

# 黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)“红头病”病原菌 迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)的分离及鉴定\*

邓先余<sup>1,2</sup> 罗文<sup>2,3</sup> 谭树华<sup>1</sup> 邱山红<sup>4</sup> 陈康贵<sup>1</sup>

(1. 湖南科技大学生命科学院 湘潭 411201; 2. 浙江大学动物科技学院 杭州 310058;  
3. 绍兴文理学院生命科学院 绍兴 312000; 4. 湖南省怀化市第三中学 怀化 418000)

**提要** 用 ATB 微生物自动鉴定系统对分离自湖南湘潭地区人工养殖的患“红头病”的黄颡鱼体内的 2 株细菌(即 HN004 和 HN005)进行了鉴定,发现它们的生理生化特征完全相同,均为革兰氏阴性短杆菌、接触酶阳性、吲哚阳性、H<sub>2</sub>S 阳性;氧化酶阴性、V.P 测定为阴性,与迟钝爱德华氏菌的表型特征非常相似。为进一步确定 2 株菌的分类学地位,测定了其 16S rRNA 基因序列,分析了相关细菌相应序列的同源性,构建分子系统发育树。结果表明,2 菌株的序列完全一致,与迟钝爱德华氏菌的亲缘关系最近,相似性为 99.0%。综合上述结果,2 菌株可鉴定为迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)。

**关键词** 黄颡鱼,红头病,迟钝爱德华氏菌,分离,鉴定

**中图分类号** S942

黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)是一种名贵的淡水经济鱼类,俗称黄腊丁、黄鼓鱼、黄鸭叫等,其肉质细嫩,无肌间刺,多脂肪,其中蛋白质含量为 15.37%,脂肪为 16.1%,17 种氨基酸总量达 14.79%,具有很高的营养价值(黄峰等,1999);同时因其肉性味甘、平,有祛风、利尿之功效,可用以主治疗水肿、喉痹肿痛等症,有一定的药用价值,深受消费者青睐。由于自河流湖泊中捕捞的产量难以满足市场需求,黄颡鱼的人工养殖几年前在全国各地悄然兴起。近年来由于养殖规模的扩大和养殖密度的提高,黄颡鱼出现了各种疾病,如病毒病、细菌病和寄生虫病,导致严重的经济损失(王文彬等,2001;冯辉等,2002;吴萍等,2003)。2007 年作者从湖南湘潭地区患“红头病”的养殖黄颡鱼体内分离到 2 株细菌 HN004 和 HN005。2 株细菌对黄颡鱼具有致病性,主要症状为病鱼头顶充血、出血、发红,在颅骨正上方出现出血性溃疡带,严重时头顶穿孔,头盖骨裂开,甚至露出脑组织。用 ATB 微生物自动鉴定系统对它们进行鉴定,结果为

迟钝爱德华氏菌。为进一步确定 2 株菌的分类学地位,测定其 16S rRNA 基因序列,并做系统发育分析。结果表明 2 株菌均可鉴定为迟钝爱德华氏菌。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

**1.1.1 菌株、黄颡鱼** 菌株分离自典型“红头病”症状的黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*);试验用黄颡鱼来自湖南湘潭某黄颡鱼养殖场。

**1.1.2 试剂** *Taq* DNA 聚合酶、dNTPs、DL2000 分子量标准购自 Takara 公司;PCR 产物纯化试剂盒购自上海生工公司,pGEM-T 载体试剂盒购自 Promega 公司;*E. coli* TG1 由本实验室保存。

**1.1.3 自动微生物鉴定系统** 革兰氏阴性杆菌鉴定条 ID32 GN 和 ATB 微生物自动鉴定系统,均为法国生物-梅里埃公司(bioMérieux)产品。

### 1.2 方法

**1.2.1 自然病例检验** 对自然病例进行发病情况、

\* 湖南省教育厅资助项目, B30512 号;湖南科技大学博士基金资助项目, E50437 号。邓先余, 博士, 副教授, E-mail: dengxy1008@yahoo.com.cn

