏, 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.]
- [27] Wu P, Liu Y, Xiao Y Y, et al. Evaluation of fisheries ecological environment in adjacent sea areas of Wanshan Archipelago in Pearl River Estuary in spring[J]. South China Fisheries Science, 2022, 18(5): 1-8. [吴鹏, 刘永, 肖雅元, 等. 春季珠江口万山群岛毗邻海域渔业生态环境状况评价[J]. 南方水产科学, 2022, 18(5): 1-8.]
- [28] Fan J R, Wu R X, Zhao Y J, et al. Progresses on taxonomy and phylogeny of family Sparidae from China[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2011, 18(2): 472-480. [樊冀蓉, 吴仁协, 赵元君, 等. 中国鲷科鱼类分类和系统发育研究进展[J]. 中国水产科学, 2011, 18(2): 472-480.]
- [29] Shi X F, Shi H L, Lou B, et al. Biological characteristics and artificial propagation, culture technique for *Sparus latus* (Houttuyn)[J]. Hebei Fisheries, 2012, 1: 52-55. [施晓峰, 史会来, 楼宝, 等. 黄鳍鲷生物学特性及人工繁养现状[J]. 河北渔业, 2012, 1: 52-55.]
- [30] Cheung M K, Au C H, Chu K H, et al. Composition and genetic diversity of picoeukaryotes in subtropical coastal waters as revealed by 454 pyrosequencing[J]. The ISME Journal, 2010, 4(8): 1053-1059.
- [31] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [32] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature Methods, 2010, 7: 335-336.
- [33] Pruesse E, Quast C, Knittel 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, 35(21): 7188-7196.
- [34] Bessey C, Jarman S N, Stat M, et al. DNA metabarcoding assays reveal a diverse prey assemblage for *Mobula rays* in the Bohol Sea, Philippines[J]. Ecology and Evolution, 2019, 9(5): 2459-2474.
- [35] Riccioni G, Stagioni M, Piccinetti C, et al. A metabarcoding approach for the feeding habits of European Hake in the Adriatic Sea[J]. Ecology and Evolution, 2018, 8(21): 10435-

