

# 大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)内脏白点病 病原分离鉴定及致病性研究<sup>\*</sup>

胡 娇<sup>1</sup> 张 飞<sup>1</sup> 徐晓津<sup>1</sup> 苏永全<sup>2</sup> 覃映雪<sup>1</sup> 马 英<sup>1</sup>  
张 艺<sup>3</sup> 韩坤煌<sup>4</sup> 鄢庆枇<sup>1</sup>

(1. 集美大学水产学院 农业部东海海水健康养殖重点实验室 厦门 361021; 2. 厦门大学海洋与地球学院 厦门 361005;  
3. 宁德市水产技术推广站 宁德 352101; 4. 宁德市富发水产有限公司 宁德 352103)

**提要** 于 2013 年 4 月从宁德患内脏白点病大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)中分离得到两株优势菌 NZBD9 和 NZBD11, 这两株菌在 16—19°C 条件下回归感染能引起大黄鱼内脏白点病, 而在 7—10°C 和 24—27°C 条件下同样的人工感染不能致病, 从而证实这两株菌为大黄鱼内脏白点病的病原菌。经 16S rDNA 基因的测序和时间飞行质谱微生物鉴定仪分析, NZBD9 和 NZBD11 同为变形假单胞菌。药敏性实验结果显示 NZBD9 对庆大霉素、诺氟沙星和四环素等 7 种药物高度敏感。组织病理学观察结果显示病鱼的肝脏、脾脏、头肾等组织中均出现明显病症, 如变性和坏死。

**关键词** 大黄鱼; 变形假单胞菌; 内脏白点病; 致病性

**中图分类号** S941 doi: 10.11693/hyz20140300078

大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)是我国单一品种养殖量最大的海水鱼类, 被农业部确定为我国六种最具优势出口水产品之一(陈强等, 2007)。目前随着养殖规模的不断扩大, 各种病害的发生也日趋频繁, 新的病害种类也屡有发生。大黄鱼的内脏白点病是近几年网箱养殖大黄鱼的常见病害, 2013 年春季该病发生率和死亡率再创新高, 给闽东地区大黄鱼养殖业带来严重的经济损失。

近年来的 1—4 月为大黄鱼内脏白点病高发季节, 海区水温超过 20°C 后该病就自然消退。病鱼体表无明显症状, 解剖可见肝、脾、肾等内脏有 0.5—3mm 大小不等的白色结节, 故称此病为内脏白点病。王国良等(2006)报道从患内脏白点病的大黄鱼鱼体内分离到鲫鱼诺卡氏菌(*Nocardia serioleae*)。沈锦玉等(2008)和邱杨玉等(2012)认为恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)是引起大黄鱼内脏出现白点的病原。本文首次采用生态模拟的方式从患病内脏白点病大黄鱼体内分离病原并进行其致病性研究, 以期增进对养殖大黄鱼内脏白点

病的认识并为疾病的防治提供有价值的参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验用鱼

患内脏白点病大黄鱼取自宁德市富发公司大黄鱼养殖渔排, 体重 100g 左右。

健康大黄鱼取自宁德市富发公司大湾渔排, 体重 150g 左右。

### 1.2 病原菌的分离纯化

无菌操作从病鱼肝脏、脾和肾脏组织中取样, 划线接种于 TSA 平板上, 18°C 培养 24h。挑取优势菌落若干个和其它特征菌落进行划线分离三次, 将纯化的菌落接种于 TSA 斜面 18°C 培养 24h 后用 20% 甘油生理盐水洗脱, -80°C 低温冰箱保存备用。

### 1.3 回归感染实验

选择从脾脏分离的 2 株优势菌和 4 株非优势菌进行人工感染实验。实验共设 6 个实验组和 1 个对照组, 每组各 10 尾大黄鱼, 在 1 吨的养殖桶中暂养 3d 后开

\*公益性行业(农业)科研专项, 200903029 号; 国家自然科学基金项目, 31272699 号, 41176115 号。胡娇, 硕士研究生, E-mail: 550783203@qq.com

通讯作者: 鄢庆枇, 教授, E-mail: yanqp@jmu.edu.cn

收稿日期: 2013-05-29, 收修改稿日期: 2013-07-26

始实验。细菌 18°C 培养 24h 后用生理盐水制成菌悬液，实验组大黄鱼每尾背部肌肉注射 0.2mL 菌悬液，浓度为  $10^3$  cfu/g 鱼体重，对照组大黄鱼每尾注射 0.2mL 无菌生理盐水。注射后继续饲养 7d，每天观察 3 次，记录各组的死亡情况。死鱼及时捞起，解剖观察内脏是否有白色结节。整个感染过程的水温为 16—19°C。

选择从脾脏分离的 1 株优势菌，实验共设 3 个实验组和 3 个对照组，感染过程的水温为 7—10°C、16—19°C 和 24—27°C，对照组大黄鱼每尾注射 0.2mL 无菌生理盐水，其它实验条件同上。

选择从脾脏分离的 1 株优势菌，实验共设 6 个实验组和 1 个对照组，感染浓度  $10^1$ 、 $10^2$ 、 $10^3$ 、 $10^4$ 、 $10^5$  和  $10^6$  cfu/g 鱼体重，对照组大黄鱼每尾注射 0.2mL 无菌生理盐水，整个感染过程的水温为 16—19°C，其它实验条件同上。

