

邹文政, 孟春霖, 黄文树, 等. 线纹海马静态养殖模式水体微生物多样性与水质状况的阶段差异及其关联[J]. 海洋学报, 2026, 48(x): 1-16, doi:

Zou Wenzheng, Meng Chunlin, Huang Wenshu, et al. Stage-Dependent Variation and Association of Microecological Diversity and Water Quality in Static Culture Systems of *Hippocampus erectus*[J]. Haiyang Xuebao, 2026, 48(x): 1-16, doi:

线纹海马静态养殖模式水体微生物多样性与水质状况的阶段差异及其关联

邹文政^{1,2}, 孟春霖^{1,2}, 黄文树^{1,2}, 李忠琴^{1,2*}, 杨求华³

(1. 集美大学水产学院 福建省厦门市 361021; 2. 农业农村部东海海水健康养殖重点实验室 福建省厦门市 361000; 3. 福建省水产研究所 361000)

摘要: 线纹海马 (*Hippocampus erectus*) 是我国主要养殖海马种类之一, 其转料期前后常因水体环境因子的变化引起高死亡率, 但其养殖水体微生物多样性与水质状况尚未明确。本研究以转料期前后 (幼苗期与成体期) 两个阶段的线纹海马养殖水体为研究对象, 采样测算海马生长性能指标和测定水体的水质参数; 同时采用 16S rRNA 和 18S rRNA 高通量测序技术, 分别对养殖水体的细菌和真核微生物的群落结构和多样性进行了比较研究; 并结合多元统计方法, 解析水质参数与微生物群落 (以真核微生物群落、细菌群落为代表) 之间的关联程度。水质参数分析发现线纹海马成体期养殖水体中氨氮和亚硝酸盐氮的含量显著高于幼苗期。养殖水体的微生物多样性分析可见幼苗期光合自养型藻类为优势类群 (如真眼点藻目), 寡营养环境适应型细菌为优势类群 (如蓝细菌纲); 转料后真核微生物结构转向耐胁迫类群 (如尖尾藻属), 细菌群落转变为耐氮/异养降解型 (如红杆菌科、慢杆菌属等)。本研究揭示了线纹海马转料期前后养殖水体微生物群落的变化特征及其与水质因子的关联, 为构建线纹海马转料期的微生物调控技术提供了理论依据与实践路径, 对推动海马养殖的绿色可持续发展具有重要科学价值。

关键词: 线纹海马; 转料期; 水质参数; 微生物群落结构

中图分类号: 文献标志码: A 文章编号: 0253-4193(2026)x-0001-16

1 引言

线纹海马 (*Hippocampus erectus*), 又名灰海马、属于刺鱼目、海龙亚目、海龙科、海马属。近些年由于过度开发导致许多热带地区野生海马资源的衰退乃至枯竭, 在国际层面 CITES (《濒危野生动植物种国际贸易公约》, www.cite.org, 2004)^[1] 附录 II 对所有海

马进行了国际贸易的规定, 通过管制海马贸易对其进行保护 (Qin G et al, 2014)^[2]。我国在 2004 年将海马列为国家二级水生野生保护动物, 禁止野外捕捞, 只能人工养殖供应 (陈海生, 2025)^[3]。海马因具有独特的药用价值, 被收录入《中国药典》(2020 年版) (张辉等, 2022)^[4]。海马的市场需求激增, 人工养殖规模持续扩大, 现已成为我国东南沿海特色水产养殖的重要

收稿日期: 2026-02-05; 修订日期: 2026-05-11。

基金项目: “十四五”国家重点研发计划“海洋农业与淡水渔业科技创新”专项 (2025YFD2400300); 宁波市科技计划项目 (2024Z278); 国家现代农业产业技术体系 (CARS-46)。

作者简介: 邹文政 (1975—), 男, 江西省乐安县人, 高级实验师, 主要从事水产养殖与病害防控研究。E-mail: wzhzou@jmu.edu.cn; 孟春霖 (2003—), 男, 贵州省清镇市人, 硕士研究生, 主要从事水产健康养殖与药物药理研究。E-mail: 202511908029@jmu.edu.cn

* 通信作者: 李忠琴, 副教授, 主要从事水产健康养殖与药物药理研究。E-mail: zhqinli@jmu.edu.cn

品类之一(黄佳欣, 2020)^[5]。在海马的人工养殖中, 养殖水体的水质条件直接关系到海马的生长和健康, 时常由于养殖水体质量的急剧变化而导致海马生长不适甚至出现大规模死亡现象(李锋等, 2015)^[6]。控制良好的养殖水环境成为海马人工养殖亟待解决的难点之一, 其中海马转料期前后的水质变化是关系到海马幼苗生长和存活的重要环节。微生态是水质调控的核心引擎, 益生菌的存在可使养殖水体中氨氮、亚硝酸盐和硫化物含量显著下降(吕军仪, 2003)^[7]; 有研究表明, 藻类可以通过光合作用将水分子分解为氢离子和氧气, 同时固定二氧化碳, 可见其在维持水体溶解氧过程中发挥十分重要的作用(Kapdan K I, Kargi F, 2005)^[8], 除此之外, 藻类可增强鱼体免疫力、提升抗氧化酶活性、改善鱼体健康水平以及提高鱼体抗病力的作用(张继红等, 2016)^[9]。

目前, 线纹海马(*Hippocampus erectus*)人工养殖多依赖半封闭水体系统, 包括微流水养殖模式和静态养殖模式, 养殖水中的微生物群落不仅是水质的“天然调控者”, 还与海马摄食效率、抗病能力等生理过程密切相关, 是支撑其健康养殖的关键生态因子。海马独特的生理特性(无鳔、需持续游动维持浮力)与摄食习性(对饵料形态、活性高度敏感), 使其对养殖水环境波动极为敏感, 尤其是水质参数(如氨氮、亚硝酸盐氮、溶解氧)的稳定性与微生物群落结构的平衡, 直接决定养殖成活率与生长性能(罗辉玉等, 2020)^[10]。在线纹海马的养殖周期中, 转料期(从幼苗期投喂活体桡足类转向成体期投喂冰冻糠虾)是关键生态转折阶段。饵料类型从活性易降解向非活性易堆积转变, 冰冻糠虾蛋白质易变性且下沉速度快, 若海马摄食适应性差, 残饵会通过异养微生物分解产生大量氨氮、亚硝酸盐氮等有毒氮素。

近些年来, 高通量测序技术与多元统计分析的发展, 为解析复杂养殖系统中微生物群落动态与环境因子的关联性提供了有力工具。本研究选取转料前幼苗期(投喂活体桡足类水蚤)与转料后成体期(投喂冰冻糠虾)的线纹海马养殖池为研究对象, 收集水体中的微生物, 通过 16S rRNA 和 18S rRNA 基因高通量测序技术分别对细菌 V3-V4 区和真核微生物 V4 区进行扩增测序, 分析其群落结构和功能特征; 同时测定关键水质参数, 通过相关性分析揭示水质参数和微生物群落(细菌和藻类)之间的联系, 旨在阐明转料前后线纹海马养殖水体的水质变化特征及其对海马生长性能的影响, 并找出具有关键功能性的细菌和藻类, 为线纹海马转料期的水质调控与微生态环境优化提供

理论依据, 助力其养殖产业的绿色可持续发展。

2 材料与方法

2.1 实验材料

采样地点位于福建省漳州市漳浦县(23°36'~24°21' N, 117°24'~118°01' E), 属亚热带海洋性季风气候, 年降水量 1 600 mm, 年平均气温 21.3 °C, 优越的水热条件为海马养殖提供了良好的自然环境。

试验选取某海马养殖场内初始水源相同但处于两个不同生长阶段的线纹海马静态养殖池(n=3)作为采样对象。采样时间为 4 月份, 分为幼苗期和成体期两个组。其中, 幼苗期组于 3 月中旬投放, 三口池为同一批繁育的海马, 该阶段海马尚未转料, 主要以桡足类为食, 每 3 天换一次水; 成体期组是前一年 12 月份繁育的海马, 已顺利完成从幼苗期到成体期的饵料转换, 当前主要投喂冰冻糠虾, 三口池初始规格为 6.50±0.50 cm, 每 5 天换一次水。采样时从养殖池的四个角分别随机捞取线纹海马 10 尾, 每口池子采样 40 尾; 养殖池长宽高为 5 m×4 m×1.5 m, 水深 1 m, 幼苗期海马 10 000 尾/池, 养殖密度为 500 尾/m³; 成体期海马 5 000 尾/池, 养殖密度为 250 尾/m³。

2.2 养殖水体样本采集

幼苗期海马三口养殖池分别标记为 A、B 和 C 池, 编号 DPA1, DPA2 和 DPA3 代表真核微生物样本, DPB1, DPB2 和 DPB3 代表细菌样本; 成体期海马三口养殖池分别标记为 D、E 和 F 池, 编号 MSA1、MSA2 和 MSA3 代表真核微生物样本, MSB1、MSB2、MSB3 代表细菌样本。采样时使用有机玻璃采水器, 在每口养殖池的 4 个角和中心(避开池边水流死角)、水面以下 50 cm 深度处各采集 1 L 水样, 然后将 5 份水样充分混匀后, 采用分级过滤法分离真核微生物与细菌: 先用 5 μm 孔径的滤膜进行初滤, 以截留直径较大的真核微生物, 初滤后的水样再分别用 0.45 μm 孔径的滤膜截留直径较小的真核微生物, 用 0.22 μm 孔径的滤膜截留细菌, 每个样本统一过滤 1 L 水体, 所有池子均重复采集三次。所有滤膜样本采集后立即放入液氮中快速冷冻, 随后送至北京百迈客生物科技有限公司进行高通量测序分析。

2.3 水质参数测定

采用 ProQuatro 水质分析仪(美国 YSI 公司)现场实时测量水体中的温度、溶解氧、电导率、盐度和 pH, 使用便携式三氮组合快速检测箱(Q-3N, 深圳市清时捷科技有限公司)现场检测水中氨氮和亚硝酸盐氮。

2.4 DNA 提取及测序

提取 DNA 时使用天根生化科技(北京)有限公司的 Magnetic Soil/Stool DNA Kit 试剂盒 (DP812), 测定 DNA 浓度时使用酶标仪(基因有限公司, synergy-HTX), 并根据 DNA 浓度检测结果, 选取适量 DNA 模板, 在百灵 1 000 自动化工作站(瑞孚迪生物医学有限公司)上进行 16S rRNA 基因和 18S rRNA 基因特定可变区的 PCR 扩增, 细菌群落扩增目标区域为 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区, 使用通用引物 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806R(5'-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3'); 真核微生物群落扩增目标区域为 18S rRNA 基因的 V4 高变区, 使用通用引物 TAREuk454FWD1(5'-CCAGCA(G/C)C(C/T)GCG-GTAATTCC-3') 和 TAREukREV3(5'-ACTTTCGTTCT-TGAT(C/T)(A/G)A-3')。扩增后 PCR 产物使用浓度 1.8% 的琼脂糖进行电泳检测(北京博美富鑫科技有限公司)。