收稿日期: 2007-09-27, 收修改稿日期: 2007-11-15

临床特征及主要病理变化的检验,同时取其病变材料做细菌分离与鉴定。

**1.2.2 细菌分离与鉴定** 分别从湖南湘潭县和湘乡县的黄颡鱼养殖场,挑取具有典型“红头病”症状的黄颡鱼,用70%酒精消毒体表,以无菌操作取病鱼的肝、消化道、脑等组织,分别用无菌剪刀将组织剪碎后用无菌匀浆器匀浆,在普通琼脂培养基平板上涂布接种,将平板置于28℃下培养18—24h,挑取形态一致的优势菌落,进一步划线纯化,经纯化培养后转接到斜面培养基上,冷冻干燥,-20℃保存、备用。

**1.2.3 致病力检验** 参考张晓君等(2005)的方法,择上述经纯化后的菌株,对健康黄颡鱼做人工感染试验,观察其感染后的发病与死亡情况,以复制出同自然病例样的感染症并能重新分离出相同感染菌作为病原菌的判定指标。

**1.2.4 形态观察及生理生化实验** 显微镜下观察个体形态、大小和鞭毛。按《伯杰鉴定细菌学手册》(第9版)(Holt *et al.*, 1994)的方法对细菌进行常规分类,同时用ATB微生物自动鉴定系统鉴定。

**1.2.5 16S rRNA 基因序列的PCR扩增、连接与测序** 扩增16S rRNA基因的正向引物为F:5'-AGAGTTTGATC(C/A)TGGCTCAG-3'(对应于*E. coli* 16S rRNA基因的第8—27个碱基位置),反向引物为R:5'-TACGG(C/T)TACCTTGTTACGACTT-3'(对应于*E. coli* 16S rRNA基因的第1492—1510个碱基位置)。50μl PCR反应体系内含:3.0μl 10× buffer [100mmol/L Tris-HCl (pH 9.0), 500mmol/L KCl, MgCl<sub>2</sub> 15mmol/L, 1% Triton-X100], 引物各0.5μmol/L, dNTPs各250μmol/L, Taq DNA聚合酶2U, 模板DNA约50ng。反应在热循环仪上进行,循环参数为:94℃ 5min、94℃ 60s、50℃ 45s、72℃ 90s,循环30次;72℃延伸10min。反应完毕分别取6μl进行0.8%琼脂糖凝胶电泳,凝胶成像系统下分析结果。PCR扩增产物经DNA纯化系统(上海生工公司)纯化后,取经纯化的PCR产物与pGEM-T载体进行连接,转化感受态*E. coli* TG1。按照pGEM-T载体系统操作手册进行。随机挑选圆滑的白色菌落,提取质粒,送上海生工公司进行DNA测序。

**1.2.6 序列分析及数据处理** 利用BLAST在线同源性查询软件查询所测菌株HN004的16S rDNA序列的属性,将其与从GenBank数据库中获得的爱德华氏菌属细菌及其他亲缘关系相近的属种的16S rDNA,采用Clustal W1.8软件进行多序列匹配排列

(Multiple Alignments),用系统发生推断软件包MEGA 3.1进行系统发育分析。在Kimura-2-parameter模型的基础上,用Neighbor-joining法构建分子系统树,自举分析(Bootstrap)1000次重复检测分子系统树的置信度,缺失和不确定的位点在计算中被省略。