## 1.4 病原菌的鉴定

**1.4.1 飞行时间质谱微生物鉴定仪分析** 挑取适量菌落样品，加入无水乙醇固定灭活 3min, 10000r/min 高速离心去上清。先后加入 70% 甲酸和乙腈，仔细混匀室温放置 3min, 10000r/min 高速离心，吸取上清点靶，使用 Microflex LRF20 飞行时间质谱微生物鉴定仪进行鉴定。

**1.4.2 病原菌 16S rDNA 基因的测定 使用 E.Z.N.A. Bacterial DNA Kit(购自 Omega 公司)提取菌株 NZBD9 和 NZBD11 基因组 DNA。设计 2 条引物(由上海英俊生物技术有限公司合成), 27F: 5'-AGAGTTTGAT CCTGGCTCAG-3', 1492R: 5'-TACGGCTACCTTGTTCGACTT-3'。25 μL PCR 扩增体系: 模板 1 μL, 引物各 0.5 μL, Mg<sup>2+</sup> 2 μL, DNTP 2 μL, 10 × Buffer 2.5 μL, Taq 酶 0.2 μL, 去离子水 15.3 μL。扩增条件: 预变性 94°C、5min; 变性 94°C、50s; 退火 54°C、50s; 延伸 72°C、90s; 然后回到变性温度 30 个循环; 保温 72°C、10min。1% 琼脂糖凝胶 100mA, 110V, 电泳 20min 判定 PCR 扩增结果。PCR 产物回收纯化: 用 EZ.N.A.**

GelExtraction Kit (购自 Omega 公司)回收纯化 PCR 产物。纯化后的 PCR 产物送华大基因进行基因测序。

## 1.5 系统发育树构建

病原菌的 16S rDNA 基因序列通过 NCBI 的 Blast 检索系统(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast/>)进行序列同源性分析，并使用 ClustalX 1.83 软件与从 GenBank 数据库中获得的序列相似性较高的菌株的序列进行多序列匹配排列，采用邻接法获得系统发育树，并通过 Bootstrap 法(1000 次重复)检验。

## 1.6 药物敏感实验

采用纸片扩散法。致病菌于TSA斜面18℃培养24h后用无菌生理盐水洗脱制成浓度约为 $10 \times 10^8$  cfu/mL菌悬液，取0.1mL菌悬液分别涂布于TSA平板，10min后贴上不同的药物纸片(购自杭州天和微生物试剂公司)，于18℃培养24h后测量抑菌圈直径。

## 1.7 病理组织切片的制作及观察

分别取对照组和有典型病症大黄鱼的头肾和肝组织,用 Bouin 氏液固定,石蜡包埋。通过 Leica RM2128 型切片机横、纵向连续切片(厚 3—5  $\mu$ m),于 Leica AUTOSTAINER XL 染色机中进行 H.E 染色,中性树胶封片。Leica DM 4500B 自动数码显微摄影系统观察、摄影。

## 2 结果与分析

## 2.1 菌株分离结果

通过平板划线分离纯化共得到 16 株候选菌，编号依次为 NZBD1—NZBD16，其中优势菌有 NZBD1、NZBD9、NZBD11、NZBD14 和 NZBD15。18℃ 培养 48h 后，菌株 NZBD9 和 NZBD11 在 TSA 琼脂平板上形成为直径 1—2mm、白色、表面光滑湿润、边缘光滑的圆形菌落。

## 2.2 人工感染

养殖水体 16—19°C 条件下回归感染实验结果如表 1 所示。6 个实验组，只有 NZBD9 和 NZBD11 感

表1 6株分离菌人工感染结果  
Tab.1 The results of artificial infection of 6 isolations

染组的实验鱼出现死亡, NZBD9 和 NZBD11 是优势菌株, 且致病性强, 所以 NZBD9 和 NZBD11 为导致养殖鱼死亡的致病菌。

对菌株 NZBD9 的进一步人工感染实验结果如表 2 所示。在  $10 \text{ cfu/g}$  的浓度下, 实验鱼无死亡; 在  $10^2 \text{ cfu/g}$  的浓度下, 开始出现死亡;  $1 \times 10^5 \text{ cfu/g}$  的浓

度下实验鱼的死亡率为 100%; 对照组的实验鱼无死亡。

对菌株 NZBD9 在 3 个温度下的进一步人工感染实验结果如表 3 所示。在 7—10°C 和 24—27°C 水体条件下, 实验鱼无死亡; 在 16—19°C 水体条件下, 死亡率达 50%; 对照组的实验鱼无死亡。

表 2 菌株 NZBD9 人工感染结果  
Tab.2 The results of artificial infection of strain NZBD9

组别	感染浓度 (cfu/g)	感染后死亡数(尾)							死亡总数(尾)	死亡率 (%)
		1d	2d	3d	4d	5d	6d	7d		
感染组	$1 \times 10^6$	—	2	3	2	3	—	—	10	100
	$1 \times 10^5$	—	1	2	3	2	1	1	10	100
	$1 \times 10^4$	—	1	2	1	2	1	—	7	70
	$1 \times 10^3$	—	1	—	2	2	—	—	5	50
	$1 \times 10^2$	—	—	—	—	1	—	—	1	10
	$1 \times 10$	—	—	—	—	—	—	—	0	0
对照组	0.85% NaCl	—	—	—	—	—	—	—	0	0

表 3 不同温度下菌株 NZBD9 人工感染结果  
Tab.3 The results of artificial infection of strain NZBD9 under different temperatures