- 10447.
- [36] Schwarz D, Spitzer S M, Thomas A C, et al. Large-scale molecular diet analysis in a generalist marine mammal reveals male preference for prey of conservation concern[J]. *Ecology and Evolution*, 2018, 8(19): 9889-9905.
- [37] Asahida T, Yamashita Y, Kobayashi T. Identification of consumed stone flounder, *Kareius bicoloratus* (Basilewsky), from the stomach contents of sand shrimp, *Crangon affinis* (De Haan) using mitochondrial DNA analysis[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 1997, 217(2): 153-163.
- [38] Zhang C C, Zhang D D, Wang Z Q, et al. Microscope combined with high-throughput sequencing to analyze the stomach content of *Bellamya aeruginosa*[J]. *Freshwater Fisheries*, 2023, 53(2): 84-93. [张灿灿, 张丹丹, 王志强, 等. 基于镜检和高通量测序技术的铜锈环棱螺胃含物分析[J]. *淡水渔业*, 2023, 53(2): 84-93.]
- [39] Xi X Q, Bao B L, Zhang S Y. Application of DNA barcoding in analyzing food composition of Belanger's croaker (*Johnius belangerii*) in Ma'an Archipelago[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2017, 41(10): 1533-1541. [席晓晴, 鲍宝龙, 章守宇. DNA 条形码在马鞍列岛海域皮氏叫姑鱼胃含物鉴定中的应用[J]. *水产学报*, 2017, 41(10): 1533-1541.]
- [40] Huang M Z. Study on feeding habit and nutrient level of *Portunus argentatus*, *P. sanguinolentus* and *Charybdis feriatus* in Fujian sea area[J]. *Journal of Oceanography in Taiwan Strait*, 2004, 23(2): 159-166. [黄美珍. 福建海区拥剑梭子蟹、红星梭子蟹和锈斑蟳的食性与营养级研究[J]. *台湾海峡*, 2004, 23(2): 159-166.]
- [41] Guo J, Xie H Y, Zhang Z, et al. Phylogenetic analysis based on partial 28S rDNA sequence of family *Mytilidae* in China[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2020, 51(3): 613-621. [郭筋, 谢慧盈, 张振, 等. 中国常见贻贝基于 28S rDNA 序列的系统发育分析[J]. *海洋与湖沼*, 2020, 51(3): 613-621.]
- [42] Huang Z R, Sun D R, Chen Z Z, et al. Faunal characteristics and distribution pattern of crustaceans in the vicinity of Pearl River Estuary[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2009, 20(10): 2535-2544. [黄梓荣, 孙典荣, 陈作志, 等. 珠江口附近海区甲壳类动物的区系特征及其分布状况[J]. *应用生态学报*, 2009, 20(10): 2535-2544.]
- [43] Yu C G, Song H T, Yao G. Fishery biology and quantitative distribution of *Charybdis feriatus* in the middle south of East China Sea[J]. *Journal of Zhanjiang Ocean University*, 2005, 25(3): 24-28. [俞存根, 宋海棠, 姚光. 东海南中部海域锈斑蟳渔业生物学和数量分布[J]. *湛江海洋大学学报*, 2005, 25(3): 24-28.]
- [44] Yao X, Sun X L, Zhang C X, et al. Relationship between seasonal succession of mollusc communities and environmental factors in Naozhou Island, South China Sea[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2022, 53(5): 1258-1268. [姚昕, 孙省利, 张才学, 等. 硇洲岛大型海藻场软体动物群落演替及其与环境因子的关系[J]. *海洋与湖沼*, 2022, 53(5): 1258-1268.]
- [45] Zhang H H, Liang C Y, Wu J F, et al. Fouling organism in marine cage culture area in Dapeng Bay, South China Sea[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2003, 10(5): 414-418. [张汉华, 梁超愉, 吴进锋, 等. 大鹏湾深水网箱养殖区的污损生物研究[J]. *中国水产科学*, 2003, 10(5): 414-418.]
- [46] Zheng D Q, Huang Z G. Fouling organisms on mariculture cages in Daya Bay, China[J]. *Journal of Fisheries of China*, 1990, 14(1): 15-24. [郑东强, 黄宗国. 大亚湾海水养殖箱、笼上附着的污损生物[J]. *水产学报*, 1990, 14(1): 15-24.]
- [47] Huang J W, Sun D R, Liu Y, et al. Diversity of fish community in *Sousa chinensis* nature reserve of Pearl River Estuary[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2018, 49(5): 1000-1007. [黄吉万, 孙典荣, 刘岩, 等. 珠江口中华白海豚自然保护区鱼类群落多样性分析[J]. *南方农业学报*, 2018, 49(5): 1000-1007.]
- [48] Kong X L, Zhang S, Chen Z Z, et al. Species composition and distribution characteristic of fish eggs and larvae based on DNA barcoding technology of the Zhujiang River Estuary in spring[J]. *Haiyang Xuebao*, 2023, 45(3): 52-65. [孔啸兰, 张帅, 陈作志, 等. 基于 DNA 条形码技术的珠江口春季鱼卵和仔稚鱼种类组成和分布特征的研究[J]. *海洋学报*, 2023, 45(3): 52-65.]
- [49] Zheng Z, Li S, Li S J. Species composition and geographical distribution of marine planktonic copepods in China[J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science)*, 1978(2): 51-63. [郑重, 李松, 李少菁. 我国海洋浮游桡足类的种类组成和地理分布[J]. *厦门大学学报(自然科学版)*, 1978(2): 51-63.]
- [50] Deng Y Y, Lu Q Q, Chen W Z, et al. Study of *Porphyra* species from some islands of Guangdong Province[J]. *South China Fisheries Science*, 2014, 10(2): 11-17. [邓银银, 陆勤勤, 陈伟洲, 等. 广东部分岛屿紫菜物种研究[J]. *南方水产科学*, 2014, 10(2): 11-17.]
- [51] Zhang Q Y, Hong W S, Chen Z G, et al. On age, growth and feeding habits of yellowfin seabream (*Sparus latus*) in Xipu

