



研究论文 ORIGINAL PAPERS

石臼湖越冬豆雁与小天鹅
肠道菌群及潜在病原菌研究

侯花云, 余重阳, 刘 刚*

(安徽医科大学生命科学院, 合肥 230032)

稿件运行过程

收稿日期: 2025–10–14
修回日期: 2026–06–21

关键词: 石臼湖;

豆雁;

小天鹅;

肠道菌群;

潜在病原菌;

多样性

Keywords: Shijiu Lake;

Bean goose (*Anser fabalis*);Tundra swan (*Cygnus columbianus*);

Gut microbiota;

Potential pathogenic bacteria;

Diversity

中图分类号: Q93

文献标志码: A

文章编号:

2310–1490(2026)–03–0406–09

DOI: 10.12375/ysdwxb.202510009

摘 要

为掌握石臼湖越冬水鸟肠道菌群及潜在病原菌的基本特征,本研究利用 16S rRNA 扩增子测序技术,对该湖泊越冬豆雁(*Anser fabalis*)和小天鹅(*Cygnus columbianus*)肠道菌群结构和病原菌组成进行了分析。结果表明:两种水鸟肠道菌群的 Alpha 多样性无显著性差异(Chao 1, $P = 0.63$; Shannon-Wiener, $P = 0.48$),但 Beta 多样性存在显著宿主分异(PERMANOVA, $P < 0.001$);优势菌门均为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidota);Sørensen 相似性指数为 0.84,表明两种水鸟肠道菌群群落相似度较高,推测与其亲缘关系较近、栖息环境一致密切相关;共检出潜在肠道病原菌 22 种,其中共有病原菌 14 种;屎肠球菌(*Enterococcus faecium*)为豆雁肠道优势病原菌(占病原菌总相对丰度的 92.06%),乳房链球菌(*Streptococcus uberis*)、莫雷梭菌(*Solobacterium moorei*)及鲁氏耶尔森氏菌(*Yersinia ruckeri*)为小天鹅肠道主要病原菌。研究结果为了解石臼湖越冬水鸟肠道病原菌提供了基础资料,对潜在人禽共患病的监测和防控具有重要意义。

Gut Microbiota and Potential Pathogenic
Bacteria of Wintering Bean Geese and
Tundra Swans at Shijiu Lake

HOU Huayun, YU Chongyang, LIU Gang*

(College of Life Sciences, Anhui Medical University, Hefei 230032, China)

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(32470560)

第一作者简介: 侯花云(2001—),女,硕士研究生;主要从事野生动物疫病与传播研究。E-mail: 3486055139@qq.com

* 通信作者: 刘刚, E-mail: liugang@ahmu.edu.cn

Abstract: To investigate the gut microbial diversity and potential pathogens of waterbirds wintering at Shijiu Lake, the gut microbiota of bean geese (*Anser fabalis*) and tundra swans (*Cygnus columbianus*) were characterized using 16S rRNA amplicon sequencing technology. The results revealed that Proteobacteria, Firmicutes and Bacteroidota were the dominant gut bacterial phyla in both waterbird species. Alpha diversity did not differ significantly between the two species (Chao 1, $P = 0.63$; Shannon-Wiener, $P = 0.48$); however, beta diversity showed significant difference (PERMANOVA, $P < 0.001$). The high Sørensen similarity index (0.84) indicated marked similarity in gut microbial community structure, likely attributable to their close phylogenetic relationship and overlapping habitats. A total of 22 potential gut-pathogenic bacterial species were identified, of which 14 were shared by both waterbird species. *Enterococcus faecium* was the dominant gut pathogen in bean geese, accounting for 92.06% of the total relative abundance of pathogenic bacteria, whereas *Streptococcus uberis*, *Solobacterium moorei* and *Yersinia ruckeri* were the predominant gut pathogens in tundra swans. This study provides basic data for the gut pathogenic bacteria in wintering waterbirds at Shijiu Lake, which is of great significance for the surveillance and control of potential zoonotic diseases.