温度 (°C)	组别	感染浓度 (cfu/g)	感染后死亡数(尾)							死亡总数(尾)	死亡率 (%)
			1d	2d	3d	4d	5d	6d	7d		
7—10	感染组	$1 \times 10^3$	—	—	—	—	—	—	—	0	0
	对照组	0.85% NaCl	—	—	—	—	—	—	—	0	0
16—19	感染组	$1 \times 10^3$	—	1	2	1	—	1	—	5	50
	对照组	0.85% NaCl	—	—	—	—	—	—	—	0	0
24—27	感染组	$1 \times 10^3$	—	—	—	—	—	—	—	0	0
	对照组	0.85% NaCl	—	—	—	—	—	—	—	0	0

如图 1 所示, 感染致病菌的大黄鱼肾脏、脾脏出现直径 0.4—1.0mm 的白点, 严重的病鱼肝也会出现白点。从实验死亡鱼分离得到与菌株 NZBD9 和 NZBD11 相同的菌落。



图 1 大黄鱼内脏白点病病征

Fig.1 Symptoms of internal organs white-spots disease of *P. crocea*

### 2.3 16S rDNA 基因检测结果

菌株 NZBD9 和 NZBD11 的 16S rDNA 基因检测结果如图 2。2 个菌株的 16S rDNA 基因的长度同为 1459bp, 而且序列相同, 可鉴定为同一菌株。

### 2.4 时间飞行质谱微生物鉴定仪分析结果

菌株 NZBD9 和 NZBD11 在高通量微生物鉴定仪下分析结果如图 3、图 4、图 5。实验结果表明, 菌株 NZBD9 和 NZBD11 同为变形假单胞菌。

### 2.5 系统发育树构建

Blast 结果发现 2 株致病菌与变形假单胞菌 16S rDNA 的同源性达到 100%, 从构建的系统发育树中可见 NZBD9 菌株与变形假单胞菌聚为一支, 说明 NZBD9 菌株与变形假单胞菌亲缘关系最近, 可将其鉴定为变形假单胞菌。系统发育树如图 6 所示。

### 2.6 药敏实验结果

菌株 NZBD9 对 19 种抗生素纸片的敏感性测试

1 ATTGAACGCT GGCGGCAGGC CTAACACATG CAAGTCGAGC GGATGACGGG AGCTTGCTCC  
 61 TTGATTCAAGC GGCGGACGGG TGAGTAATGC CTAGGAATCT GCCTGGTAGT GGGGGACAAC  
 121 GTTTCGAAAG GAACGCTAAT ACCGCATACG TCCTACGGGA GAAAGCAGGG GACCTTCGGG  
 181 CCTTGCCTA TCAGATGAGC CTAGGTCGGA TTAGCTAGTT GGTGGGGTAA TGGCTCACCA  
 241 AGGCGACGAT CCGTAACTGG TCTGAGAGGA TGATCAGTCA CACTGGAACG GAGACACGGT  
 301 CCAGACTCCT ACGGGAGGC A GCAGTGGGA ATATTGGACA ATGGGCAGAA GCCTGATCCA  
 361 GCCATGCCGC GTGTGTGAAG AAGGTCTTCG GATTGTAAG CACTTAAGT TGGGAGGAAG  
 421 GGCAGTAAGC TAATACCTTG CTGTTTGAC GTTACCGACA GAATAAGCAC CGGCTAACTC  
 481 TGTGCCAGCA GCGCGGGTAA TACAGAGGGT GCAAGCGTTA ATCGGAATTAA CTGGGCGTAA  
 541 AGCGCGCGTA GGTGGTTCGT TAAGTTGGAT GTGAAAGCCC CGGGCTCAAC CTGGGAACGT  
 601 CATCCAAAAC TGGCGAGCTA GAGTACGGTA GAGGGTGGTG GAATTTCTG TGTAGCGGTG  
 661 AAATGCGTAG ATATAGGAAG GAACACCACT GCGAAGGGCG ACCACCTGGA CTGATACTGA  
 721 CACTGAGGTG CGAAAGCGTG GGGAGCAAAC AGGATTAGAT ACCCTGGTAG TCCACGCCGT  
 781 AAACGATGTC AACTAGCCGT TGGAATCCTT GAGATTTAG TGCGCAGCT AACGCATTAA  
 841 GTTGACGCC TGGGGAGTAC GGCGCAAGG TTAAACTCA AATGAATTGA CGGGGGCCCG  
 901 CACAAGCGGT GGAGCATGTG GTTTAATTG AAGCAACGCG AAGAACCTTA CCAGGCCCTG  
 961 ACATGCAGAG AACTTTCCAG AGATGGATTG GTGCCCTCGG GAACTCTGAC ACAGGGTGC  
 1021 CATGGCTGTC GTCAGCTCGT GTCGTGAGAT GTTGGGTTAA GTCCCGTAAC GAGCGCAACC  
 1081 CTTGTCCCTA GTTACCAAGCA CGTTATGGTG GGCACCTCTAA GGAGACTGCC GGTGACAAAC  
 1141 CGGAGGAAGG TGGGGATGAC GTCAAGTCAT CATGGCCCTT ACGGCCTGGG CTACACACGT  
 1201 GCTACAATGG TCGGTACAGA GGGTTGCCAA GCGCGCAGGT GGAGCTAATC TCACAAAACC  
 1261 GATCGTAGTC CGGATCGCAG TCTGCAACTC GACTGCGTGA AGTCGGAATC GCTAGTAATC  
 1321 GCGAATCAGA ATGTCGCGGT GAATACGTT CCGGGCCTTG TACACACCGC CCGTCACACC  
 1381 ATGGGAGTGG GTTGCACCAAG AAGTAGCTAG TCTAACCTTC GGGAGGACGG TTACCACGGT  
 1441 GTGATTCACTG ACTGGGGTG