**1.2.7 核酸序列登录号(Accession number)** 用于构建分子系统树的其他相关菌株的数据与登录号见图2。

## 2 结果

### 2.1 发病情况及临床特征

于2007年4—7月间,先后对在湖南湘潭县和湘乡县黄颡鱼养殖场自然发生的2起发生于不同月龄的黄颡鱼病例进行了检验,大多数病鱼在临床症状上主要表现为:发病初期病鱼离群独游、反应迟钝,食欲减退或废绝。病鱼出现头朝上尾朝下,悬垂于水中的特殊姿势,有时呈螺旋状游动,最后沉入水底死亡。病鱼腹部膨大,鳍条基部、下颌、鳃盖、腹部可见到细小的充血、出血斑,肛门及生殖孔充血、出血、外突。腹腔肿大,内有大量含血液体,肝肿大,上有出血点或出血斑;肾脾肿大充血,颜色灰黑。肠道充血、发炎,腔内充满气体和浅黄色水样液体。后期病鱼头顶部充血、出血、发红,在颅骨上方形成出血性溃疡带,严重时头顶穿孔,颅骨裂开,甚至露出脑组织,因此,当地养殖户又称该病为“红头病”。

### 2.2 细菌分离

择上述2起病例15尾被检病(死)鱼的肝、肠、脑等材料做细菌分离,结果均分离到数量不等但均为多量且纯一的同种细菌的菌落,28℃培养24h的菌落特征为在普通营养琼脂上呈圆形光滑、透明或半透明、边缘整齐、无色或灰白色、直径多在0.5mm左右。分别取2个养殖场的病鱼脑组织分离菌的一个菌落,移接于普通营养琼脂斜面28℃培养24h做纯培养2株,编号为HN004和HN005,4℃冰箱保存供鉴定用。

### 2.3 感染试验

取上述分离得到的2菌株用于感染试验,方法是供试菌株分别接种于普通营养肉汤28℃培养18h,摇动混匀作为供试菌液分别经腹腔、背鳍基部肌肉注射接种体长10cm左右的健康黄颡鱼(每尾0.25ml)后分别养殖于水族箱,每批次试验做相应的无菌普通营养肉汤对照,感染的结果描述如下。

黄颡鱼感染后多在3—5d内发病死亡,剖检可见同自然病例样的病变。对照的每批10尾腹腔接种、

10 尾肌注射接种鱼共养殖观察 10d 均正常存活。对每个菌株经不同途径感染死亡的黄颡鱼,均在剖检病变后取 2 尾(腹腔、肌注各 1 尾)的肝脏为材料,做抹片经革兰氏染色镜检及用普通营养琼脂做细菌分离,结果均能在染色片中发现多量同自然病例染色片的细菌并能分离回收大量单一感染菌,分别用分离回收菌做纯培养,对健康黄颡鱼进行重复感染,也得到同自然病例样的病变,证实此 2 株菌为黄颡鱼“红头病”的病原菌。

#### 2.4 形态及菌落特征

分别取 2 株菌的普通营养琼脂斜面 28 的 24h 培养物,制备相应涂片后经革兰氏染色镜检,结果均为革兰氏染色阴性、直径约 1 $\mu$ m,长 2—3 $\mu$ m,形态与菌落特征等与在相应病料(肝、脑)中的相一致。

#### 2.5 生理生化特性

根据 ATB 系统反应结果(表 1),得知菌株 HN004 和 HN005 的生理生化特征完全相同,均为接触酶阳性、吲哚阳性、H<sub>2</sub>S 阳性、赖氨酸及鸟氨酸脱羧酶阳性;氧化酶阴性、V.P 测定为阴性;利用麦芽糖、D-甘露糖和 D-葡萄糖产酸,蔗糖、乳糖和阿拉伯糖不产酸,与迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)的表型特征非常相似。

#### 2.6 16S rRNA 基因序列的测序及系统发育分析结果

为了进一步确定菌株 HN004 和 HN005 的分类学位置,测定了其 16S rRNA 基因序列。包括引物结合区,2 株菌所获得的 16S rRNA 基因序列长度均为