鸟类肠道内定植大量微生物并形成多样化共生群落,这些共生群落与摄入食物及消化残渣共同构成肠道微生态系统^[1-2]。在该系统中,肠道与微生物、微生物种间、微生物和宿主之间存在复杂的互利共生和协同进化关系^[2]。肠道微生态系统在鸟类生命活动中发挥重要作用,其定植微生物参与食物消化分解、营养物质吸收代谢、能量供给及维生素合成,在宿主生存适应中发挥关键作用,被视为维持动物机体健康的重要“器官”^[2]。遗传背景和栖息环境是影响鸟类肠道微生物群落结构的主要因素。在相同栖息地中,亲缘关系更近的宿主,其肠道微生物组成种类和丰度通常比亲缘关系较远的宿主更为相似^[1,3-4]。此外,同域分布的鸟类可通过共同觅食、身体接触、饮水和栖息环境实现肠道菌群的交互传播,进而促使其肠道微生物群落呈现趋同性。

鸟类是多种肠道病原体的天然储存宿主和重要传播媒介,在野生动物疫源疫病暴发、人禽共患病的发生和扩散过程中发挥关键作用,其携带的病原类群主要包括细菌、真菌、支原体、病毒和寄生虫等^[5-6]。鸟类可通过身体接触、觅食、饮水和排便等行为,将病原体直接或间接传播至家禽、家畜,进而经畜禽感染人类^[3]。人禽共患病的研究表明,多数患病个体存在禽类接触史,且人体分离株与野鸟、家禽源病原体具有高度同源性,提示“候鸟—家禽—人”传播链对公共卫生安全存在显著潜在威胁^[4-6]。长距离迁徙水鸟周期性往返于繁殖地和越冬地,其迁徙活动为肠道病原体的跨地域或跨物种传播提供

了潜在条件,增加了疫病传播风险。此外,迁徙途中水鸟与其他野生动物、家禽的频繁接触,进一步提升了新型人禽共患病的暴发风险^[7-8]。

雁形目(Anseriformes)鸟类是重要的野生动物疫源疫病宿主,可在迁徙通道或越冬栖息地将病原体传播至同域野生动物乃至人类^[4,9-10],在禽类疫病和人禽共患病的发生和传播过程中扮演重要角色^[11-13]。近年来,随着人为干扰和生境破碎化的加剧,水鸟天然食物资源急剧减少,迫使越冬水鸟进入农田觅食,与家禽、家畜及人类共享栖息生境,增加了人禽共患病的暴发和传播风险,对区域公共卫生安全构成潜在威胁^[4,14-16]。石臼湖位于“东亚—澳大利西亚”(East Asian-Australasian Flyway)候鸟迁飞路线上,是长江中下游典型的浅水型通江淡水湖泊,每年吸引包括豆雁(*Anser fabalis*)和小天鹅(*Cygnus columbianus*)在内的大量水鸟在此越冬。该湖区周边人口密集,散养家禽分布广泛,候鸟与家禽、人类的活动范围高度重叠,为肠道病原体的跨物种传播提供了有利条件。豆雁与小天鹅是反映湿地生态环境质量的关键指示物种,作为石臼湖重要越冬水鸟,二者在越冬期间常混群活动。然而,两者在肠道菌群结构及潜在病原菌组成上的共性与差异尚不明确,其对区域公共卫生安全的潜在影响也缺乏系统评估^[17]。因此,本研究以石臼湖越冬豆雁与小天鹅为研究对象,采集其新鲜粪便样本,基于16S rRNA基因V3—V4区高通量扩增子测序技术,分析两种越冬水鸟肠道菌群及潜在病原菌的群落组成与结构特

征,探讨其肠道菌群相似性的成因,评估主要潜在病原菌可能引发的公共卫生风险,为区域水鸟疫源疫病常态化监测、人禽共患病预警与综合防控提供科学基础数据。

1 材料与方法

1.1 研究对象

以在石臼湖越冬且同域共存的豆雁与小天鹅两种迁徙水鸟为研究对象。其中,豆雁隶属于雁属(*Anser*),为大型长距离迁徙性水鸟,主要繁殖于欧洲北部、西伯利亚、冰岛和格陵兰岛等区域,每年冬季向南迁徙至我国长江中下游湖泊湿地越冬;小天鹅隶属于天鹅属(*Cygnus*),主要繁殖于西伯利亚苔原和湖泊区域,越冬于我国长江中下游及东南沿海,为国家二级重点保护珍稀水鸟^[18],在全球迁徙水鸟保护中备受关注。豆雁和小天鹅均为多种病原菌的自然携带宿主。在越冬地,二者常与同域分布的家禽、家畜及人类共享栖息生境,为病原体跨物种溢出提供了适宜条件,存在较高的交叉传播风险,是区域野生动物疫源疫病监测的重点对象。