回收 PCR 产物并构建测序文库, 建好的文库先进行文库质检, 质检合格的文库用 Illumina NovaSeq 6 000 进行测序。高通量测序得到的原始图像数据文件, 经碱基识别(Base Calling)分析转化为原始测序序列(Sequenced Reads), 结果以 FASTQ(简称为 fq)文件格式存储, 其中包含测序序列(Reads)的序列信息以及其对应的测序质量信息。

2.5 数据处理

先用 Trimmomatic v0.33 软件对测序得到的原始数据(Raw Reads)进行过滤, 对于细菌数据, 用 cutadapt 1.9.1 软件进行引物序列的识别与去除, 得到不包含引物序列的 Clean Reads; 并采用 QIIME2 2 020.6 中

的 DADA2 方法进行去噪, 双端序列拼接并去除嵌合体序列, 得到最终有效数据(Non-chimeric Reads), 最后使用 QIIME2 2 020.6 基于 SILVA 138 数据库根据分类注释结果去除叶绿体、线粒体及真核微生物序列; 对于真核微生物数据, 则在原始数据过滤后采用 Usearch v10 软件, 通过 overlap 对每个样品的 Clean Reads 进行拼接, 根据不同区域的长度范围对拼接后数据进行长度过滤, 使用 UCHIME v4.2 软件, 鉴定并去除嵌合体序列, 得到最终有效数据(Effective Reads), 最后使用 QIIME2 2 020.6 基于 SILVA 138 数据库根据分类注释结果去除细菌和原核生物序列。

采用 R(v3.1.1)进行 Venn 图分析、Mothur(1.34.4)进行 α 多样性分析, 采用 QIIME(1.8.0)、Python2、LEfSe(1.1.1)、Vegan(2.3-0) 分别进行 PCoA 图分析、物种分布柱状图, 差异性分析, db-RDA 分析。初始数据用 excel 进行初步整理, 通过 IBM SPSS Statistics 软件进行实验数据的差异性分析, 生长性状数据以 mean \pm SD 表示。

3 结果

3.1 线纹海马生长性状

测量 6 口养殖池的采样数据(见表 1)。结果表明 A、B、C 三池之间的体长、体重均具有显著差异($P < 0.05$), 体长、体重的均值均为 C 池最高, A 池次之, B 池最低, 表明 C 池的环境可能更适宜幼苗期线纹海马生长发育; D、E、F 三池之间的体长、体重也都具有显著差异($P < 0.05$), 体长、体重的均值均为 F 池最高, D 池次之, E 池最低, 表明 F 池的环境可能更适宜成体期线纹海马生长发育。

表 1 线纹海马的生长性状
Table 1 Growth traits of *H. erectus*

指标	A池	B池	C池	D池	E池	F池
体长/cm	2.64 \pm 0.11 ^b	2.37 \pm 0.10 ^c	3.30 \pm 0.14 ^a	8.97 \pm 0.61 ^b	7.93 \pm 0.86 ^c	10.39 \pm 0.63 ^a
体重/g	0.04 \pm 0.003 7 ^b	0.03 \pm 0.002 5 ^c	0.06 \pm 0.006 3 ^a	3.05 \pm 0.61 ^b	2.19 \pm 0.66 ^c	5.10 \pm 0.75 ^a

注: 同一行数据小写字母不同代表有显著差异($P < 0.05$)。Different lowercase letters within the same row indicate significant differences ($P < 0.05$).

3.2 线纹海马养殖水体的水质状况

幼苗期线纹海马养殖池 A、B、C 的水质参数测定结果见表 2, 三口养殖池的水温、pH 值、溶解氧、电导率、盐度无显著性差异($P > 0.05$); A、B 池的氨氮浓度显著低于 C 池($P < 0.05$); A 池的亚硝酸盐氮浓度显著低于 B、C 两池($P < 0.05$)。

成体期线纹海马养殖池 D、E、F 的水质参数测定

结果见表 3, 三口养殖池的水温、pH 无显著差异($P > 0.05$); D 池的溶解氧含量显著高于 E、F 池($P < 0.05$); D、E 池的电导率和氨氮浓度显著低于 F 池($P < 0.05$); D、E、F 池的盐度存在显著差异($P < 0.05$), 且 F 池 $>$ D 池 $>$ E 池; D 池亚硝酸盐氮浓度显著低于 E、F 两池($P < 0.05$)。

对比两个养殖阶段各水质参数的平均值, 幼苗期

表 2 幼苗期线纹海马 3 口养殖池的水质参数

Table 2 Water quality parameters of three culture ponds for juvenile-stage *H. erectus*

水质参数	A池	B池	C池	平均值
水温/°C	23.03±0.06	23.40±0.10	23.60±0.10	23.43±0.29
pH	8.00±0.02	7.99±0.01	7.98±0.01	7.99±0.01
溶解氧/mg·L ⁻¹	5.43±0.28	5.07±0.25	5.03±0.40	5.17±0.22
电导率/mS·cm ⁻¹	51.93±0.08	52.50±0.00	52.20±0.00	52.21±0.29
盐度	35.76±0.04	35.86±0.01	35.43±0.01	35.68±0.23
氨氮/mg·L ⁻¹	0.27±0.06 ^b	0.27±0.08 ^b	0.66±0.32 ^a	0.40±0.23
亚硝酸盐氮/mg·L ⁻¹	0.04±0.00 ^b	0.17±0.00 ^a	0.12±0.01 ^a	0.11±0.07

注: 同一行数据小写字母不同代表有显著差异($P < 0.05$)。Different lowercase letters within the same row indicate significant differences ($P < 0.05$).

表 3 成体期线纹海马 3 口养殖池的水质参数

Table 3 Water quality parameters of three culture ponds for adult-stage *H. erectus*

水质参数	D池	E池	F池	平均值
水温/°C	22.60±0.06	22.50±0.10	22.60±0.06	22.54±0.04
pH	7.46±0.04	7.76±0.02	7.57±0.03	7.60±0.15
溶解氧/mg·L ⁻¹	4.49±0.11 ^b	5.09±0.13 ^a	4.33±0.32 ^b	4.64±0.40
电导率/mS·cm ⁻¹	45.38±0.04 ^b	45.39±0.01 ^b	51.53±0.04 ^a	47.43±3.54
盐度	30.97±0.03 ^c	31.07±0.01 ^b	35.74±0.01 ^a	32.59±2.73
氨氮/mg·L ⁻¹	2.26±0.07 ^b	2.09±0.03 ^b	3.36±0.24 ^a	2.57±0.69
亚硝酸盐氮/mg·L ⁻¹	1.26±0.10 ^a	0.21±0.00 ^b	1.19±0.02 ^a	0.89±0.59

注: 同一行数据小写字母不同代表有显著差异($P < 0.05$)。Different lowercase letters within the same row indicate significant differences ($P < 0.05$).

的水温、pH、电导率和盐度显著高于成体期, 氨氮和亚硝酸盐氮浓度显著低于成体期 ($P < 0.05$); 溶解氧含量无显著差异 ($P > 0.05$)。

3.3 养殖水体微生物群落的 OTU 聚类分析

将所得序列经 SILVA 138 数据库进行比对, 使用 Usearch 软件对 Reads 在 97.0% 的相似度水平下进行聚类、获得 OTU。6 口线纹海马养殖池的真核微生物 OTU 总数为 840 个, 细菌 OTU 总数为 10 756 个。Venn 图(图 1)显示 6 口池共有的真核微生物 OTU 为 71 个, 共有的细菌 OTU 为 66 个; 共有的真核微生物

OTU 和细菌 OTU 分别占 A 池、B 池、C 池、D 池、E 池、F 池的 41.76% 和 2.41%、66.36% 和 3.60%、34.30% 和 3.91%、38.80% 和 3.55%、20.23% 和 3.63%、40.11% 和 5.76%。

3.4 养殖水体微生物群落稀释性曲线分析

线纹海马 6 口养殖池的微生物群落稀释性曲线(图 2)结果显示, 真核微生物群落和细菌群落的稀释性曲线均随测序数据量增加而逐渐趋于平缓, 在测序数据量达到 50 000 时曲线平台期, 表明测序深度足以覆盖该群落的物种多样性。

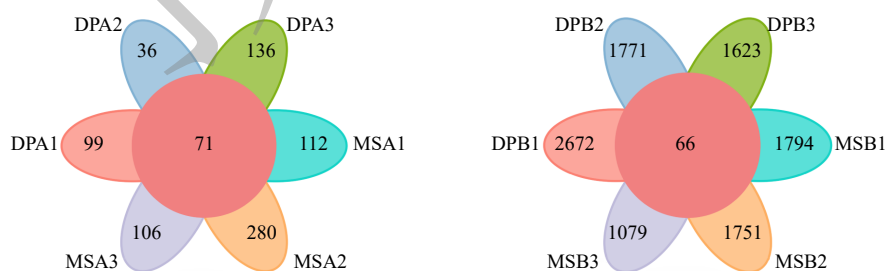


图 1 线纹海马 6 口养殖池微生物群落组成 Venn 图

Fig. 1 Venn diagram of the microbial community composition in six culture ponds of *H. erectus*

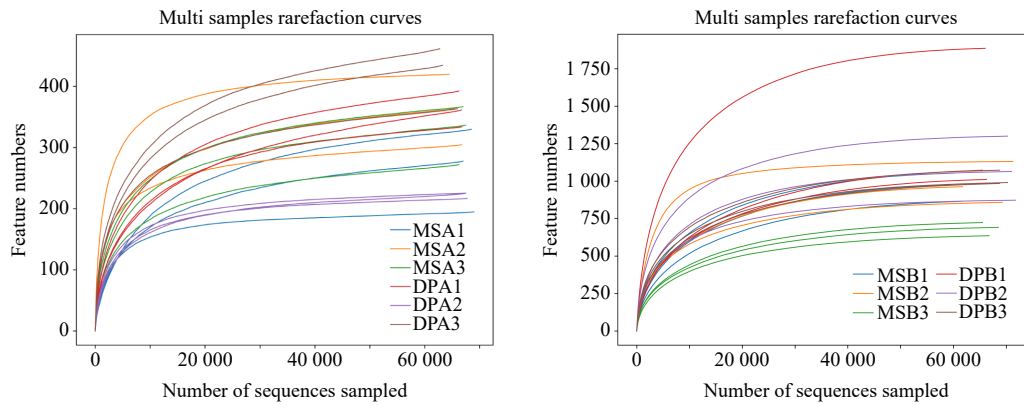


图2 线纹海马6口养殖池微生物群落稀释性曲线

Fig. 2 Rarefaction curves of the microbial community composition in six culture ponds of *H. erectus*