1508bp,二者序列完全一致(图 1)。

选取 HN004 为代表来构建系统发育树。将 HN004 的 16S rRNA 基因在 NCBI 中进行同源性检索,发现 HN004 及与爱德华氏菌属细菌的 16S rDNA 序列自然聚类。在最相近的 100 个序列中,爱德华氏菌属细菌占 80%,HN004 与它们的同源性为 95.3%—99.0%;因爱德华氏菌属细菌只有 3 个种,且上述的 100 个序列大部分为未经纯化培养的爱德华氏菌属细菌的 16S rDNA 序列,故从 100 个序列中选取 3 个已经鉴定到种的爱德华氏菌属细菌菌株及与其亲缘关系较近肠杆菌科其他属细菌的 16S rRNA 基因序列,并以荧光假单胞菌(*Pseudomonas fluorescens*)为外群,进行分子系统发育分析,结果如图 2 所示:HN004 与迟钝爱德华氏菌[*Edwardsiella tarda* (EU121410)]聚成一支,二者遗传距离约为 0.003,序列相似性达 99.0%,表明 HN004 与迟钝爱德华氏的亲缘关系最近。

### 3 讨论

从患“红头病”的黄颡鱼的不同组织中分离筛选出 2 株优势菌,即 HN004 和 HN005,对 2 株菌进行了分类鉴定。革兰氏染色为阴性,ATB 微生物自动鉴定系统结果表明菌株 HN004 和 HN005 均为接触酶阳性、吲哚阳性、H<sub>2</sub>S 阳性、赖氨酸及鸟氨酸脱羧酶阳性;氧化酶阴性、V.P 测定为阴性;利用麦芽糖、D-甘露糖和 D-葡萄糖产酸,蔗糖、乳糖和阿拉伯糖不产

表 1 用 ATB 微生物自动鉴定系统鉴定菌株 HN004 和 HN005 的结果

Tab.1 The identification results of Strain HN004 and HN005 by ATB Microbiology Automatic Identification System

性状	结果	性状	结果	性状	结果
革兰氏染色(24h)	-	氧化酶(24h)	-	吲哚	+
甲基红	+	V-P	-	柠檬酸盐(Simmons)	-
硫化氢	+	脲酶水解	-	苯丙氨酸脱氨酶(24h)	-
赖氨酸脱羧酶	+	精氨酸双水解酶	-	鸟氨酸脱羧酶	+
运动性	+	明胶液化(22 )	-	KCN 生长	-
丙二酸利用	-	D-葡萄糖产酸	+	D-葡萄糖产气	+
卫矛醇产酸	-	D-拉伯糖产酸	-	纤维二糖产酸	-
D-阿东醇产酸	-	水杨苷产酸	-	间-肌醇产酸	-
乳糖产酸	-	麦芽糖产酸	+	D-甘露糖产酸	+
D-甘露醇产酸	-	蜜二糖产酸	-	-甲基-D-葡萄糖苷产酸	-
棉子糖产酸	-	L-鼠李糖产酸	-	柳醇产酸	-
D-山梨醇产酸	-	蔗糖产酸	-	海藻糖产酸	-
D-木糖产酸	-	粘质酸盐产酸	-	L-阿拉伯糖	-
黄色素	-	接触酶	+	硝酸盐还原	+
ONPG	-	脂酶	-	七叶灵水解	-