1.2 研究区概况

石臼湖位于安徽和江苏两省交界处(31°23′—31°33′N,118°46′—118°56′E),水域总面积约212 km²,为典型浅水型通江淡水湖泊。湖区属北亚热带湿润季风气候,四季分明,年均气温15.7℃,年均降水量1100 mm。冬季湖面水位回落,大面积滩涂裸露,水生生物资源丰富,使其成为候鸟重要的越冬地。湖泊周边人口分布较为密集。历史上,受围湖造田、圈筑圩堤及围网养殖等人类活动影响,湖区湿地生态系统持续退化。近年来,当地通过拆除水产养殖围网、实施湿地生态恢复工程,并全域落实禁渔禁捕政策,湖区生态环境持续改善,越冬候鸟种群数量逐年回升。每年10月—次年4月,豆雁、小天鹅、东方白鹳(*Ciconia boyciana*)、鸿雁(*Anser cygnoides*)和白额雁(*A. albifrons*)等大量候鸟在此越冬。

1.3 粪便样品的采集与鉴定

于2024年12月在石臼湖采集越冬豆雁与小天鹅的新鲜粪便样本,用于肠道微生物组学分析,所有样本和相关数据均为最新实地监测结果。采集前,使用单筒或双筒望远镜对觅食鸟群进行至少1 h的持续观察,确认周边无其他鸟类活动后,开展采样工作。采样时佩戴一次性PE手套,选取新鲜粪便,剔

除表层污染部分后装入无菌自封袋,每采集一份粪便样本立即更换手套,以防交叉污染。所有样本独立封装并做好标记,置于冰盒低温暂存,运回实验室后于-80℃超低温冰箱冷冻保存。

豆雁和小天鹅的物种鉴定采用传统形态学结合分子生物学的双重鉴定方法。在野外采集粪便样本时,依据文献[19-20]等权威工具书进行形态学鉴定。分子生物学鉴定基于鸟类线粒体DNA(mtDNA) *COI* 基因,采用通用引物BirdF1(5′-TTCTCCAACCA CAAAGACATTGGCAC-3′)、BirdR1(5′-ACGTGGGA GATAATTCCAAATCCTG-3′)进行PCR扩增与测序,将所得序列在GenBank数据库中进行BLAST同源比对,完成分子水平的物种复核。经过分子鉴定确认粪便样本分别归属豆雁和小天鹅后,再开展后续肠道菌群及病原菌相关实验。

1.4 肠道菌群高通量测序及生物信息学分析

分别选取豆雁和小天鹅粪便样本各20份,称取约0.01 g粪便样品于1.5 mL EP管中,使用E.Z.N.A.® Stool DNA Kit(Omega Bio-tek, Norcross, GA, USA)粪便基因组DNA提取试剂盒,按照说明书提取各粪便样品总DNA,最终溶于100 μL 无菌超纯水中,作为PCR扩展模板。针对细菌16S rRNA基因V3—V4区进行PCR扩增,扩增产物经琼脂糖凝胶电泳和Nano-Drop2000分光光度计检测合格后,利用Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit进行DNA精确定量,再通过TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit构建DNA文库。文库有效浓度经定量检测达标后,利用Illumina HiSeq PE250高通量测序平台测序。

对高通量测序原始下机数据进行质控,剔除低质量序列和宿主来源片段后,完成序列的质控和拼接。使用Vsearch(version 2.4.2)软件对高质量序列进行聚类,以97%序列相似度为阈值划分可操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU),选取各OTU中丰度最高的序列作为代表序列,在界、门、纲、目、科、属、种各分类学水平上完成物种注释,并构建各样品的丰度表。病原菌鉴定采用文献检索与多数据库联合验证的综合判定方法。首先,以注释得到的全部肠道菌群物种为关键词,在Web of Science数据库中进行人工检索,初步筛选对人类或其他动物具有潜在致病性的类群;其次,将初筛物种序列在gcPathogen(<https://nmdc.cn/gcpathogen/>)、Disbiome(<https://disbiome.ugent.be/home>)、PVD(

cngb.org/pvd/) 和 PHI (<http://www.phi-base.org/index.jsp>) 等病原微生物专业数据库中进一步比对验证。所有已鉴定的细菌物种须经过至少两个数据库注释确认为病原菌后,方可纳入后续分析。原始测序数据已上传至国家微生物科学数据中心(<https://nmdc.cn/>),登录号为 NMDC40094634 ~ NMDC40094673。