3.5 养殖水体微生物的 α 多样性分析

6口养殖池的真核微生物群落 α 多样性分析见表4。幼苗期(A、B、C池)与成体期(D、E、F池)的

ACE、Chao1、Simpson、Shannon 指数平均值均无显著差异 ($P>0.05$), 表明两个养殖阶段的真核微生物 α 多样性整体无显著差异。

表4 线纹海马两个养殖阶段6口养殖池真核微生物的 α 多样性Table 4 Alpha diversity of eukaryotic microorganisms in six culture ponds of *H. erectus* at two cultivation stages

养殖阶段	池号	ACE	Chao1	Simpson	Shannon
幼苗期	A	387.12±38.58 ^a	388.29±40.75 ^a	0.83±0.07 ^a	4.08±0.50 ^b
	B	227.40±6.71 ^b	232.15±13.10 ^b	0.69±0.06 ^b	3.09±0.27 ^c
	C	445.27±56.67 ^a	450.14±62.55 ^a	0.94±0.02 ^a	5.37±0.29 ^a
	平均值	353.26±103.59	356.86±104.41	0.82±0.12	4.18±1.04
成体期	D	280.15±74.50	279.09±69.58	0.83±0.00 ^c	3.62±0.13 ^c
	E	372.43±52.42	373.82±48.97	0.96±0.01 ^a	5.87±0.55 ^a
	F	339.77±47.97	342.75±45.43	0.92±0.01 ^b	4.85±0.31 ^b
	平均值	330.78±65.51	331.89±63.84	0.91±0.06	4.78±1.03

注: 同一列数据小写字母不同代表同一养殖阶段不同养殖池有显著差异 ($P<0.05$), 同一列数据大写字母不同代表两个养殖阶段平均值有显著差异 ($P<0.05$); ACE、Chao1反映物种丰富度(值越高, 物种数量越多); Simpson指数反映优势物种主导程度(值越低, 优势越明显); Shannon指数综合丰富度与均匀度, 反映群落稳定性(值越高, 稳定性越强)。Different lowercase letters within the same column indicate significant differences among culture tanks at the same rearing stage ($P<0.05$), while different uppercase letters indicate significant differences between mean values of two culture stages ($P<0.05$); ACE and Chao1 reflect species richness (higher values indicate a greater number of species); the Simpson index reflects the degree of dominance by dominant species (lower values indicate more pronounced dominance); the Shannon index integrates richness and evenness to reflect community stability (higher values indicate stronger stability).

6口养殖池的细菌群落 α 多样性分析见表5。幼苗期(A、B、C池)与成体期(D、E、F池)养殖池的 Simpson、Shannon 指数平均值无显著差异 ($P>0.05$), 表明两个养殖阶段养殖池的细菌群落在优势物种主导程度和群落稳定性上趋于一致, 但 ACE、Chao1 指数存在显著差异 ($P<0.05$), 表明成体期线纹海马养殖池细菌群落的物种丰富度显著降低。

3.6 养殖水体微生物的 β 多样性分析

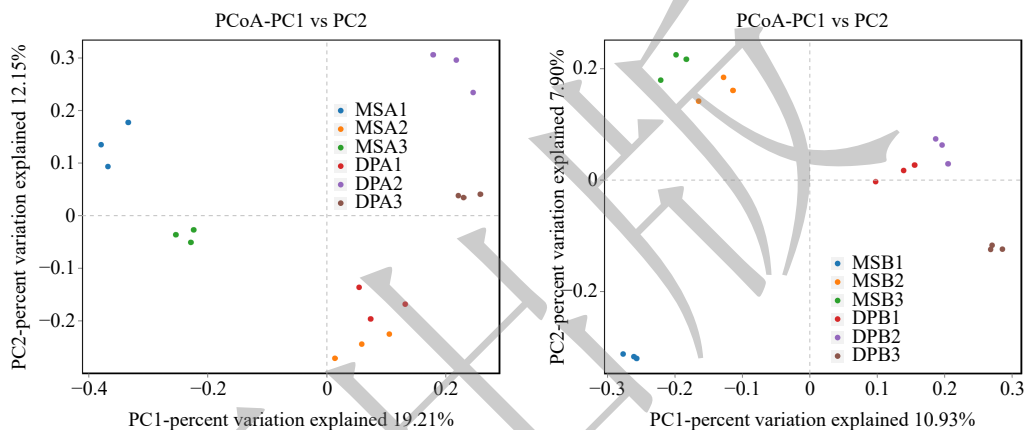
真核微生物样本和细菌样本的 PERMANOVA 分

析结果为 $R^2=0.904$ ($P<0.01$) 和 $R^2=0.835$ ($P<0.01$), 表明分组因素对群落结构差异有很强的解释力, 且这些分组之间的微生物群落存在显著不同。采用主坐标分析 (Principal Coordinates Analysis, PCoA) 比较幼苗期与成体期的微生物群落结构差异) 基于 Binary-Jaccard 距离), 结果如图3。根据样本间的距离映射样本位置, 距离越近, 群落组成越相似。在真核微生物群落的 PCoA 图中, PC1 轴解释了 19.21% 的群落变异, PC2 轴解释了 12.15% 的群落变异。MSA1、MSA3 与

表 5 线纹海马两个养殖阶段 6 口养殖池细菌的 α 多样性Table 5 Alpha diversity of bacteria in six culture ponds of *H. erectus* at two cultivation stages

养殖阶段	池号	ACE	Chao1	Simpson	Shannon
幼苗期	A	1 332.16±485.18	1 324.84±487.39	0.95±0.04	6.99±1.41
	B	1 083.64±215.10	1 080.31±214.10	0.95±0.04	7.08±0.84
	C	1 024.31±47.96	1 018.02±48.65	0.99±0.00	7.35±0.12
	平均值	1 146.71±301.66 ^A	1 141.06±301.94 ^A	0.96±0.03	7.14±0.84
成体期	D	975.40±92.42 ^a	966.59±93.62 ^a	0.96±0.01 ^{ab}	6.34±0.32 ^b
	E	989.95±133.90 ^a	985.56±136.30 ^a	0.98±0.00 ^a	7.36±0.54 ^a
	F	690.49±44.76 ^b	685.31±44.55 ^b	0.94±0.02 ^b	5.69±0.31 ^b
	平均值	885.28±168.82 ^B	879.15±168.92 ^B	0.96±0.02	6.47±0.81

注: 同一列数据小写字母不同代表同一养殖阶段不同养殖池有显著差异 ($P < 0.05$), 同一列数据大写字母不同代表两个养殖阶段平均值有显著差异 ($P < 0.05$); ACE、Chao1 反映物种丰富度 (值越高, 物种数量越多); Simpson 指数反映优势物种主导程度 (值越低, 优势越明显); Shannon 指数综合丰富度与均匀度, 反映群落稳定性 (值越高, 稳定性越强)。Different lowercase letters within the same column indicate significant differences among culture tanks at the same rearing stage ($P < 0.05$), while different uppercase letters indicate significant differences between mean values of two culture stages ($P < 0.05$); ACE and Chao1 reflect species richness (higher values indicate a greater number of species); the Simpson index reflects the degree of dominance by dominant species (lower values indicate more pronounced dominance); the Shannon index integrates richness and evenness to reflect community stability (higher values indicate stronger stability).

图 3 线纹海马两个阶段各养殖池微生物群落组成的 β 多样性Fig. 3 Beta diversity of microbial community composition in each culture pond of *H. erectus* at two cultivation stages

DPA2、DPA3 各分布在左、右半区, 且在 PC1 轴上距离较远, 表明两组的真核微生物群落存在显著差异; MSA1 与 MSA3、DPA2 与 DPA3 在 PC2 轴上并未聚集, 表明在同一阶段的真核微生物群落中也存在差异。MSA2 和 DPA1 相邻, 均脱离组内其他两样本, 说明 MSA2 的群落组成与 DPA1 更相似。

在细菌群落 PCoA 图中, PC1 轴解释了 10.93% 的群落变异, PC2 轴解释了 7.90% 的群落变异。MSB (成体期) 组 (左半区, PC1 负) 与 DPB (幼苗期) 组 (右半区, PC1 正) 在 PC1 轴上明显分离, 说明 MSB 和 DPB 两类样本的细菌群落组成差异显著。幼苗期 DPB3 与 DPB2、DPB1 均有距离, 暗示 DPB3 的群落组成与

同组其他子组差异较大。成体期 MSB1 在 PC2 轴上距离 MSB2、MSB3 较远, 说明 MSB1 的细菌群落与 MSB2、MSB3 存在较大差异。

3.7 养殖水体微生态群落门水平组成分析

养殖水体微生态群落门水平结构变化如图 4 所示。真核微生物群落中, 幼苗期 (DPA1-3) 组内均以未分类的真核生物 (unclassified_Eukaryota) 为绝对优势类群 (69.76%-82.77%), 皮科动物门 (Picozoa) 次之 (6.76%-20.20%), 其他类群 (如节肢动物门、脊索动物门) 丰度较低且组内差异较小; 成体期 (MSA1-3) 组内未分类真核生物的丰度下降 (48.91%-69.77%), 大核亚门 (Intramacronucleata) 在 MSA1 (36.98%) 和 MSA3

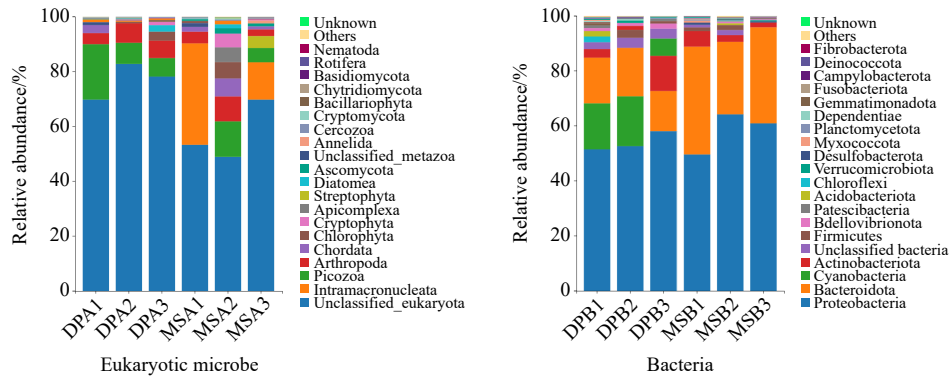


图 4 线纹海马两个阶段各养殖池的微生物群落门水平组成柱状图

Fig. 4 Bar chart of microbial community composition at the phylum level in each culture pond of *H. erectus* at two cultivation stages 部分门(如 unclassified_Eustigmatales 对应的 Ochrophyta)在 NCBI 分类数据库中的分类注释为“无等级”,因此它们被归类到未分类的真核生物 (unclassified_Eukaryota)。

Some phylum (unclassified_Eustigmatales corresponding to Ochrophyta) were annotated as “no rank” rather than at the phylum level in the National Center for Biotechnology Information. Therefore, these phylum were assigned to *unclassified_Eukaryota* during downstream taxonomic classification.