- Bay, Fujian[J]. Journal of Oceanography in Taiwan Strait, 1991, 10(4): 68-76. [张其永, 洪万树, 陈志庚, 等. 西埔湾港养黄鳍鲷年龄、生长和食性研究[J]. 台湾海峡, 1991, 10(4): 68-76.]
- [52] Wang J J, Liu Y, Xiao Y Y, et al. Population characteristics of fish eggs and larvae and their relationship with environmental factors in Daya Bay[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, 26(1): 14-25. [王九江, 刘永, 肖雅元, 等. 大亚湾鱼卵、仔稚鱼种群特征与环境因子的相关关系[J]. 中国水产科学, 2019, 26(1): 14-25.]
- [53] Bai H P. Food habit of Black Pargy (*Sparus macrocephalus*) in Xiangshan Port[J]. Journal of Ningbo University (NSEE), 1999, 12(4): 42-47. [柏怀萍. 象山港黑鲷的摄食习性[J]. 宁波大学学报(理工版), 1999, 12(4): 42-47.]
- [54] Zhang Q Y, Zhang Y Z. Study on feeding habits of *Acanthopagrus bimaculatus* in Minnan-Taiwan Shoal[J]. Acta Oceanologica Sinica, 1983, 5(3): 349-362. [张其永, 张雅芝. 闽南-台湾浅滩二长棘鲷食性研究[J]. 海洋学报, 1983, 5(3): 349-362.]
- [55] Gao Y H, Fu W L, Xu J B, et al. Feeding switching of *Pagrosomus major* earlier larvae[J]. Journal of Oceanography in Taiwan Strait, 2000, 19(3): 344-349. [高亚辉, 傅万里, 徐镜波, 等. 真鲷早期仔鱼食性转变研究[J]. 台湾海峡, 2000, 19(3): 344-349.]
- [56] Yan L, Tan Y G, Yang L, et al. Catch composition and diversity of gillnet fishery in the Pearl River Estuary coastal waters of the South China Sea in autumn[J]. South China Fisheries Science, 2016, 12(1): 111-119. [晏磊, 谭永光, 杨齐, 等. 珠江口水域秋季刺网的渔获组成及多样性分析[J]. 南方水产科学, 2016, 12(1): 111-119.]
- [57] Liu Y, Wu Z X, Yang C P, et al. Ecological carrying capacity of six species of stock enhancement in Pearl River Estuary based on Ecopath model[J]. South China Fisheries Science, 2019, 15(4): 19-28. [刘岩, 吴忠鑫, 杨长平, 等. 基于 Ecopath 模型的珠江口 6 种增殖放流种类生态容纳量估算[J]. 南方水产科学, 2019, 15(4): 19-28.]
- [58] Guo J T, Wang T, Chen D F, et al. Feeding habits of *Acanthopagrus schlegeli* in the Daya Bay[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2021, 28(8): 1041-1050. [郭家彤, 王腾, 陈得仿, 等. 大亚湾黑棘鲷的摄食习性[J]. 中国水产科学, 2021, 28(8): 1041-1050.]
- [59] Zhang Y P. Foods web for main fishes in Beibu Gulf of the South China Sea[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2005, 12(5): 621-631. [张月平. 南海北部湾主要鱼类食物网[J]. 中国水产科学, 2005, 12(5): 621-631.]
- [60] Ren C L. Study on food web structure of major marine species in coastal waters of southern Zhejiang based on quantitative fatty acid signature analysis (QFASA) method [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2021. [任崇兰. 基于定量脂肪酸特征分析法的浙江南部海域主要海洋生物食物网结构研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2021.]
- [61] Cao Y. Genetic diversity of 3 Sparid species in coastal waters of China based on mitochondrial control region sequences[D]. Guangzhou: Jinan University, 2016. [曹艳. 基于线粒体控制区序列的中国沿海 3 种鲷科鱼类遗传多样性分析[D]. 广州: 暨南大学, 2016.]