1.5 统计学分析

使用 SPSS 22.0 软件对豆雁和小天鹅肠道菌群和病原菌的相对丰度进行统计学分析,以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。利用单因素方差分析(one-way ANOVA)比较两种水鸟肠道菌群和病原菌相对丰度的组间差异。Alpha 多样性分析采用 Chao 1 指数(估算群落物种总数)和 Shannon-Wiener 指数(反映群落物种丰富度和分布均匀度),评估两种水鸟肠道菌群的物种丰富度与均匀度。Beta 多样性分析基于 R 语言进行主坐标分析(PCoA),以可视化两种水鸟肠道菌群结构的差异,使用 QIIME 2 平台执行 PERMANOVA 检验,进行组间群落结构差异的显著性验证。采用 LEfSe 分析筛选差异生物标志物,评估各菌属相对丰度对群落差异的贡献大小。利用 Sørensen 相似性指数表征两种水鸟肠道菌群群落的

相似程度,计算公式为: Sørensen 指数 = $2a/(2a + b + c)$,式中 a 为两群落共有物种数, b 为第一个群落特有物种数, c 为第二个群落特有物种数^[21]。利用在线工具 TUTOOL 平台(<https://www.cloudtutu.com/#/index>)完成致病菌的 STAMP 差异分析和热图可视化。

2 结果

2.1 高通量测序与 OTU 聚类分析

对豆雁和小天鹅粪便样品进行 16S rRNA 高通量测序,原始序列经质控处理后共获得 2 296 863 条有效序列,各样品平均有效序列数为 57 421.5 条。基于 97% 序列相似度阈值对有效序列进行 OTU 聚类,在种群水平上(图 1A),豆雁与小天鹅共有 OTU 为 6 197 个,豆雁特有 OTU 为 1 451 个,小天鹅特有 OTU 为 920 个,表明两种水鸟肠道菌群存在较高的共有核心类群,同时也保留了宿主特异性组成。在个体水平上(图 1B),单只个体 OTU 数量为 746 ~ 2 575 个,全部个体仅共享 68 个 OTU,说明越冬同域分布的豆雁与小天鹅个体间菌群特异性极高,共有核心菌群占比极低。

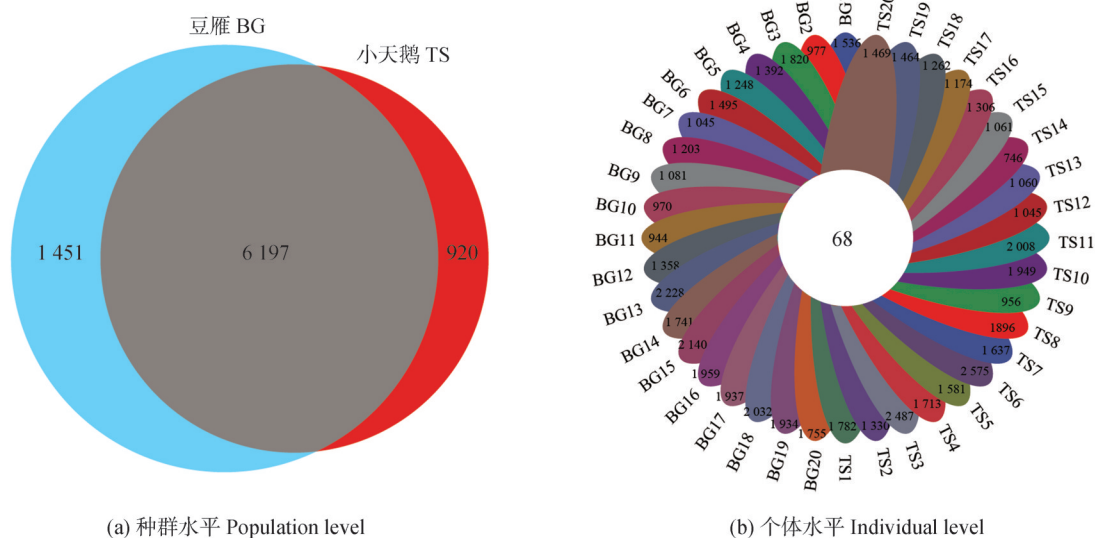


图1 石臼湖越冬豆雁(BG)和小天鹅(TS)肠道菌群种群水平和个体水平 OTU 分布

Figure 1 Venn diagram of population level and individual level of OTU distribution of gut microbiota of wintering bean geese (BG) and tundra swans (TS) at Shijiu Lake