(13.60%) 中成为优势类群, 皮科动物门丰度波动 (5.21%-12.93%), 组内不同样本优势类群差异较幼苗期更明显。

细菌群落中, 幼苗期 (DPB1-3) 组内均以变形菌门 (Proteobacteria) 为主 (51.47%-58.09%), DPB1、DPB2 中蓝细菌门 (Cyanobacteria) 丰度为 16.71%-18.10%, DPB3 中拟杆菌门 (Bacteroidota) 丰度为 14.59%, 组内其他类群比例差异较小; 成体期 (MSB1-3) 组内变形菌门仍占主导 (49.62%-64.21%), 但拟杆菌门丰度显著上升 (34.93%-39.21%), 蓝细菌门丰度大幅下降 ($\leq 0.17\%$), 组内优势类群组成更趋一致。

3.8 微生物群落属水平组成分析

微生物群落属水平结构变化如图 4 所示。真核微生物群落中, 幼苗期 (DPA1-3) 组内 DPA1、DPA2 的真眼点藻目 (unclassified_Eustigmatales) 丰度分别为 33.84%、52.18%, 为主要类群, DPA1 中皮科动物属 (*Picomonas*, 18.40%)、未分类真核生物 (unclassified Eukaryota, 17.54%) 为次优势类群, DPA2 中未分类共

甲藻目 (unclassified_Syndiniales, 12.40%) 为次优势类群; DPA3 以未分类真核生物 (26.74%) 为主, 真眼点藻目 (15.26%) 为次优势类群。成体期 (MSA1-3) 组内 MSA1 以旋毛纲 (unclassified_Spirotrichea, 28.46%) 和尖尾藻属 (*Oxyrrhis*, 25.94%) 为主, MSA2 中未分类真核生物 (18.37%) 为优势类群, MSA3 中未分类凯伦藻科 (unclassified_Karenaceae, 16.83%) 和类隐鞭毛虫属 (*Leucocryptos*, 15.87%) 为优势类群, 组内优势属差异显著。

细菌群落中, 幼苗期 (DPB) 组内 DPB1、DPB2 以未分类的蓝细菌纲 (unclassified_Cyanobacteriia) 为主 (16.49%、17.77%); DPB3 以海杆菌属 (*Marinobacterium*, 6.22%) 为优势类群, 其次是弧菌属 (*Vibrio*, 5.53%) 和未分类的蓝细菌纲 (5.53%)。成体期 (MSB1-3) 组内均以未分类红杆菌科 (unclassified_Rhodobacteraceae) 为优势类群 (14.63%-20.53%); MSB1 中未分类黄杆菌科 (unclassified_Flavobacteriaceae, 14.14%)、MSB2 中弧菌属 (7.82%)、MSB3 中慢杆菌属 (*Lentibacter*,

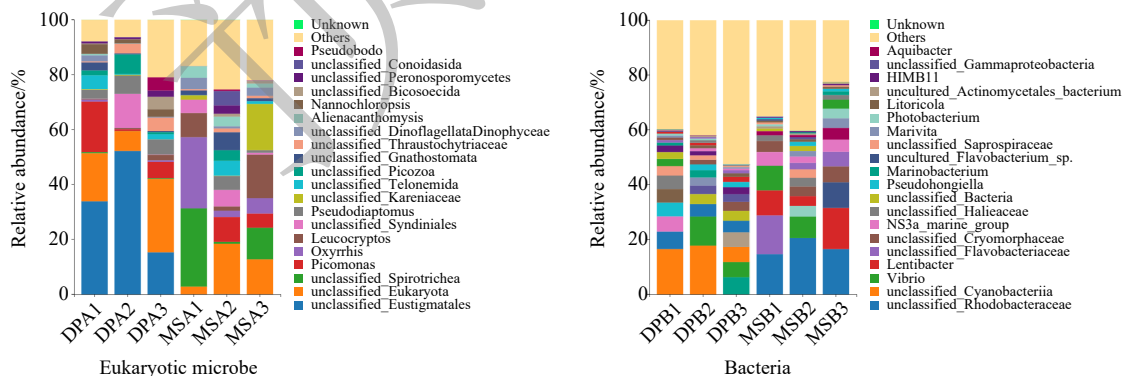


图 5 线纹海马两个阶段养殖池的微生物群落属水平组成柱状图

Fig. 5 Bar chart of microbial community composition at the genus level in each culture pond of *H. erectus* at two cultivation stages

15.02%)为次优势类群,组内优势类群更集中。

3.9 真核微生物群落组成差异分析

经 LEfSe 分析与构建差异群落物种信息图,线纹海马 6 口养殖池的真核微生物群落中共有 69 个显著性差异群落,如图 6 所示。

幼苗期, DPA1 的差异群落有 5 个,其中显著富集的群落有皮科动物门、真眼点藻纲(Eustigmatophyceae),其代表性差异菌分别为皮科动物属(*Picomonas*)、微绿球藻属(*Nannochloropsis*); DPA2 的差异群落有 12 个,其中显著富集的群落有甲藻纲(Dinophyceae)、真眼点藻目、桡足纲(Copepoda),其代表性差异菌分别为未分类合胞藻属(*unclassified_Syndiniales*)、未分类真眼点藻属(*unclassified_Eustigmatales*)、伪镖水蚤属(*Pseudodiaptomus*); DPA3 的差异群落有 14 个,其中显著富集的群落有普林藻纲(Prymnesiophyceae)、鱼孢子虫纲(Ichthyosporea)、网粘菌纲(Labyrinthulomycetes)、双领鞭毛虫目(Bicosoecida)、未分类真核生物目(*unclassified_Eukaryota*),其代表性差异菌分别为普林藻目(Prymnesiales)、未分类鱼孢子虫属(*unclassified_Ichthyosporea*)、破囊壶菌科(Thraustochytriaceae)、伪波豆虫属(*Pseudobodo*)、未分类真核生物属(*unclassified_Eukaryota*)。

成体期, MSA1 的差异群落有 15 个,其中显著富集的群落有寡膜纲(Oligohymenophorea)、旋毛纲、尖尾藻目(Oxyrrhinales)、囊虾目(Peracarida),其代表性差异菌分别为菲拉斯特虫科(Philasteridae)、钟虫科(Strombidiidae)、尖尾藻属、异刺糠虾属(*Alienacanthomysis*); MSA2 的差异群落有 10 个,其中显著富集的群落有顶复动物门(Apicomplexa)、隐藻门

(Cryptophyta)、霜霉纲(Peronosporomycetes)、三角鞭毛虫目(Telonemida),其代表性差异菌分别为柱形虫属(*Colpodella*)、隐藻目(Cryptomonadales)、未分类霜霉属(*unclassified_Peronosporomycetes*)、未分类三角鞭毛虫属(*unclassified_Telonemida*); MSA3 的差异群落有 13 个,其中显著富集的群落有金藻纲(Chrysochyceae)、柄裸藻目(Pedinellales)、喜钟虫纲(Katablepharidophyta)、网粘菌纲(Labyrinthulomycetes),其代表性差异菌有黄群藻目(Ochromonadales)、未分类柄裸藻属(*unclassified_Pedinellales*)、隐藻属(*Cryptomonas*)、领鞭毛虫目(Choanoflagellida)。

3.10 细菌群落组成差异分析

在 6 口池子的细菌群落中共有 66 个显著性差异群落,如图 7 所示。

幼苗期, DPB1 的差异群落有 6 个,其中显著富集的群落有噬几丁质菌目(Chitinophagales)、黄杆菌目(Flavobacteriales)、假单胞菌目(Pseudomonadales),其代表性差异菌分别为未分类腐螺旋菌属(*unclassified_Saprospiraceae*)、NS3a 海洋类群属(NS3a_marine_group)、假红杆菌属(*Pseudohongiella*); DPB2 的差异群落有 16 个,其中显著富集的群落有未分类的蓝细菌纲(*unclassified_Cyanobacteria*)、肠杆菌目(Enterobacterales)、 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria),其代表性差异菌分别为未分类蓝细菌纲、交替单胞菌属(*Alteromonas*)、弧菌属; DPB3 的差异群落有 17 个,其中显著富集的群落有酸微菌纲(Acidimicrobiia)、红螺菌目(Puniceispirillales)、红杆菌目(Rhodobacterales)、SAR11 类群目(SAR11_clade)、嗜氮菌科(Nitrincolaaceae)、SAR86 类群科(SAR86_clade),其代表性差异

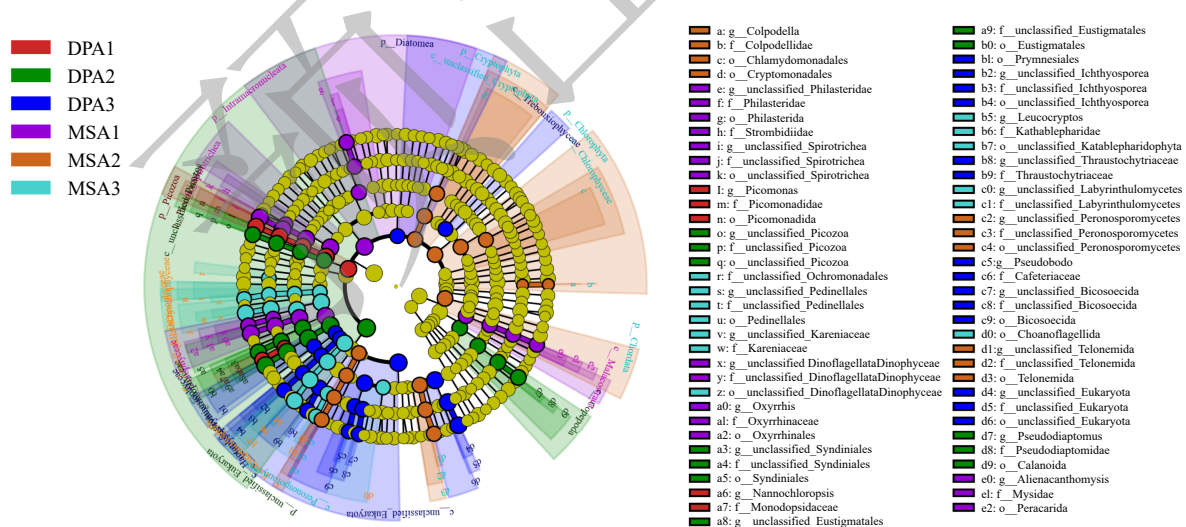


图 6 两个养殖阶段真核微生物差异物种进化分支图

Fig. 6 Cladogram of Eukaryotic Microorganisms differences at two cultivation stages on Cladogram