图 2 菌株 NZBD9 和 NZBD11 的 16S rDNA 基因序列  
 Fig.2 Sequence of 16S rDNA genes of strain NZBD9 and NZBD11

Analyte Name	Analyte ID	Organism (best match)	Score Value	Organism (second best match)	Score Value
11 (++)	c7e18a0a-2c1d-43ff-ale1-4cd6d3f4fb41	Pseudomonas plecoglossicida DSM 15088T HAM	2.399	Pseudomonas putida ATCC 49128 THL	2.032
1101 (+++)	8d171039-4572-45ce-b513-57e345438559	Edwardsiella tarda ATCC 36.1 EGS	2.491	Edwardsiella tarda HL23.1 EGS	2.392
9 (++)	fc887196-4fb2-484e-941a-7c4476987d7e	Pseudomonas plecoglossicida DSM 15088T HAM	2.345	Pseudomonas montelii DSM 14164T HAM	1.833
HSA-1 (+++)	1368a53d-4251-4537-acb0-b3c2120e599c	Edwardsiella ictaluri CECT 885 EGS	2.367	Edwardsiella ictaluri DSM 13697 HAM	2.046
HSN-1 (++)	87504a08-dc65-4ffd-baa4-04425411e0fd	Staphylococcus warneri Mb18796_1 CHB	2.271	Staphylococcus warneri DSM 20316	1.908

图 3 时间飞行质谱鉴定仪对 NZBD9 和 NZBD11 的鉴定结果  
 Fig.3 Results of strain NZBD9 and NZBD11 identified by Time of Flight Mass Spectrometer

结果见表 4。结果显示, 9 菌株对庆大霉素、诺氟沙星、多粘霉素 B、依诺沙星、四环素、卡那霉素、链霉素、强力霉素、新霉素、新生霉素和氧氟沙星 11 种药物敏感; 对青霉素、复合磺胺、万古霉素、利福平、红霉素、呋喃唑酮、氯霉素和呋喃妥因 8 种药物有抗性。

## 2.7 石蜡组织切片观察

**2.7.1 肾脏** 健康大黄鱼的肾脏各细胞结构完整, 质地均匀, 肾小管由单层上皮细胞构成, 上皮细胞排列紧凑, 上皮细胞间界限清晰(图 7a)。感染变形假单胞菌后, 肾小管形状较不规则, 肾小管上皮细胞肿胀, 排列较紊乱(图 7c), 管腔变窄或闭塞; 较严

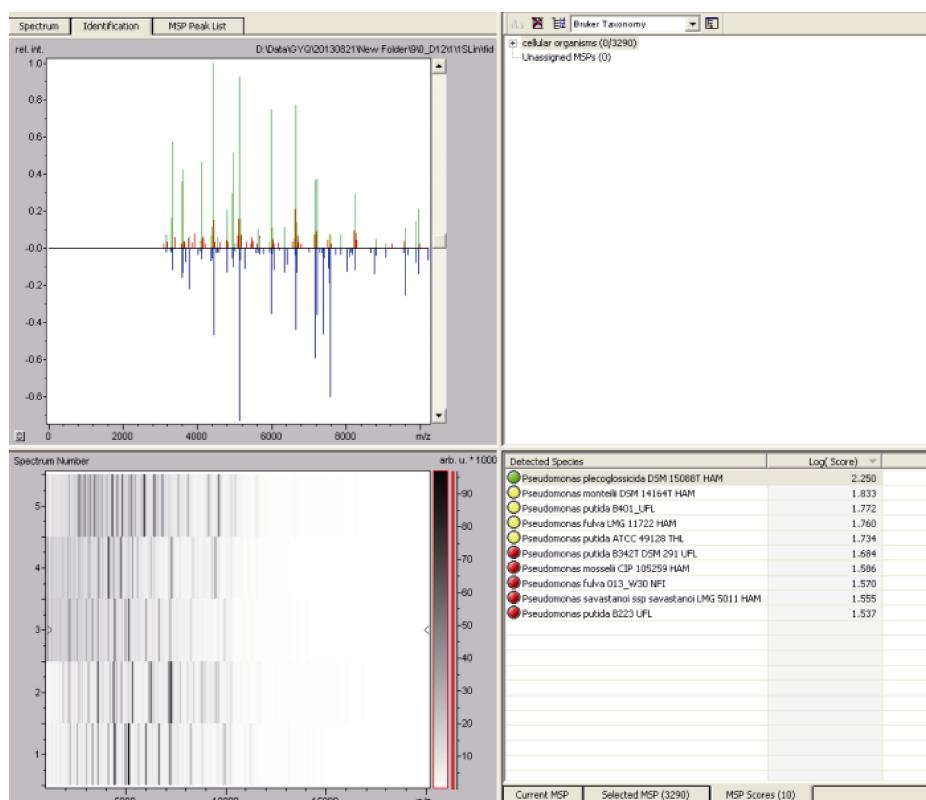


图 4 时间飞行质谱鉴定仪对 NZBD9 的具体鉴定结果

Fig.4 Results in detail of strain NZBD9 identified by Time of Flight Mass Spectrometer