agagtttgatcctggctcagattgaacgctggcggcagccttaacacatgcaagtcgagcggtagtcgggagaagcttgcttctccgctga  
 cgagcggcggacgggtgagttgtctctgggatctgctgatggaggggataactactggaaacggtagctaatacccataacgctgca  
 agaccaaagtggggaccttcgggcctcatgccatcagatgaaccagatgggattagctagtagtggtgggtaatggctcacctaggcgac  
 gatccctagctgctgagaggtgaccagccactggaactgagacacggctccagactctacgggagggcagcagtggggaatattgc  
 acaatgggcgcaagcctgatgagcctgcccgtgtatgaagaagccttcgggttgtaaaactttcagtaaggaggaagggtgtaaacg  
 ttaatagcgtcacaattgagattacacagaagaagcaccggcctaactccgtgcccagcagccggttaatacggagggtgcaagcgtaa  
 atcggaattactggcgtaaagcgcacgagggcgtttgtaagtggatgtgaaatccccgggcttaactgggaactgcatccaagactgg  
 caagctagagtctctagagggagtagaattccaggtgtgagcgggtgaaatcgctagagatctggaggataaccgggtggcgaaggcgcc  
 tctggacgaagactgacgctcaggtgcgaaagcgtggggagcaaacagattagataccctgtagtccacgctgtaaacgatgtcgatt  
 ggaggttgcgcccttgaggcgtggcttccaagctaacgcgttaaatcgaccgcctggggagtacggccgcaaggttaaaactcaaatgaa  
 ttgacggggcccgcacaagcgggtggagcatgtggttaattcgtgcaacgcaagaaccttactactttgacatccagcgaatcctgtt  
 gagatagggagtgccttcgggaacgctgagacaggtgctgcatggctgtcgtcagctcgtgtgtgaaatgttgnttaagtcccgaacg  
 agcgaacccttatccttggccagcggctcggcgggaactcaagagactgccagtataaactggaggaggggtggggatgacgtc  
 aagtcacatggcccttacgagtagggtacacacgtgctacaatggcgtatacaagaagaagcgaactcgcgagagcaagcgacccat  
 aaagtacgtcgtagtcggattggagctgcaactcactccatgaagtcggaatcgtagtaatcgtggatcagaatccacgggtgaatac  
 tccccggccttgacacaccgccgcacacatgggagtggttgcaaaagaagtaggtagcttaaccttcggaggggcgttaccacttt  
 gtgattcatgactgggtgaagtcgtaacaaggtagccgta

图 1 黄颡鱼“红头病”病原菌株 HN004 和 HN005 的 16S rDNA 序列  
 Fig.1 The 16S rDNA sequence of the pathogenic strain HN004 and HN005 to *P. fulvidraco*

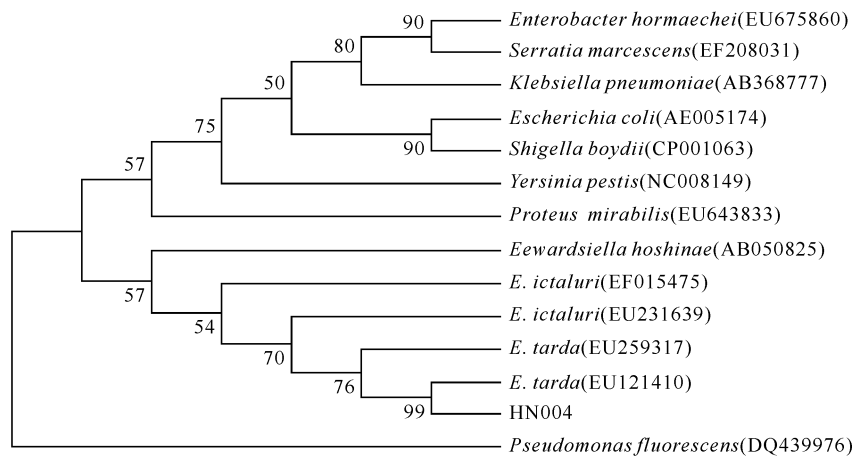


图 2 菌株 HN004 的 16S rRNA 基因序列分子系统发育树

Fig.2 The molecular phylogenetic tree of strain HN004 based on 16S rDNA sequences  
 注：分支上数字为 1000 次重复抽样检测的 bootstrap 值，括号内字母及数字为序列在 GenBank 中的登录号。 *E.tarda*=*P.fulvidraco*