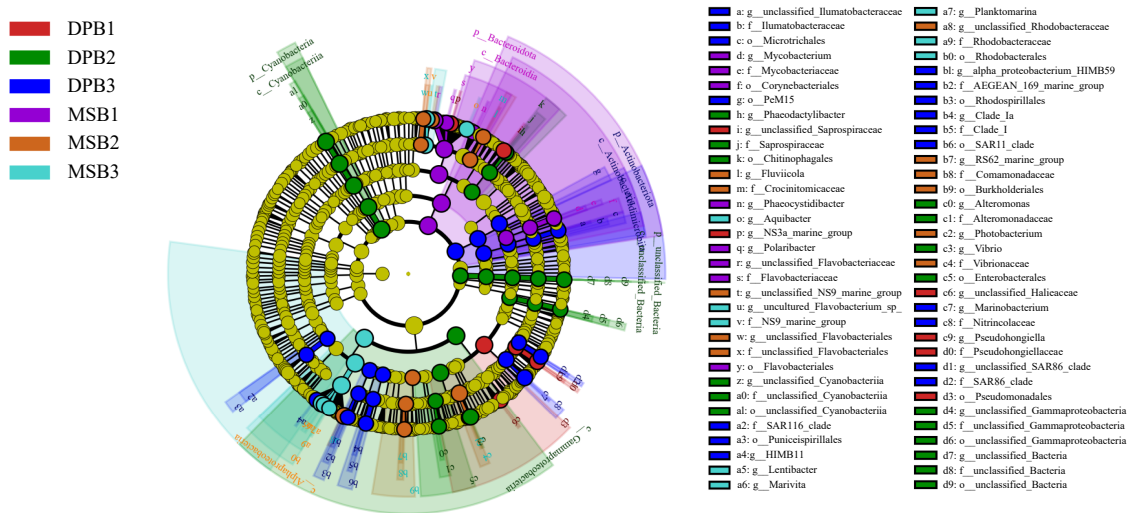


图 7 两个养殖阶段细菌差异物种进化分支图

Fig. 7 Cladogram of bacteria differences at two cultivation stages on Cladogram

菌分别为光照杆菌科 (Ilumatobacteraceae)、SAR116 类群科 (SAR116_clade)、 α -变形菌 HIMB59 属 (alpha_proteobacterium_HIMB59)、Ia 类群属 (Clade_Ia)、海杆菌属、未分类 SAR86 类群属 (unclassified_SAR86_clade)。

成体期, MSB1 的差异群落有 8 个, 其中显著富集的群落有棒杆菌目 (Corynebacteriales)、冷单胞菌科 (Cryomorphaceae), 其代表性差异菌分别为分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)、褐囊藻菌属 (*Phaeocystidibacter*); MSB2 的差异群落有 11 个, 其中显著富集的群落有黄褐菌科 (Crocinitomicaceae)、NS9 海洋类群科 (NS9_marine_group)、丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae)、弧菌科 (Vibrionaceae), 其代表性差异菌分别为河生菌属 (*Fluviicola*)、未分类 NS9 海洋类群属 (unclassified_NS9_marine_group)、RS62 海洋类群属 (RS62_marine_group)、发光杆菌属 (*Photobacterium*); MSB3 的差异群落有 8 个, 其中显著富集的群落有黄杆菌科、红杆菌科, 其代表性差异菌有慢生菌属 (*Lentibacter*)、海生菌属 (*Marivita*)、浮游海菌属 (*Planktomarina*)。

3.11 水质参数与微生物群落相关性分析

基于 db-RDA 分析推测各养殖池中水质参数与微生物群落关系。

在真核微生物群落的 db-RDA 图中 (见 图 8), CAP1 轴解释了真核微生物群落变异中 25.56% 的差异, CAP2 轴解释 11.78% 的差异, 前两轴累计解释 37.34% 的差异。样本呈现 DPA (幼苗期) 与 MSA (成体期) 的极显著分离, 这表明两个时期的真核微生物群落组成存在显著差异; DPA 占据 CAP1 正值区, DPA1、DPA2、DPA3 三者之间边界清晰; MSA 聚集

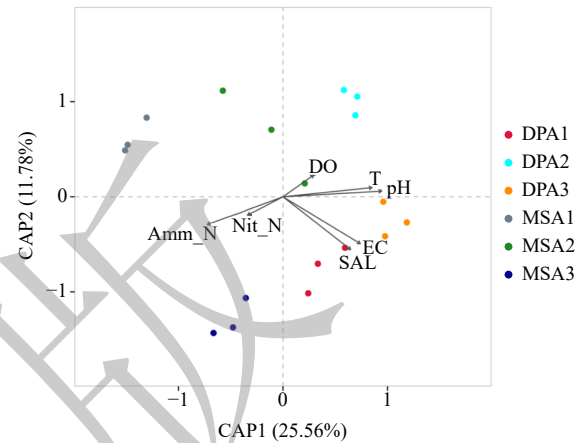


图 8 基于 db-RDA 分析的各养殖池真核微生物群落与水质参数关系图

Fig. 8 Diagram of the relationship between water quality parameters and Eukaryotic Microorganisms communities in each culture pond based on db-RDA analysis

于 CAP1 负值区, 对环境梯度的响应差异显著。幼苗期, DPA1 和 DPA3 分布于第四象限, DPA1 更靠近 EC (电导率)-SAL (盐度) 箭头方向, 反映盐度和电导率较高的微生物境; DPA3 稍偏离 EC-SAL 梯度, 处于 EC-SAL 与 T-pH 夹角内。DPA2 紧密贴合 DO (溶解氧) 箭头的延长方向, 且 pH、T (温度) 箭头同步指向右侧高值区。成体期, MSA1 围绕 EC-SAL (电导率-盐度) 梯度分布, MSA2 悬浮于 CAP2 上半轴附近, 沿着 EC-SAL 方向分布。MSA3 深植第三象限, 紧邻 Amm_N (氨氮)、Nit_N (亚硝酸盐氮) 箭头指向的左下方。

细菌群落的 db-RDA 图中 (见 图 9), CAP1 轴解释 18.7% 的差异, CAP2 轴解释 8.75% 的差异, 前两轴累

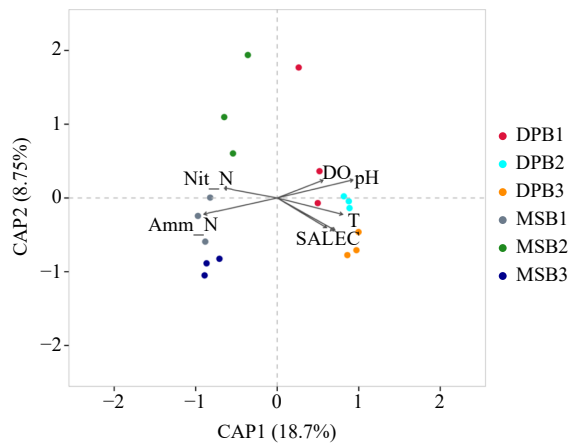


图9 基于 db-RDA 分析的各养殖池细菌群落与水质参数关系图

Fig. 9 Diagram of the relationship between water quality parameters and bacteria communities in each culture pond based on db-RDA analysis

计解释 27.45% 的差异。样本呈现 DPB(幼苗期)与 MSB(成体期)的显著分离; DPB 聚集于 CAP1 正值区, DPA1 和 DPB2 更紧密, DPA3 稍偏离; MSB 集中于 CAP1 负值区, MSB1 和 MSB3 聚集性强, MSB2 相对分散。幼苗期, DO(溶解氧)、pH、T(温度)箭头指向 DPB 聚类区, DPB1 基本垂直分布于 CAP1 轴, DPB2 聚集在 CAP2 轴上, 处于 T 和 pH 夹角内。DPB3(橙)偏离核心区, 位于 EC-SAL 箭头方向。成体期, Amm_N(氨氮)、Nit_N(亚硝酸盐氮)箭头直指 MSB 聚类区, MSB1 和 MSB3 围绕氮素梯度分布。MSB2 远离氮素箭头, 基本垂直分布于 CAP1 轴。

4 讨论

4.1 幼苗期微生态群落特征及其与水质状况的关联

水温、pH、溶解氧是水产养殖中的三大核心水质因子, 其稳定性直接影响到水生动物的生长代谢、免疫功能、摄食效率。水温通过影响海马的酶活性、呼吸速率、消化效率, 直接决定其生长速度与能量分配, 线纹海马适宜的水温范围是 22–28 °C(Lin Q, 2010)^[11], 适宜 pH 范围为 7.8–8.2, 但稳定性是核心需求。溶解氧是海马维持呼吸、代谢的直接能量来源, 海马无鳔, 需持续游动以保持浮力, 耗氧率高于普通鱼类, 且对溶氧波动的敏感度极高, 低氧或溶氧骤变均会快速引发应激(Qin G et al, 2014)^[2]。

幼苗期的水质参数与微生态群落的相关性分析可以看出, DPA 组(A/B/C 池)聚集于 db-RDA 图的 CAP1 正值区, 且 DPA2 紧密贴合溶解氧(DO)箭头延长方向, pH 与水温(T)箭头同步指向该区域, 表明幼

苗期真核微生物群落主要由光合自养主导, DO-pH-T 是 DPA 群落的核心驱动因子。结合物种组成, DPA 组以未分类真核生物、皮科动物门及真眼点藻目为主, 其中真眼点藻目为光合自养型藻类, 其在高温条件下光合活性会被抑制, 能量损耗会增加, 低温(15 °C)条件可以促进真眼点藻生长; 苏怡等(2017)进行不同氮源(硝酸钠、碳酸氢铵、尿素)对真眼点藻属生长的影响试验发现当硝酸钠为氮源时, 溶液 pH 保持在 7.0~8.0 之间, 碳酸氢铵、尿素为氮源时 pH 则显著降低至弱酸性(5.0–6.0), 这可能是成体期养殖池真眼点藻目丰度的下降原因^[12]; 皮科动物为微型真核生物, 其非极地类群可以适应寡营养环境(低氮素), 可在低营养盐条件下维持群落优势(Huber et al, 2024)^[13]。

幼苗期的细菌群落以适应寡营养环境的异养菌为主。DPB 组聚集于 db-RDA 图 CAP1 正值区, DO-pH-T 箭头直指 DPB 聚类中心, 表明细菌群落同样依赖该稳态环境。DPB 组以变形菌门和蓝细菌门为主, 其中变形菌门(如假单胞菌目)为寡营养异养菌, 可利用藻类分泌的 Extracellular polymeric substances(EPS)作为碳源, 无需依赖大量有机质(刘敏, 2017)^[14]; 蓝细菌门中许多为光合自养菌, 如原绿球藻属(*Synechococcus*)是海洋碳汇的重要组成部分, 能与藻类协同利用光能, 进一步维持水体 DO 稳定(焦念志和杨燕辉, 2002)^[15]。

此外, 该阶段较高的 pH 值和溶解氧以及较低的氮素可能进一步抑制了异养细菌的过度增殖, 减少了有机质分解带来的耗氧和有毒物质积累, 维持了系统的生态平衡。因此, 幼苗期的水质条件不仅支持了海马早期生长的需求, 也塑造了一个稳定、健康的微生态环境, 有利于构建以光合作为核心的生物地球化学循环体系。