2.2 肠道菌群组成

基于测序序列的物种比对与分类注释,解析石臼湖越冬豆雁和小天鹅肠道菌群组成,结果显示:

豆雁肠道菌群共注释到 38 门、90 纲、194 目、344 科、797 属,小天鹅肠道菌群共注释到 37 门、92 纲、199 目、339 科、773 属。在门水平上(图 2A),两种水鸟肠道

优势菌门一致,由高到低依次为变形菌门(Proteobacteria;豆雁44.75%,小天鹅43.29%)、厚壁菌门(Firmicutes;豆雁28.65%,小天鹅26.19%)和拟杆菌门(Bacteroidota;豆雁17.15%,小天鹅12.79%)。在纲水平上(图2B),优势菌纲均为 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria;豆雁37.77%,小天鹅36.89%)、芽孢杆菌纲(Bacilli;豆雁19.95%,小天鹅14.81%)和拟杆菌纲(Bacteroidia;豆雁17.14%,小天鹅12.79%)。自目水平起,两种水鸟肠道菌群组成出现明显宿主分化。在目水平上(图2C),豆雁以肠杆菌目(Enterobacterales,17.60%)、乳杆菌目(Lactobacillales,15.89%)和噬几丁质菌目(Chitinophagales,10.26%)占优,小天鹅则以假单胞菌目(Pseudo-

monadales,23.02%)、噬几丁质菌目(7.05%)和乳杆菌目(5.81%)为主;在科水平上(图2D),豆雁优势菌科为肠杆菌科(Enterobacteriaceae,14.09%)、噬几丁质菌科(Chitinophagaceae,10.25%)和乳杆菌科(Lactobacillaceae,10.00%),小天鹅优势菌科为莫拉菌科(Moraxellaceae,21.45%)、噬几丁质菌科(7.05%)和梭菌科(Clostridiaceae,5.56%);在属水平上(图2E),豆雁优势菌属为驴小杆属(*Asinibacterium*,9.57%)、联合乳杆菌属(*Ligilactobacillus*,9.12%)和肠杆菌属(*Enterobacter*,5.46%),小天鹅优势菌属为不动杆菌属(*Acinetobacter*,18.07%)、驴小杆属(6.23%)和八叠球菌属(*Sarcina*,5.36%)。