酸。与迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)的表型特征非常相似。16S rRNA 基因序列测定结果表明 HN004 和 HN005 的 16SrDNA 序列完全一致，以 HN004 为代表构建了 16S rDNA 系统发育树(图 2)，从相似性和系统发育树上看，菌株 HN004 与迟钝爱德华氏菌[*Edwardsiella tarda* (EU121410)]聚成一支，具有最高(99.0%)的序列相似性，表明 HN004 与迟钝爱德华氏菌的亲缘关系最近。综上所述，从形态、生理生化、16S rRNA 基因序列同源性、系统发育学等方面分析，菌株 HN004 和 HN005 可鉴定为迟钝爱德华氏菌。

迟钝爱德华氏菌，属肠杆菌科(Enterobacteriaceae)爱德华氏菌属(*Edwardsiella*)。本属细菌可分为三个种，即迟钝爱德华氏菌(*E. tarda*)、鲶鱼爱德华氏菌(*E. ictaluri*)和保科爱德华氏菌(*E. hoshinae*)。迟钝爱德华氏菌最初于 1962 年被日本学者 Hoshina 发现，并将此菌归于副大肠杆菌属，且命名为 *Paracolbacterium anguillimortiferum* (Hoshina, 1962)。直到 1973 年，Wakabayashi 等(1973)认为此病原菌与存在于人体肠道中以及自人体腹泻排泄物中所分离出的爱德华氏菌的性状是一致的，而因此菌的发酵能力相对于其他的菌来的差，只能发酵少许糖类，故

重新命名为迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)。

迟钝爱德华氏菌是目前在水产养殖中有极大危害的病原菌。自 Hoshina (1962)首次报道引发日本鳗鲡红病(red disease)以来,到目前,迟钝爱德华氏菌已经在二十多种鱼类中引起了病害,包括淡水鱼类和海水鱼类,如鳗鲡(*Anguilla japonica*)、牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)、真鲷(*Pagrus major*)、虹鲟(*Oncorhynchus mykiss*)、罗非鱼(*Tilapia nilotica*)、斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)等(郑大海等,2004)。除此之外,该菌还可感染两栖类动物如牛蛙(*Rana catesbeiana*)(肖克宇等,1997)和爬行类动物如中华鳖(*Trionyx sinensis*)。Regalla(1982)还报道了由该菌引起海豹的发病。实际上,该菌的宿主范围十分广泛,从鱼类、两栖类、爬行类直到哺乳类包括人类(马勋等,1998)在内都有该菌感染的病例报道。

据报道,对黄颡鱼造成危害的疾病主要有肠炎病、出血性水肿病、水霉病、鳃霉病以及一些原虫、线虫等引起的寄生虫病等(王文彬等,2001;冯辉等,2002;吴萍等,2003)。叶仕根(2008)报道了一种新的黄颡鱼细菌性传染病——“红头病”,并就该病的病原、流行规律、症状与病理变化、诊断及防治措施等作了初步研究。该报道指出病鱼具有如下症状:在发病初期病鱼无明显临床表现,随着病程发展,病鱼食欲减退,离群缓游、反应迟钝。后期病鱼头顶部充血、出血、发红,在颅骨正上方形成一条带状凸起或出血性溃疡带,严重时头顶穿孔,头盖骨裂开,甚至露出脑组织,与本文报道的症状基本一致。另外,叶仕根(2008)通过细菌分离与回归感染试验证实该病病原为一革兰氏阴性短杆菌,本文通过生理生化鉴定和16S rDNA序列分析,鉴定了本地区分离得到的黄颡鱼“红头病”病原菌为革兰氏阴性短杆菌中的一种,即迟钝爱德华氏菌。至于二者报道的黄颡鱼“红头病”病原菌是否都为迟钝爱德华氏菌,有待于进一步