4.2 成体期微生态群落特征及其与生长性能和水质状况的关联

对比三口成体期线纹海马养殖池, 发现生长情况最好的 F 池, 其水质情况却表现出低溶解氧, 高氮素, 这与我们的正常认知相悖, 高氮素-低溶解氧可能源于 F 池的海马生命活动较强, 养殖过程中残饵的分解及代谢废物的排放较另外两池多, 进而导致水体高氮素的产生, F 池的真核微生物优势类群(MSA3)凯伦藻科也提示该水体存在潜在的藻华风险^[16]; 为了探究生长优势与环境的关联, 我们需结合优势类群和富集类群进行分析。

F 池的真核微生物群落对应样本 MSA3, 优势类群为凯伦藻科, 显著富集类群有金藻纲、喜钟虫纲及

隐藻属。隐藻是一类重要的单细胞鞭毛藻,具有高效吸收氨氮的能力,且能通过光合作用释放氧气,可以缓解养殖水体高氨氮-低溶解氧的状况,因此隐藻的生长常被视为水质良好的标志(朱超等,2024)^[17];金藻多为单细胞或群体浮游藻类,具有体型小、细胞壁薄、营养丰富等特点,是虾蟹、贝类、鱼类幼体的天然饵料(常洪森,2022)^[18],同时刘雨佳等(2024)^[19]的研究表明,投喂活体金藻可显著提高菲律宾蛤仔幼虫的生长速度和存活率。F池细菌群落的对应样本为MSB3,优势类群为红杆菌科、慢杆菌属、拟杆菌门,显著富集类群为黄杆菌科、红杆菌科。红杆菌科是 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)下的一大类革兰氏阴性菌,多为兼性营养型,广泛分布于海水、淡水及底泥环境中,是水产养殖系统和自然水体的关键功能菌群之一,具有降解污染物,维持水体生态平衡的作用(李亚峰等,2019)^[20];拟杆菌门多为严格厌氧或兼性厌氧菌,是鱼虾等养殖动物肠道菌群的“优势类群”之一,其分泌的酶可帮助宿主分解饲料中难以自身消化的成分(Bilal et al,2019)^[21];红杆菌科(α -变形菌纲)部分类群具有硝化功能,可将有毒的亚硝酸盐氮转化为无毒的硝酸盐氮,降低氮素毒性;慢杆菌属为典型的寡营养-耐高盐菌株,可通过代谢有机碎屑维持水质清洁,避免碎屑堆积引发的病原菌滋生(Hahnke et al,2024)^[22],Cao等(2022)的研究也表明在饲料中添加红杆菌可提升中华绒螯蟹的生长率和抗病力^[23]。因此,F池的氨氮和亚硝酸盐氮浓度高但养殖的海马却未出现中毒症状可能是因为上述优势类群和富集类群通过调节养殖池水的理化性质及微生物群落结构、间接改善了养殖环境。

E池对应真核微生物样本MSA2,LEfSe分析显示,MSA2中显著富集顶复动物门及其代表性差异类群柱形虫属。虽然柱形虫属为自由生活或兼性寄生的类群(Chiu et al,2022)^[24],但其显著富集在E池中,可能附着于海马鳃丝、体表黏膜,破坏上皮细胞完整性,导致鳃部呼吸功能下降、体表抗感染能力减弱,抑制海马食欲,减少摄食量。MSA2还富集霜霉纲,该类群为异养腐生藻类,无光合作用能力,需通过分泌胞外酶降解水体有机质获取营养(Ahadi et al,2024)^[25],与细菌(如拟杆菌门)竞争残饵分解产物,导致残饵降解效率下降,有机质积累易引发水体“隐性污染”,间接影响海马生存环境。E池对应细菌样本MSB2,MSB2中拟杆菌门为门水平上的优势类群,弧菌属为属水平上的优势类群(显著高于D池、F池),二者存在显著的营养竞争。拟杆菌门依赖分泌胞外

水解酶降解残饵,而弧菌属可以通过更快的繁殖速率抢占残饵资源,导致拟杆菌门对残饵降解、氮素转化的功能被抑制,无法通过细菌群落将其转化为无害的硝酸盐氮,反而因弧菌代谢产生少量有毒中间产物。弧菌属中部分种类(如副溶血性弧菌、哈维氏弧菌)易引起海马等在海水环境中生活的生物体的一系列疾病,可引起皮肤溃疡、烂尾、烂鳍、出血等症状,导致养殖动物对外界反应迟钝,摄食率下降或停止摄食等(李莹等,2019;王春忠等,2017;刘文军等,2022)^[26-28]。此外,显著富集的RS62海洋类群属没有明确的水质调控功能,却占据大量生态位,进一步压缩有益菌的生存空间。

D池对应真核微生物样本MSA1,属水平上的优势类群为旋毛纲和尖尾藻属。尖尾藻属为甲藻门,虽能耐受高氮环境,但部分种类可产生藻毒素(如麻痹性贝毒),也是水产动物生物饵料的敌害生物之一(Nilajkar et al,2025;Simó et al,2009;Hantzsche & Borsma,2010)^[29-31],不过D池的尖尾藻属丰度(25.94%)还未对海马产生明显毒害。旋毛纲为异养纤毛虫,以细菌为食,可通过摄食部分有害细菌(如少量弧菌)维持群落平衡,但无光合作用能力,无法补充溶氧(Rekik et al,2025)^[32]。D池对应细菌样本MSB1,属水平上的优势类群为未分类黄杆菌科、分枝杆菌属及拟杆菌门。黄杆菌科可以降解有机碎屑,辅助拟杆菌门改善水质(Wang et al,2025)^[33];但分枝杆菌属部分种类为条件致病菌,可能在海马免疫力下降时引发疾病。Luis等(2014)在长吻海马分离出一株新分枝杆菌种,患病海马表现为尾部腐烂,严重者可断尾^[34]。不过D池溶解氧(4.49 ± 0.11 mg/L)为成体期最高,胡东等(2017)的研究表明环境因子COD/NO₃⁻、COD对水样中总细菌群落的影响最大且为正相关^[35],COD的值大则需要消耗更多的氧气,水中的DO将会变小,反之,高溶解氧则可以抑制水体中的大多数细菌增殖;同时可增强海马的免疫力,抑制分枝杆菌的致病效应。

4.3 两个养殖阶段的水质状况与微生物群落差异比较

基于结果分析和4.1、4.2的讨论,可知幼苗期与成体期在水质参数和微生物结构方面呈现显著差异,这些差异反映了线纹海马不同生长阶段的环境需求及生态调控机制。具体分析如下:

水质状况比较发现,幼苗期水温维持在 23.43 ± 0.29 °C,与成体期(22.54 ± 0.04 °C)存在显著性差异;幼苗期pH值偏碱性(7.99 ± 0.01),Zaluzniak等(2024)^[36]的研究表明该pH环境有利于光合自养藻类生长,同时

抑制异养细菌增殖,成体期 pH 值因代谢活动(如残饵分解、氨氮积累)略有下降,需通过微生物(如隐藻的光合产氧和氮吸收)调节使其维持在适宜范围;幼苗期溶解氧可实现自给自足,依赖藻类(如真眼点藻目)光合作用持续供氧,维持稳定的 DO 是幼苗生长的关键。但成体期养殖池养殖密度和有机负荷增加,水体中 DO 面临压力,仅通过自养藻类(如隐藻)进行光合作用和部分细菌(如红杆菌科、拟杆菌门)降解有机物减少耗氧难以维持平衡,需通过人工进行增氧;幼苗期氮素偏低,低氮环境可以抑制异养细菌过度增殖,减少有毒物质积累,成体期氮素显著升高,可通过向养殖池添加微生物群落(如添加隐藻吸收 NH_4^+ 、添加红杆菌科进行硝化作用)进行氮素转化,避免毒性的累积。

微生物群落结构中,真核微生物群落幼苗期藻类以光合自养型藻类为主(如真眼点藻目),主导碳源补充和氧供应,构建稳定的藻-菌群落结构;成体期转换为适应高有机物和氮素环境的类群(金藻纲、隐藻属、喜钟虫纲),兼具饵料功能(如金藻)和氮素调控功能(隐藻吸收氨氮)。细菌群落幼苗期以寡营养异养菌为主(如变形菌门),利用藻类分泌的 EPS 为碳源,协同藻类维持低氮、低负荷环境;成体期细菌群落功能多样化,核心类群包括红杆菌科(硝化功能)、拟杆菌门(残饵降解)、慢杆菌属(有机碎屑代谢),同时存在潜在风险菌群(如弧菌属),需防范致病风险。

4.4 氮素累积对微生物群落结构的影响

在水产养殖中,氨氮的累积主要源于动植物残体和粪便中有机氮的分解;亚硝酸盐氮则是氨氮氧化与硝酸盐氮还原的中间产物(朱俊鹏等, 2024)^[37]。从水质参数来看,成体期水体氨氮($2.57 \pm 0.69 \text{ mg/L}$)显著高于幼苗期($0.40 \pm 0.23 \text{ mg/L}$),亚硝酸盐氮也显著高于幼苗期($0.89 \pm 0.59 \text{ mg/L}$ vs $0.11 \pm 0.07 \text{ mg/L}$),这两个指标已超过正常溶解氧下幼苗期线纹海马养殖的安全浓度^[10]。然而,成体期养殖池的海马均表现为健康,未观察到明显应激或死亡现象,可能是海马养殖池水体盐度高及采样时水温较低导致,已有研究表明这些环境因素可降低氨氮和亚硝酸盐对鱼类的毒性。Jinnan L 等(2021)的研究发现中度高盐度应激有助于提高水产动物的氨氮耐受性^[38], Jr L 等(2011)的研究表明外部环境中的氯离子可通过与亚硝酸盐竞争进入鱼体的通道^[39],从而抵消亚硝酸盐的毒性;Kur M 等(2004)对对虾幼体的研究表明低温会降低氨氮的毒性,提高氨氮的安全浓度^[1]。

对于成体期水体氮素累积的现象,饵料转换(从

桡足类到冰冻糠虾)是一个重要因素。幼苗期时,海马对投喂的活体桡足摄食率高,且未被摄食的桡足可存活数小时,残饵量少;同时,桡足类的蛋白质结构易被水体微生物降解,不易形成氨氮积累。而成体期投喂的冰冻糠虾为“非活性饵料”,投喂后易下沉堆积,海马摄食率下降,残饵量显著增加;冰冻糠虾的蛋白质易发生部分变性,且缺乏高效降解冰冻糠虾残饵的功能类群,微生物降解需要消耗更多酶与时间,导致有机氮分解不彻底,氨氮生成量显著高于幼苗期。此外,随着海马的生长,其体质量增加、代谢速率加快、对蛋白质的摄入量增加,氨氮的排泄量增加。这与刘立明等(2013)发现在同一温度下,仿刺参的排便量和个体排便率随体质量增大而增加相似^[41]。