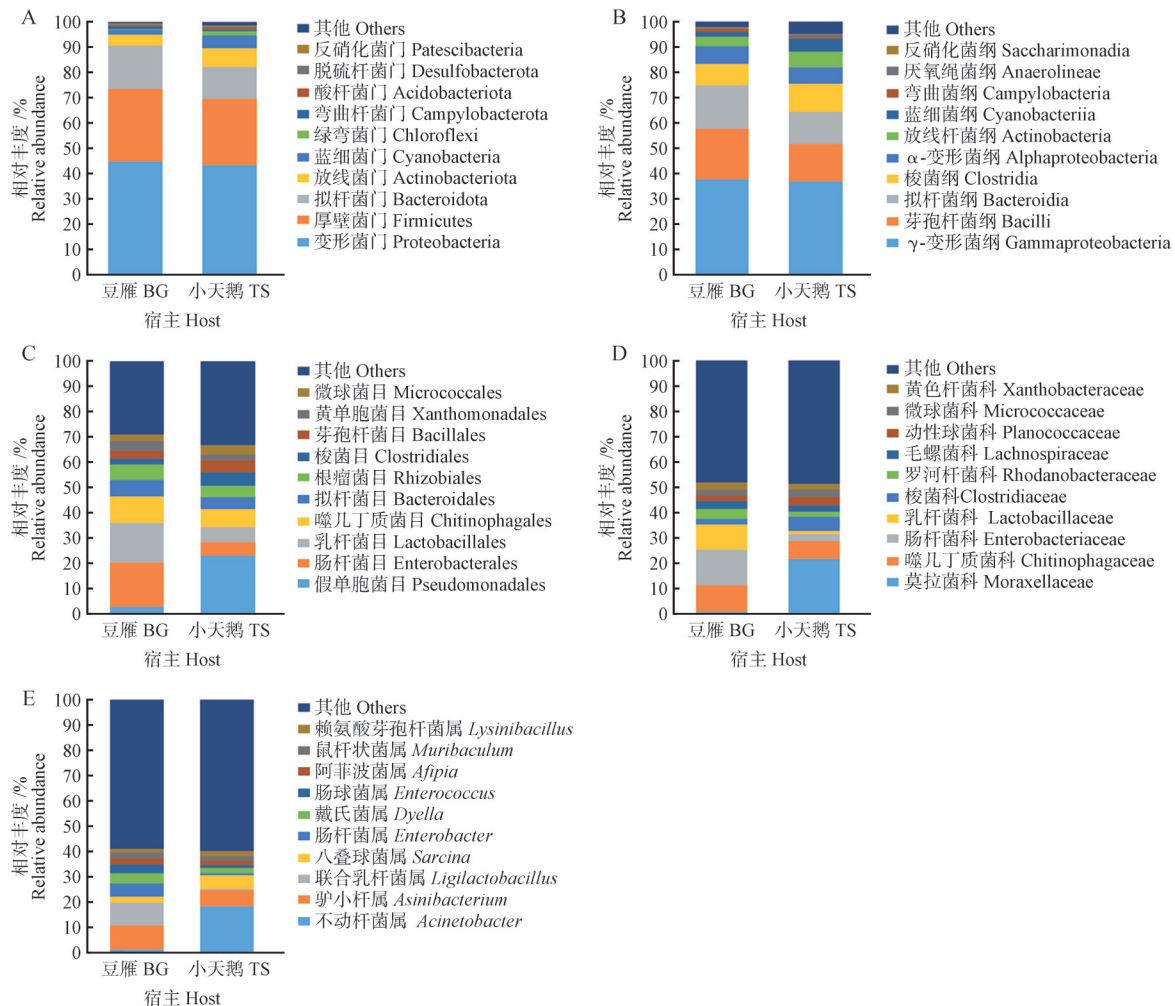


图2 石臼湖越冬豆雁(BG)和小天鹅(TS)不同分类水平肠道菌群组成

Figure 2 Gut bacteria composition of wintering bean geese (BG) and tundra swans (TS) at different taxonomic levels at Shijiu Lake

2.3 肠道菌群多样性及结构差异

Alpha多样性分析显示,豆雁与小天鹅肠道菌群

的物种丰富度(Chao 1 指数, $P = 0.63$)和物种均匀度(Shannon-Wiener 指数, $P = 0.48$)均无显著差异

(图3A、B)。Sørensen相似性指数为0.84,表明两种水鸟肠道菌群整体物种组成相似程度较高。PCoA主坐标分析显示,PC1、PC2分别解释菌群总变异的21%、4%,豆雁、小天鹅样本各自形成独立聚类,肠道菌群群落结构存在明显的宿主分异,PERMANOVA

检验表明组间差异极显著(图3C)。LEfSe差异分析进一步表明,该分异主要源于联合乳杆菌属与不动杆菌属等关键菌属相对丰度的差异。其中联合乳杆菌属在豆雁肠道内相对丰度最高,不动杆菌属在小天鹅肠道内的相对丰度最高(图3D)。