研究。

致谢 湖南省湘潭县尚联水产养殖场的刘红军先生帮助分离细菌,广东省人民医院老干部休养所的何其勇先生帮助用自动微生物鉴定系统鉴定细菌,谨致谢忱。

## 参 考 文 献

- 马勋,欧阳志明,陈怀清等,1998. 迟钝爱德华氏菌对HEp-2细胞的侵袭特性. 微生物学报, 38(5): 336—340
- 王文彬,夏维福,罗玉双等,2001. 黄颡鱼的寄生虫病及其防治. 内陆水产, 26(7): 34—35
- 叶仕根,2008. 黄颡鱼“红头病”一种新的细菌性传染病. 科学养鱼, 1: 56—57
- 冯辉,何云崇,2002. 黄颡鱼鱼病的防治技术. 动物科学与动物医学, 19(3): 57—58
- 肖克宇,黄志坚,金燮理等,1997. 牛蛙爱德华氏菌病原菌的鉴定和致病因素的研究. 水产学报, 21(3): 316—321
- 吴萍,崇加荣,2003. 黄颡鱼养殖中常见疾病及其防治. 水利渔业, 23(2): 65—66
- 张晓君,战文斌,陈翠珍,2005. 牙鲆迟钝爱德华氏菌感染症及其病原的研究. 水生生物学报, 29(1): 31—37
- 郑大海,麦康森,2004. 迟钝爱德华氏菌(*Edwardsiella tarda*)研究概况. 海洋湖沼通报, 1: 52—59
- 黄峰,严安生,熊传喜等,1999. 黄颡鱼的含肉率与鱼肉营养评价. 淡水渔业, 29(10): 3—6
- Holt J G, Krieg N G, Sneath P H A *et al*, 1994. *Bergey's manual of determinative bacteriology*, 9th Edition. Baltimore: Williams and Wilkins, 382—390
- Hoshina T, 1962. On a new bacterium *Paracolobacterium anguillimortiferum* n. sp. Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries, 28: 162—164
- Regalla J, 1982. Isolation of *Edwardsiella tarda* from a seal. Pepsos Trab Inst Nac Vet (PORT), 14: 93—96
- Wakabayashi H, Egusa S, 1973. *Edwardsiella tarda* (*Paracolobacterium anguillimortiferum*) associated with pond-cultured eel disease. Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries, 39(9): 931—936

**ISOLATION AND IDENTIFICATION OF BACTERIOSIS PATHOGEN——*EDWARDSIELLA TARDA* FROM YELLOW CARTFISH (*PELTEOBAGRUS FULVIDRACO*) WITH RED HEAD DISEASE**

DENG Xian-Yu<sup>1, 2</sup>, LUO Wen<sup>2, 3</sup>, TAN Shu-Hua<sup>1</sup>, QIU Shan-Hong<sup>4</sup>, CHEN Kang-Gui<sup>1</sup>

(1. School of Life Sciences, Hunan University of Science and Technology, Xiangtan, 411201; 2. School of Zoological Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, 310058; 3. School of Life Sciences, Shaoxing University, Shaoxing, 312000; 4. No.3 Middle School of Huaihua City of Hunan Province, Huaihua, 418000)

**Abstract** Using ATB Microbiology Automatic Identification System, two bacterial strain HN004 and HN005 isolated from cultured yellow cartfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) infected with typical “Red head Disease” were identified. The two strains had completely the same physiological and biochemical characteristics: Gram-negative, rod-shaped, catalase-positive, indole-positive, H<sub>2</sub>S-positive, oxidase-negative, and V.P-negative; and were very similar to *Edwardsiella tarda* in most of the phenotypes. In order to determine the phylogenetic position of these two microorganism, their 16S rRNA genes were sequenced and compared with those of related strains. The molecular phylogenetic dendrogram was constructed based on the genetic distance analysis, which revealed that the 16S rDNA sequences of strain HN004 and HN005 were completely the same, and they exhibited the highest levels of similarity (99.0%) to *E. tarda*. Therefore, strains HN004 and HN005 were identified as *E. tarda*.

**Key words** *Pelteobagrus fulvidraco*, Red head disease, *Edwardsiella tarda*, Isolation, Identification