从藻类群落的物种组成来看,一方面,光合自养型藻类的优势类群存在显著差异,真眼点藻目丰度在幼苗期 DPA 中占比较高,而在成体期的 MSA 样本中未检出显著丰度。这可能是因为高氨氮($>2 \text{ mg/L}$)会抑制光合自养藻类的酶活性,降低光合效率;同时,氨氮在水体中会转化为 NH_3 (碱性条件下),对藻类细胞产生毒性,而真眼点藻目对 NH_3 的耐受阈值较低,因此在高氨氮环境中会丧失竞争优势导致丰度下降;另一方面,耐胁迫功能的异养/混合营养类群在成体期显著富集,如甲藻可以通过“储存氮素”(细胞内积累铵盐)来适应高氨氮环境(Hu et al, 2011)^[42],且部分甲藻(如尖尾藻)可异养摄食细菌,减少对光合的依赖(安鑫龙等, 2013)^[43];隐藻门可在低 pH(7.46~7.76)环境中高效吸收氨氮,且其藻胆蛋白可适应成体期“残饵遮光”的弱光环境(Greenwold et al, 2019)^[44];而成体期 E 池(31.07)与 F 池(35.74)的盐度波动则进一步筛选出旋毛纲等广盐性类群,导致 MSA 组内样本(MSA1/MSA2/MSA3)对环境梯度的响应差异显著。

从细菌群落的物种组成来看,成体期中拟杆菌门丰度显著高于幼苗期,蓝细菌门丰度显著低于幼苗期;拟杆菌门通过分泌“广谱胞外酶”(如蛋白酶、几丁质酶)降解冰冻糠虾残饵,将有机氮转化为无机氮,直接参与氮循环(王婷, 2019)^[45];红杆菌科(MSB3 丰度为 20.53%)部分类群具有硝化功能,可将氨氮降解;在张智超等(2017)的研究中,红球菌属(*Rhodococcus* sp.)的菌株可在 144 h 内将氨氮含量从 $1\ 033.8 \text{ mg/L}$ 降解至 10.3 mg/L ,氨氮降解率为 97.2%^[46]。蓝细菌门丰度低于幼苗期可能是在高氮环境下,异养细菌可以抑制蓝细菌的生长,但在营养贫乏条件下却能够抵抗并压制异养细菌(Svercel et al, 2019)^[47]。

因此,在线纹海马的养殖过程中,幼苗期养殖池

需要高溶解氧和低氮素的稳定环境, 可通过维持光照、控制水温、补充光合藻类、控制有机质输入以及避免 pH 波动等策略来促进线纹海马健康生长; 对于成体期代谢废物增加导致的水质恶化, 可通过优化投喂策略减少残饵、缩短换水周期、采用虹吸原理清理底泥, 吸附残饵以及引入高效降解菌(如拟杆菌门、红杆菌科)等方法来应对水体高氮素负荷。

5 结论

本研究发现, 线纹海马成体期养殖水体的氮素含量显著高于幼苗期。结合水体微生物群落结构分析可见, 藻菌群落呈现出从“光合自养主导”向“耐氮/异养降解主导”的结构与功能转变; 其中幼苗期依赖光

合自养藻类(真眼点藻目)与寡营养细菌(蓝细菌门)维持水质稳态, 成体期则通过拟杆菌门(残饵降解)、红杆菌科(氮转化)和耐氮藻类(隐藻属、金藻纲)适配高氮环境, 其中生长性能最好的优势类群组合为: 隐藻属-金藻纲-红杆菌科, 该组合可能有利于水质净化与海马生长。本研究对线纹海马转料期水质调控的关键靶点与功能类群进行了分析与探讨, 为优化线纹海马转料期水质调控的微生物管理策略、推动养殖产业的绿色可持续发展提供了重要的理论依据。然而, 本研究主要揭示了群落结构的阶段性差异及其环境关联, 尚未阐明其时间演替规律, 未来研究可以通过高时间分辨率的连续采样检测与更深入的机制解析, 进一步验证其动态关联。

参考文献:

- [1] CITES. Seahorses and other members of the family Syngnathidae (decision 12. 54)[R]. Report of the working group. AC20 Doc. 17. Convention on international trade in endangered species of wild fauna and flora (CITES), twentieth meeting of the animals committee Johannesburg (South Africa), 2004. (查阅网上资料, 未找到本条文献信息, 请确认)
- [2] Qin Geng, Zhang Yanhong, Huang Liangmin, et al. Effects of water current on swimming performance, ventilation frequency, and feeding behavior of young seahorses (*Hippocampus erectus*)[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2014, 461: 337-343.
- [3] 陈海生. 线纹海马工厂化人工繁育与养殖技术[J]. 中国水产, 2025(1): 27-29.
Chen Haisheng. Factory-scale artificial breeding and cultivation technology of *Hippocampus erectus*[J]. *China Fisheries*, 2025(1): 27-29. (查阅网上资料, 未找到本条文献英文信息, 请确认)
- [4] 张辉, 赵润怀, 段金殿, 等. 《中国药典》2020 年版药用动物养殖研究进展与对策[J]. 中国现代中药, 2022, 24(9): 1603-1611.
Zhang Hui, Zhao Runhuai, Duan Jin'ao, et al. Research progress and countermeasures of medicinal animal breeding in Chinese *Pharmacopoeia* (2020 edition)[J]. *Modern Chinese Medicine*, 2022, 24(9): 1603-1611.
- [5] 黄佳欣. 线纹海马 (*Hippocampus erectus*) 对关键饵料及环境因子的分子响应特征研究[D]. 天津: 天津农学院, 2020.
Huang Jiaxin. Studies of molecular responses of Lined seahorses, *Hippocampus erectus*, to essential foods and environmental factors[D]. Tianjin: Tianjin Agricultural University, 2020.
- [6] 李锋, 罗伟, 黄良民, 等. 线纹海马 (*Hippocampus erectus*) 不同养殖密度下水体理化因子和细菌数量的动态变化[J]. 广东农业科学, 2015, 42(2): 114-120.
Li Feng, Luo Wei, Huang Liangmin, et al. Dynamic variation of physicochemical factors and bacteria under different stocking densities of *Hippocampus erectus*[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2015, 42(2): 114-120.
- [7] 吕军仪, 孙燕燕, 李秉记, 等. 有益微生物在大海马健康养殖中的应用研究[J]. 中国水产科学, 2003, 10(1): 46-50.
Lv Junyi, Sun Yanyan, Li Bingji, et al. Application of profitable microbe in healthy cultivation of *Hippocampus kuda*[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2003, 10(1): 46-50.
- [8] Kapdan I K, Kargi F. Bio-hydrogen production from waste materials[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2006, 38(5): 569-582.
- [9] 张继红, 任丹丹, 姜玉声, 等. 微藻营养价值及其在水产生物营养强化中的应用[J]. 食品工业科技, 2016, 37(20): 371-376.
Zhang Jihong, Ren Dandan, Jiang Yusheng, et al. Microalgae in aquaculture: a review to nutritional value and rotifers enrichment[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2016, 37(20): 371-376.
- [10] 罗辉玉, 吴水清, 郑乐云, 等. 溶解氧对线纹海马幼鱼氨氮耐受性的影响及氨氮胁迫下鳃、肝脏组织结构的变化[J]. 生态学杂志, 2020, 39(3): 872-879.
Luo Huiyu, Wu Shuiqing, Zheng Leyun, et al. Effects of dissolved oxygen on tolerance of juvenile *Hippocampus erectus* to ammonia-N and histopathology of gill and liver under ammonia-N stress[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, 39(3): 872-879.
- [11] Lin Qiang, Lin Junda, Huang Liangmin. Effects of light intensity, stocking density and temperature on the air - bubble disease, survivorship and growth of early juvenile seahorse *Hippocampus erectus* Perry, 1810[J]. *Aquaculture Research*, 2010, 42(1): 91-98.
- [12] 苏怡, 高保燕, 黄罗冬, 等. 不同氮源及氮浓度对真眼点藻纲微藻生长及油脂积累的影响[J]. 水生生物学报, 2017, 41(3): 677-691.
Su Yi, Gao Baoyan, Huang Luodong, et al. Effects of different nitrogen source and concentration supplies on the growth and lipid accumulation of eustigmatophycean microalgae[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2017, 41(3): 677-691.
- [13] Huber P, De Angelis D, Sarmiento H, et al. Global distribution, diversity, and ecological niche of Picozoa, a widespread and enigmatic marine protist lineage[J]. *Microbiome*, 2024, 12(1): 162.