Diet change of the yellowfin sea bream (*Acanthopagrus latus*) with age from Wanshan Islands in the Pearl River Estuary

YANG Xiyue^{1,2}, LIU Yong¹, LI Chunhou¹, TANG Guanglong¹, ZHANG Dajuan², YOU Yilai³, PAN Shufang³, ZHENG Qiushi¹, XIAO Yayuan¹, WU Peng¹

1. South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science, Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Exploitation & Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Observation and Research Field Station of Pearl River Estuary Ecosystem, Guangdong Province, Guangdong Provincial Key Laboratory of Fishery Ecology Environment, Guangzhou 510300, China;
2. Tianjin Key Laboratory of Aquatic State and Aquaculture, College of Fisheries, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300392, China;
3. Zhuhai Qi'ao-Dangan Island Provincial Nature Reserve Management Office of Guangdong, Zhuhai 519000, China

Abstract: Yellowfin sea bream (*Acanthopagrus latus*), an economically important fish and stock enhancement species, is distributed in the southeastern coastal areas of China. Study on diet change of yellowfin sea bream will contribute to the knowledge for the accurate food composition and ecological function of food web for yellowfin sea bream. However, information on the feeding habits of wild yellowfin sea bream in natural marine environments is scarce. In this study, the feeding characteristics of yellowfin sea bream of different body lengths (1-3 years old) collected from the Wanshan Islands were analyzed based on stomach morphology and high-throughput sequencing of the 18S rRNA. Here, the 17 collected fishes were divided into three groups: the S group [body length: (194±13.1) mm], the M group [body length: (231±15.5) mm], and the L group [body length: (294±33.3) mm]. Morphological identification showed that shellfish, crabs, and chyme were present in the stomach contents of the yellowfin sea bream. Most fish contained a high proportion of chyme. A total of 84 species of eukaryotes in 16 phyla were identified in the stomach contents of the yellowfin sea bream using high-throughput sequencing of the 18S rRNA gene. Therefore, 18S rRNA high-throughput sequencing analysis provided a higher taxonomic resolution of the dietary composition than microscopic examination. Furthermore, high-throughput sequencing analyses showed that the major food sources of yellowfin sea bream were *Charybdis feriatius* and *Centropages abdominalis* of Arthropoda, *Brachidontes variabilis* of Mollusca, *Nematalosa nasus* of Chordata, and *Neopyropia yezoensis* of Rhodophyta, accounting for 66.73% of total food sources. Yellowfin sea bream in the Wanshan Islands mainly fed on animal food and feeding on plant food was relatively low. At the phylum level, the S group were dominant with Arthropoda, Mollusca and Rhodophyta, accounting for 93.88% of all sequences. Chordata, Cnidaria, and Arthropoda were the dominant phyla in the M group, accounting for 86.72% of all sequences, whereas L group was dominated by Chordata, *Platyhelminthes*, and Arthropoda, accounting for 89.25% of all sequences. Diet analysis of 1-3-year-old yellowfin sea bream revealed that with an increase in body length, the major feeding species of yellowfin sea bream gradually shifted from Arthropoda and Mollusca to Chordata, and the number of feeding species gradually decreased. Compared with that of the other Sparidae fishes in the Pearl River Estuary, a similar dietary habit was observed between Sparidae fishes, indicating feed-food competition for Sparidae fishes from the Pearl River Estuary. Sparidae are omnivorous and mostly consume benthos, plankton, and fish. These results provide basic data on the feeding ecology of yellowfin sea bream in the Wanshan Islands.

Key words: *Acanthopagrus latus*; high-throughput sequencing; diet; stomach content; body length

Corresponding author: WU Peng. E-mail: wupeng@scsfri.ac.cn