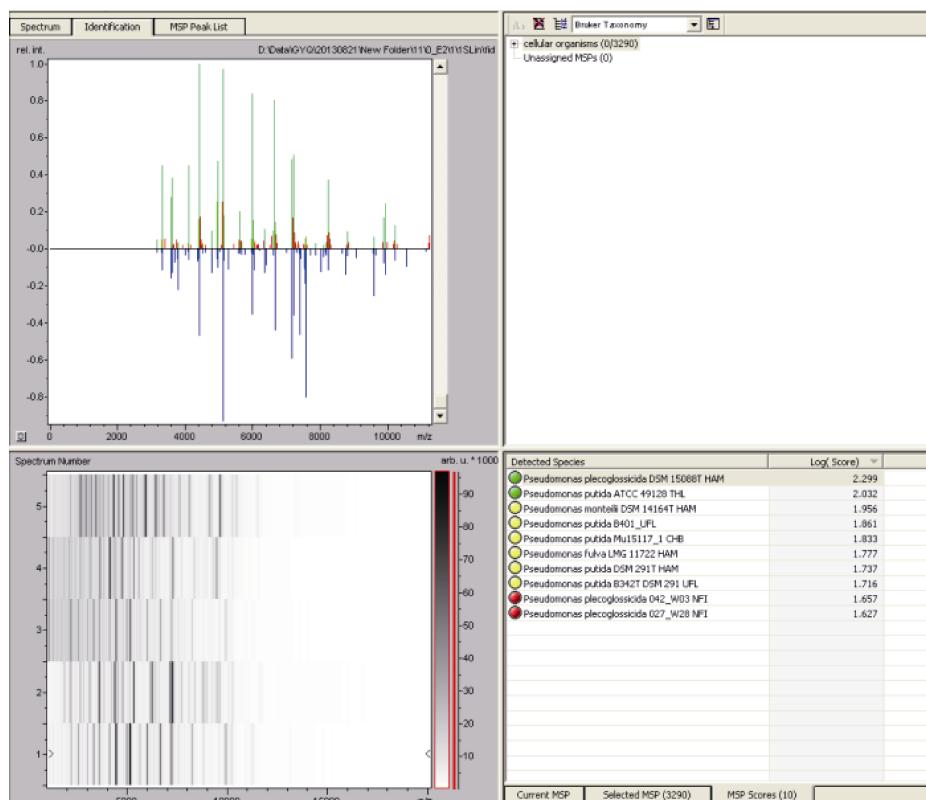


图 5 时间飞行质谱鉴定仪对菌株 NZBD11 的具体鉴定结果

Fig.5 Results in detail of strain NZBD11 identified by Time of Flight Mass Spectrometer

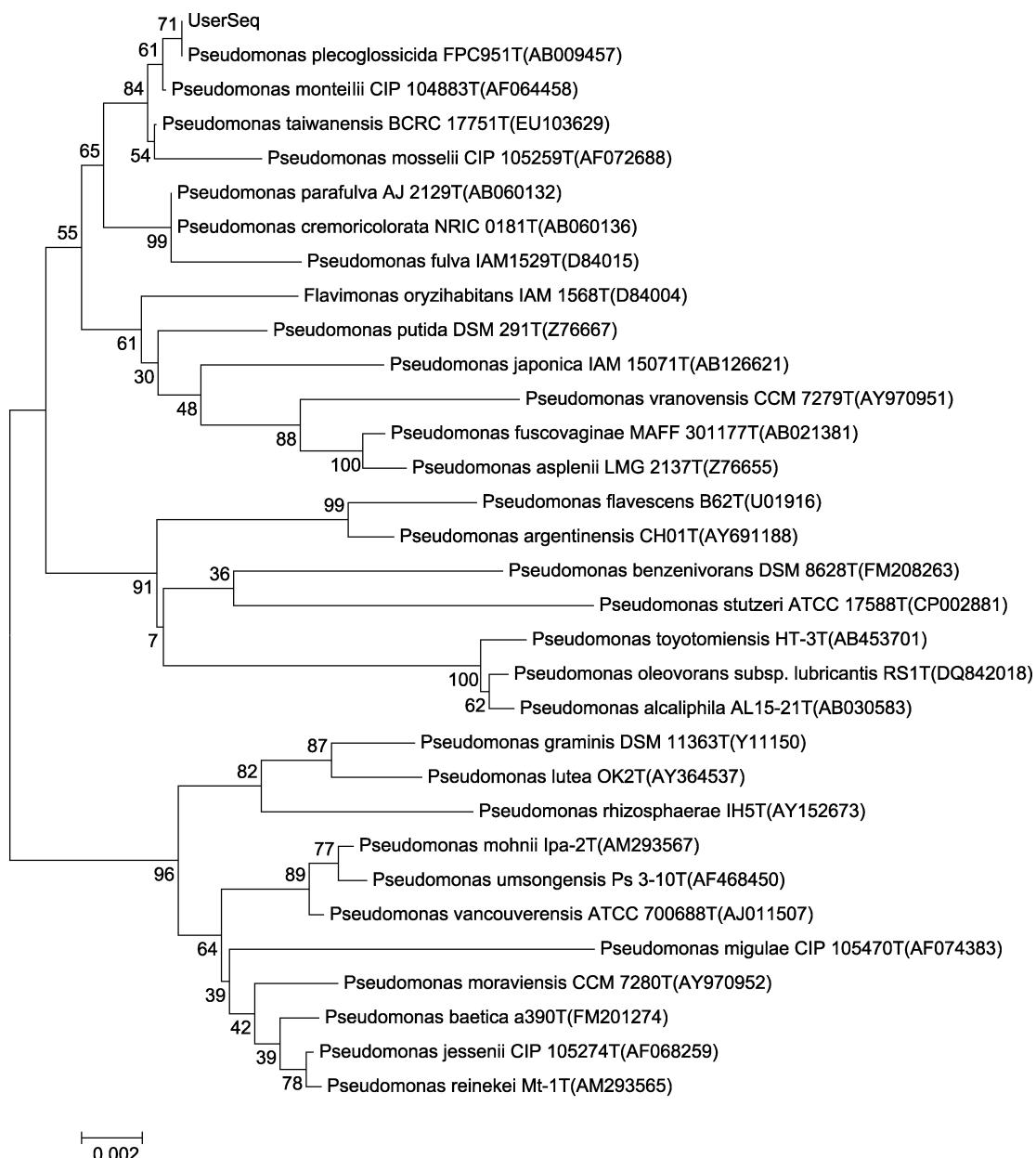


图 6 NZBD9 菌株 16S rDNA 序列的系统发育树  
Fig.6 Phylogenetic tree based on 16S rDNA sequence of strain NZBD9  
括号中数字代表该序列的 GenBank 登录号