- [14] 刘敏. 基于基因组学的假交替单胞菌属不同种的多糖降解和代谢途径的比较研究[D]. 济南: 山东大学, 2017.
Liu Min. Genomic insights into polysaccharides degradation and metabolic pathways of different species in *Pseudoalteromonas* genus[D]. Jinan: Shandong University, 2017.
- [15] 焦念志, 杨燕辉. 中国海原绿球藻研究[J]. 科学通报, 2002, 47(7): 485-491.
Jiao Nianzhi, Yang Yanhui. Ecological studies on *Prochlorococcus* in China seas[J]. Chinese Science Bulletin, 2002, 47(15): 1243-1250.
- [16] 王建艳, 何建宗, 齐雨藻, 等. 甲藻 (Dinophyta) 凯伦藻科 (Kareniaceae) 的分类学研究及展望[J]. 海洋与湖沼, 2017, 48(4): 786-797.
Wang Jianyan, He Jianzong, Qi Yuzao, et al. Progress in taxonomy study on Kareniaceae (Dinophyta)[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2017, 48(4): 786-797.
- [17] 朱超, 孙逊, 杨晓冉, 等. 巢湖浮游植物群落季节动态变化特征及其影响因素[J]. 中国环境监测, 2024, 40(4): 129-142.
Zhu Chao, Sun Xun, Yang Xiaoran, et al. Study on the seasonal succession of phytoplankton community and its driving factors in Chaohu Lake[J]. Environmental Monitoring in China, 2024, 40(4): 129-142.
- [18] 常洪森. 金藻和小球藻在虹鳟饲料中的应用研究[D]. 大连: 大连海洋大学, 2022.
Chang Hongmiao. Study on *Poterioochromonas malhamensis* and *Chlorella sorokiniana* in the diets of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[D]. Dalian: Dalian Ocean University, 2022.
- [19] 刘雨佳, 唐保军, 魏涛, 等. 不同形态金藻对菲律宾蛤仔幼虫生长发育的影响[J]. 海洋科学, 2024, 48(9): 44-51.
Liu Yujia, Tang Baojun, Wei Tao, et al. Effects of different forms of *Isochrysis galbana* on the growth and development of *Ruditapes philippinarum* larvae[J]. Marine Sciences, 2024, 48(9): 44-51.
- [20] 李亚峰, 李旭光, 单连斌, 等. 不同填料对 AA-MBBR 系统处理效果及菌群多样性影响[J]. 工业水处理, 2019, 39(1): 73-77.
Li Yafeng, Li Xuguang, Shan Lianbin, et al. Influence of different fillers on the treatment effect and flora diversity of AA-MBBR systems[J]. Industrial Water Treatment, 2019, 39(1): 73-77.
- [21] Bilal M, Ashraf S S, Barceló D, et al. Biocatalytic degradation/redefining “removal” fate of pharmaceutically active compounds and antibiotics in the aquatic environment[J]. Science of the Total Environment, 2019, 691: 1190-1211.
- [22] Hahnke S, Giebel H A, Freese H M, et al. Biogeography of *Lentibacter algarum*, description of a new strain isolated from the North Sea and emended genus and species descriptions[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2024, 74(7): 006472.
(查阅网上资料, 不确定本条文献页码是否正确, 请确认)
- [23] Cao Haipeng, Zhang Shumeng, An Jian, et al. *Rhodobacter azotoformans* supplementation improves defense ability of Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis* against citrobacteriosis[J]. Fish & Shellfish Immunology, 2022, 131: 991-998.
- [24] Chiu H C, Sun Xiaoshuang, Bao Yinli, et al. Molecular identification of *Colpodella* sp. of South China tiger *Panthera tigris amoyensis* (Hilzheimer) in the Meihua Mountains, Fujian, China[J]. Folia Parasitologica, 2022, 69: 019.
- [25] Ahadi R, Bouket A C, Alizadeh A, et al. *Globisporangium tabrizense* sp. nov., *Globisporangium mahabadense* sp. nov., and *Pythium bostanabadense* sp. nov. (Oomycota), three new species from Iranian aquatic environments[J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 31701.
- [26] 李莹, 王波, 张培玉, 等. 哈维氏弧菌引起的条纹海马表皮溃疡综合征的研究[J]. 水产学报, 2019, 43(5): 1298-1307.
Li Ying, Wang Bo, Zhang Peiyu, et al. Research on epidermis ulcer syndrome caused by *Vibrio harveyi* in *Hippocampus erectus*[J]. Journal of Fisheries of China, 2019, 43(5): 1298-1307.
- [27] 王春忠, 孙富林, 侯代云, 等. 基于浒苔暴发海水池塘的微生物生态特征研究[J]. 海洋学报, 2017, 39(4): 107-116.
Wang Chunzhi, Sun Fulin, Hou Daiyun, et al. Study on the microbial characteristics of seawater pond based on *Enteromorpha* bloom[J]. Haiyang Xuebao, 2017, 39(4): 107-116.
- [28] 刘文军, 尚东维, 于小涵, 等. 线纹海马副溶血弧菌的分离鉴定及药物筛选[J]. 天津农学院学报, 2022, 29(1): 52-56,60.
Liu Wenjun, Shang Dongwei, Yu Xiaohan, et al. Isolation, identification and antibiotic susceptibility testing of *Vibrio parahaemolyticus* from *Hippocampus erectus*[J]. Journal of Tianjin Agricultural University, 2022, 29(1): 52-56,60.
- [29] Nilajkar S, Gauns M, Pratihary A, et al. Phytoplankton community in contrasting hydrological features of the tropical meandering river Chapora, Central West Coast of India[J]. Estuaries and Coasts, 2025, 48(2): 50.
- [30] Saló V, Simó R, Vila-Costa M, et al. Sulfur assimilation by *Oxyrrhis marina* feeding on a ³⁵S-DMSP-labelled prey[J]. Environmental Microbiology, 2009, 11(12): 3063-3072.
- [31] Hantzsche F M, Boersma M. Dietary-induced responses in the phagotrophic flagellate *Oxyrrhis marina*[J]. Marine Biology, 2010, 157(7): 1641-1651.
- [32] Rezik A, Kmiha-Megdiche S, Drira Z, et al. Spatial variations of planktonic ciliates, predator-prey interactions and their environmental drivers in the Gulf of Gabes-Boughrara lagoon system[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2021, 254: 107315.
- [33] Wang Haohao, Liu Jiahui, Guo Yifan, et al. Taxonomic, genomic, and ecological insights into a novel *Flavobacteriaceae* strain from coastal tidal flats[J]. BMC Microbiology, 2025, 25(1): 344.
- [34] Balcázar J L, Planas M, Pintado J. *Mycobacterium hippocampi* sp. nov., a rapidly growing scotochromogenic species isolated from a seahorse with tail rot[J]. Current Microbiology, 2014, 69(3): 329-333.
- [35] 胡东, 王丽萍, 赵苒, 等. 福建漳浦凡纳滨对虾海水养殖中后期水体细菌群落多样性分析[J]. 海洋学报, 2017, 39(8): 89-98.
Hu Dong, Wang Liping, Zhao Ran, et al. The diversity changes of bacterial community in mariculture water of *Litopenaus vannamei* at Zhangpu, Fujian Province[J]. Haiyang Xuebao, 2017, 39(8): 89-98.

- [36] Zaluzniak V E, Zolotov O A. Mathematical model of closed microecosystem “algae–heterotrophic bacteria”[J]. *Mathematical Biology and Bioinformatics*, 2024, 19(1): 96–111.
- [37] 朱俊鹏, 陆根海, 施永海, 等. 氨氮和亚硝酸盐氮对美洲鲟幼鱼的急性胁迫研究[J]. 水产养殖, 2024, 45(6): 24–29.
Zhu Junpeng, Lu Genhai, Shi Yonghai, et al. Ammonia and nitrite acute stress test on the *Alosa Sapidissima* larvae[J]. *Journal of Aquaculture*, 2024, 45(6): 24–29.
- [38] Long Jinnan, Cui Yanting, Wang Renjie, et al. Combined effects of high salinity and ammonia-N exposure on the energy metabolism, immune response, oxidative resistance and ammonia metabolism of the Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei*[J]. *Aquaculture Reports*, 2021, 20: 100648.
- [39] Lewis W M Jr, Morris D P. Toxicity of nitrite to fish: a review[J]. *Transactions of the American Fisheries Society*, 1986, 115(2): 183–195.
- [40] Kir M, Kumlu M, Eroldoğan O T. Effects of temperature on acute toxicity of ammonia to *Penaeus semisulcatus* juveniles[J]. *Aquaculture*, 2004, 241(1/4): 479–489.
- [41] 刘立明, 王爱敏, 王勇强, 等. 温度和体质量对仿刺参消化道排空时间和排便量的影响[J]. 海洋科学, 2013, 37(9): 43–48.
Liu Liming, Wang Aimin, Wang Yongqiang, et al. Influence of temperature and body weight on the emptying time of digestive duct and feces quantity of *Apostichopus japonicus* (Selenka)[J]. *Marine Sciences*, 2013, 37(9): 43–48.
- [42] Hu Zhangxi, Mulholland M R, Duan Shunshan, et al. Effects of nitrogen supply and its composition on the growth of *Prorocentrum donghaiense*[J]. *Harmful Algae*, 2012, 13: 72–82.
- [43] 安鑫龙, 李雪梅, 宫春光. 海洋尖尾藻的生态特征[J]. 上海海洋大学学报, 2013, 22(3): 364–369.
An Xinlong, Li Xuemei, Gong Chunguang. Research progress on ecological characteristics of *Oxyrrhis marina*[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2013, 22(3): 364–369.
- [44] Greenwold M J, Cunningham B R, Lachenmyer E M, et al. Diversification of light capture ability was accompanied by the evolution of phycobiliproteins in cryptophyte algae[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2019, 286(1902): 20190655.
- [45] 王婷. 两株溶杆菌属细菌 (*Lysobacter* spp.) 的次生代谢产物及活性研究[D]. 昆明: 云南大学, 2019.
Wang Ting. Studies on the secondary metabolites and activities of two strains from the genus *Lysobacter*[D]. Kunming: Yunnan University, 2019.
- [46] 张智超, 孙宏, 吴逸飞, 等. 基于 PCR-DGGE 技术辅助筛选氨氮降解菌株[J]. 浙江农业学报, 2017, 29(2): 286–291.
Zhang Zhichao, Sun Hong, Wu Yifei, et al. PCR-DGGE assisted selection of ammonia degrading bacteria[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2017, 29(2): 286–291.
- [47] Svercel M, Saladin B, van Moorsel S J, et al. Antagonistic interactions between filamentous heterotrophs and the cyanobacterium *Nostoc muscorum*[J]. *BMC Research Notes*, 2011, 4(1): 357.

Stage-Dependent Variation and Association of Microecological Diversity and Water Quality in Static Culture Systems of *Hippocampus erectus*

Zou Wenzheng^{1,2}, Meng Chunlin^{1,2}, Huang Wenshu^{1,2}, Li Zhongqin^{1,2}, Yang Qiuhua³

(1. College of Fisheries, Jimei University, Xiamen, Fujian 361021, China; 2. Key Laboratory of Healthy Mariculture in the East China Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Xiamen, Fujian 361000, China; 3. Fujian Fisheries Research Institute, 361000, China)

Abstract: *Hippocampus erectus* is one of the major seahorse species cultured in China. However, high mortality frequently occurs during the feeding transition period, largely driven by fluctuations in water environmental factors. To date, the microecological diversity and water quality characteristics of its culture system remain poorly understood. In this study, cultivation water from *H. erectus* was investigated across two developmental stages surrounding the feeding transition period, namely the larval stage and adult stage. Growth performance parameters of seahorses and key physicochemical indices of water quality were systematically measured. High-throughput sequencing based on 16S rRNA and 18S rRNA genes was employed to comparatively characterize the community structure and diversity of bacterial and eukaryotic microorganisms, respectively. Furthermore, multivariate statistical analyses were conducted to elucidate the relationships between water quality parameters and microecological communities (represented by bacterial and eukaryotic microbial assemblages). The results showed that ammonia nitro-

gen ($\text{NH}_3\text{-N}$) and nitrite nitrogen ($\text{NO}_2\text{-N}$) concentrations were significantly higher in the adult-stage cultivation water than in the larval stage. Microecological analysis revealed that photosynthetic autotrophic algae (unclassified_Eustigmatales) and oligotrophic-adapted bacteria (unclassified_Cyanobacteria) dominated during the larval stage. Following the feeding transition, the eukaryotic microbial community shifted toward stress-tolerant taxa (*Oxyrrhis*), while the bacterial community transitioned to nitrogen-tolerant and heterotrophic degrading groups (unclassified_Rhodobacteraceae, *Lentibacter*). These findings demonstrate a clear succession of microbial communities in response to water quality changes during the feeding transition period. This study reveals the changes in the microbial community structure of aquaculture water during the feed transition in the *Hippocampus erectus* and their correlations with water quality factors. The findings provide a theoretical basis and practical pathways for developing microecological regulation strategies during this period, and contribute to the sustainable development of seahorse aquaculture.

Key words: *Hippocampus erectus*; feeding transition period; water quality parameters; microecological community structure