重区域肾小管完全失去原来的组织结构，解体后形成大面积的坏死灶，坏死灶中心区充满解体后的细胞碎片(图 7b)。

**2.7.2 脾组织** 健康大黄鱼的脾脏由结缔组织网、毛细血管网和间于其中的细胞群组成。细胞的组成有红血球形成细胞、未成熟红血球、成熟红血球、淋巴球、单核球、吞噬细胞等。这些细胞密集相间，其中淋巴细胞可聚集形成淋巴岛(图 7d)。大黄鱼受变形假单胞菌感染后，脾脏组织恶化、充血，坏死较严重(图

7e)；脾组织吞噬一定量菌体后，髓窦内堆积大量含铁血黄素，髓窦周围出现许多空泡(图 7f)。

**2.7.3 肝组织** 健康大黄鱼肝组织结构清晰，细胞形状比较规则，是略带圆形的多角形细胞，排列较均匀规则，具有球形并带有一个核仁的细胞核，细胞核圆形，位于细胞的中间；细胞质中含有丰富的脂肪和糖原，在石蜡切片中，通过 H.E 染色后，常常呈现许多空泡样结构(图 7g)。患病鱼部分肝细胞坏死严重，细胞萎缩，排列疏松，肝细胞界限模糊不清，空隙较

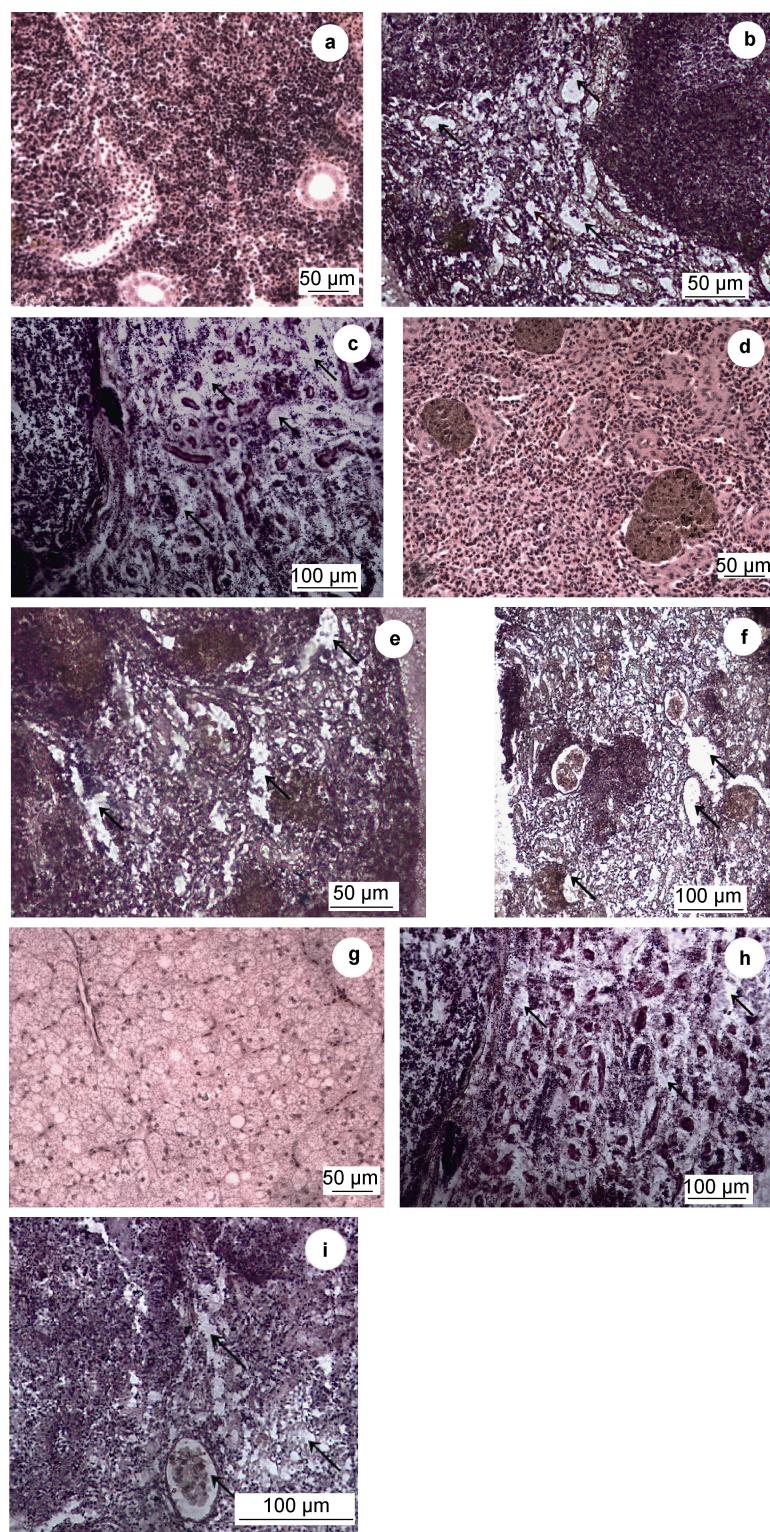


图7 患病大黄鱼肾脏、脾脏、肝脏组织病变

Fig.7 Pathological changes of kidney, spleen and liver tissues of diseased *P. crocea*

- a. 健康大黄鱼肾脏图; b. 病鱼肾脏肾小管完全失去原来的组织结构,解体后形成大面积的坏死灶,坏死灶中心区充满解体后的细胞碎片(箭头所示); c. 肾小管形状较不规则,肾小管上皮细胞肿胀,排列较紊乱(箭头所示); d. 健康大黄鱼脾脏图; e. 病变脾脏组织脾脏恶化、充血,坏死较严重(箭头所示); f. 髓窦内堆积大量含铁血黄素,髓窦周围出现许多空泡(箭头所示); g. 健康大黄鱼肝脏图; h. 肝细胞坏死严重,细胞萎缩,排列疏松,肝细胞界限模糊不清,空隙较明显; i. 肝细胞实质结构遭到破坏,干细胞崩解,呈现空泡化(箭头所示)

表 4 菌株 NZBD9 的药敏性实验结果  
Tab.4 Results of antibiotic sensitivity test of strain NZBD9

抗生素	单片药物含量 (μg/片)	抑菌圈直径 (mm)	敏感性
庆大霉素	10	20.5	S
青霉素	10	7	R
复合磺胺(TMP/SMZ)	1.25/23.75	7	R
诺氟沙星	10	23	S
强力霉素	30	27	S
万古霉素	30	7	R
新霉素	30	26.5	S
利福平	5	7	R
多粘霉素 B	300	17	S
依诺沙星	10	28	S
四环素	30	19	S
链霉素	10	14	S
红霉素	15	10	R
呋喃唑酮	300	7	R
氯霉素	30	9	R
呋喃妥因	300	7	R
新生霉素	30	7	R
卡那霉素	30	23.5	S
氧氟沙星	5	27	S

R 表示不敏感; S 表示高度敏感

明显(图 7h);许多肝细胞实质结构遭到破坏,干细胞崩解,呈现空泡化(图 7h 和图 7i)。

### 3 讨论

内脏白点病是养殖大黄鱼的常见病,多发生在水温较低的春节。内脏白点病已危害养殖大黄鱼多年,且危害逐年严重。近年来,许多学者对大黄鱼内脏白点病的病原进行了研究,但目前尚未有统一的定论。王国良等(2006)认为大黄鱼内脏白点病的病原是诺卡氏菌(Wang et al, 2005),刘家富等(2004)认为大黄鱼内脏白点病的病原是门多萨假单胞菌和铜绿假单胞菌,而刘振勇等(2002)认为大黄鱼内脏白点病的病原仅有门多萨假单胞菌。沈锦玉等(2008)和邱杨玉等(2012)认为大黄鱼内脏白点病的病原是恶臭假单胞菌,Blanco 等(2002)、López-Romalde 等(2003)和 Balboa 等(2007)认为大黄鱼内脏白点病的病原是荧光假单胞菌。本文从患内脏白点病大黄鱼的内脏分离到多株细菌,在进行人工感染的 6 个分离株中只有 2 株对大黄鱼有致病性,其它 4 株都不致病,而且致病的 2 株分离株同为变形假单胞菌,这说明宁德大黄鱼内脏白点病的病原菌为变形假单胞菌。本文从病原分离至人工感染全程模拟自然发病的水温,分离得到有很强致病性的变形假单胞菌。该菌不仅发病的症状与自然

发病的内脏白点病一致,发病的水温要求也与自然发病的水温一致,这进一步证实变形假单胞菌为宁德养殖大黄鱼内脏白点病的病原菌。

变形假单胞菌是自然环境中的常见菌,对多种污染物有较强的分解能力,常被用于污水处理(陈亚丽等, 2002; 曹军伟等, 2011)。水产养殖较为常见的致病菌。变形假单胞菌引起水产养殖疾病也有所报道。这种细菌曾在带有细菌性出血性腹水的养殖香鱼上分离得到(Nishimori et al, 2000)。由变形假单胞菌引起的香鱼细菌性出血性腹水病经常在引入自然或人工产的鱼苗到养殖池中后短时间内暴发,并且在养殖时期的任何阶段都可能暴发(Se et al, 2000)。病原菌变形假单胞菌是一种条件致病菌,但是肌肉注射感染实验表明其对香鱼有极高的毒力,半致死剂量( $LD_{50}$ )为  $10^{1.2}$  cfu/fish。变形假单胞菌能够在饲养香鱼的淡水水体中生长和繁殖(Se et al, 2000),变形假单胞菌通过扩散在香鱼养殖水体中,从而迅速水平传播这种疾病。

本文所分离的变形假单胞菌在  $28^{\circ}\text{C}$  生长良好,而大黄鱼内脏白点病仅见于水温  $20^{\circ}\text{C}$  以下,本文人工感染的结果也显示变形假单胞菌在  $23\text{--}27^{\circ}\text{C}$  水温对大黄鱼不致病,其原因可能是由于变形假单胞菌分泌的胞外产物在不同温度下有所不同,也可能是由于大黄鱼在低温下抗感染免疫力低下,给变形假单胞菌以可趁之机。本文的研究结果显示:此次从患病大黄鱼上分离的变形假单胞菌对青霉素、复合磺胺、万古霉素、利福平、红霉素、呋喃唑酮、氯霉素和呋喃妥因等 8 种抗生素已经产生一定的抗药性,因此对于大黄鱼内脏白点病的防治应该主要考虑提高大黄鱼的抗病免疫力。

### 参 考 文 献

- 王国良, 袁思平, 金 珊, 2006. 网箱养殖大黄鱼诺卡氏菌病的初步研究. 水产学报, 30(1): 103—107  
 刘振勇, 王兴春, 杨毓环, 2002. 网箱养殖大黄鱼门多萨假单胞菌病的研究. 水产学报, 26(增刊): 77—81  
 刘家富, 余祚溅, 林永添等, 2004. 大黄鱼假单胞菌病的初步研究. 海洋科学, 28(2): 5—7  
 邱杨玉, 郑 磊, 毛芝娟等, 2012. 大黄鱼(*Larimichthys crocea*)内脏白点病的病原分离和组织病理学观察. 微生物学通报, 39(3): 361—370  
 沈锦玉, 余旭平, 潘晓艺等, 2008. 网箱养殖大黄鱼假单胞菌病病原的分离与鉴定. 海洋水产研究, 29(1): 1—6  
 陈 强, 鄢庆朴, 邹文政等, 2007. 环境因子对溶藻弧菌

- (*Vibrio alginolyticus*)粘附大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)表  
皮粘液影响的研究. 海洋与湖沼, 38(4): 361—366
- 陈亚丽, 张先恩, 刘 虹等, 2002. 甲基对硫磷降解菌假单胞  
菌 WBC-3 的筛选及其降解性能的研究. 微生物学报,  
42(4): 490—497
- 曹军伟, 邵宗泽, 曹宏斌等, 2011. 焦化废水中酚降解菌及其  
降解基因的研究. 环境科学, 32(2): 560—566
- Balboa S, Ferguson H W, Romalde J L, 2007. Phenotypic,  
serological and genetic characterization of *Pseudomonas  
anguilliseptica* strains isolated from cod, *Gadus morhua* L.,  
in northern Europe. Journal of Fish Diseases, 30(11): 657—  
664
- Blanco M M, Gibello A, Vela A I et al, 2002. PCR detection and  
PFGE DNA macrorestriction analyses of clinical isolates of  
*Pseudomonas anguilliseptica* from winter disease outbreaks  
in sea bream *Sparus aurata*. Diseases of Aquatic Organisms,  
50: 19—27
- López-Romalde S, Magariños B, Ravelo C et al, 2003.  
Existence of two O-serotypes in the fish pathogen  
*Pseudomonas anguilliseptica*. Veterinary Microbiology,  
94(4): 325—333
- Nishimori E, Kita-Tsukamoto K, Wakabayashi H, 2000.  
*Pseudomonas plecoglossicida* sp. nov., the causative agent  
of bacterial haemorrhagic ascites of ayu, *Plecoglossus  
altivelis*. International Journal of Systematic and Evolutionary  
Microbiology, 50: 83—89
- Se Chang Park, Ichiro Shimamura, Minoru Fukunaga et al, 2000.  
Isolation of bacteriophages specific to a fish pathogen,  
*Pseudomonas plecoglossicida*, as a candidate for disease  
control. Appl Environmental Microbiology, 66(4): 1416—1422
- Wang G L, Yuan S P, Jin S, 2005. Nocardiosis in large yellow  
croaker, *Larimichthys crocea* (Richardson). Journal of Fish  
Diseases 28: 339—345

## ISOLATION, IDENTIFICATION AND VIRULENCE OF THE PATHOGEN OF WHITE-SPOTS DISEASE IN INTERNAL ORGANS OF *PSEUDOSCIAENA CROCEA*

HU Jiao<sup>1</sup>, ZHANG Fei<sup>1</sup>, XU Xiao-Jin<sup>1</sup>, SU Yong-Quan<sup>2</sup>, QIN Ying-Xue<sup>1</sup>, MA Ying<sup>1</sup>,  
ZHANG Yi<sup>3</sup>, HAN Kun-Huang<sup>4</sup>, YAN Qing-Pi<sup>1</sup>

(1. Fisheries College of Jimei University, Key Laboratory in East China Sea Seawater Healthy Aquaculture of the Ministry of Agriculture,  
Xiamen 361021, China; 2. College of Ocean and Earth Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China; 3. Ningde Aquatic Product  
Technology Promotion Department, Ningde 352101, China; 4. Ningde Fufa Aquatic Product Co. Ltd., Ningde 352103, China)

**Abstract** Two dominant strains (NZBD9 and NZBD11) were isolated from internal organs of *Pseudosciaena crocea* suffered from white-spots disease in April 2013. Both strains could cause the disease artificially in the internal organs in 16—19°C but at 7—10°C and 24—27°C. The results indicate that the two strains were the causative agent of the disease in farmed *P. crocea*. Both were identified as *Pseudomonas plecoglossicida* by time-of-flight mass spectrometer in 16S rDNA sequences. Experiments in susceptibility showed that NZBD9 is highly sensitive to 7 drugs including gentamicin, norfloxacin, and tetracycline. Histopathological observation showed that affected fish had clear symptoms of degeneration and necrosis in liver, kidney and spleen.

**Key words** *Pseudosciaena crocea*; *Pseudomonas plecoglossicida*; pathogenicity; internal organs white-spots disease