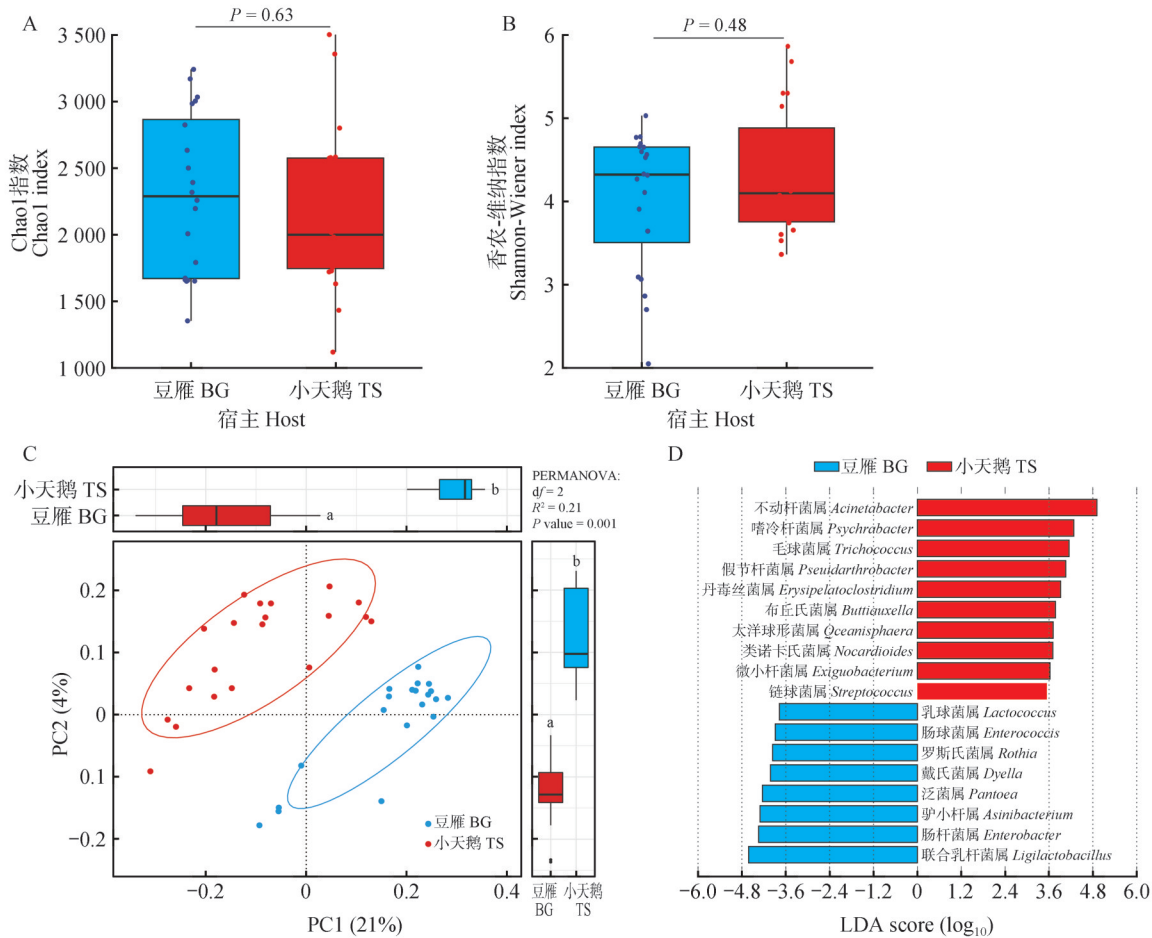


图3 石臼湖越冬豆雁(BG)与小天鹅(TS)肠道菌群多样性及差异

Figure 3 Diversity and difference analysis of gut microbiota in wintering bean geese (BG) and tundra swans (TS) at Shiji Lake

2.4 潜在肠道病原菌群落结构与组间差异分析

在石臼湖越冬豆雁和小天鹅粪便样品中共鉴定出22种潜在肠道病原菌,两种水鸟共有潜在病原菌14种,豆雁特有潜在病原菌2种,小天鹅特有6种(图4A)。本研究将相对丰度占绝对优势或物种丰度排名前3的类群界定为优势病原菌。病原菌组成分析表明:两种水鸟优势病原菌存在明显分化,屎肠球菌(*Enterococcus faecium*)在豆雁肠道中占绝对优势,占其病原菌总相对丰度的92.06%,且该菌相对丰度显著高于小天鹅($P = 0.0003$);小天鹅肠道中占优势病原菌为乳房链球菌(*Streptococcus uberis*, 26.70%)、

莫雷梭菌(*Solobacterium moorei*, 23.00%)及鲁氏耶尔森氏菌(*Yersinia ruckeri*, 19.96%)(图4B)。STAMP差异分析表明:屎肠球菌($P < 0.01$)、猪链球菌(*Streptococcus suis*, $P = 0.001$)和红串红球菌(*Rhodococcus erythropolis*, $P = 0.049$)在豆雁中相对丰度显著高于小天鹅,而鲁氏耶尔森氏菌在小天鹅肠道内的相对丰度显著更高($P = 0.046$)(图4C)。对相对丰度排名前10的潜在肠道病原菌进行热图分析,结果显示该10种病原菌在两种水鸟体内均有检出,且不同病原菌在豆雁和小天鹅个体间的丰度分布存在明显差异(图5)。

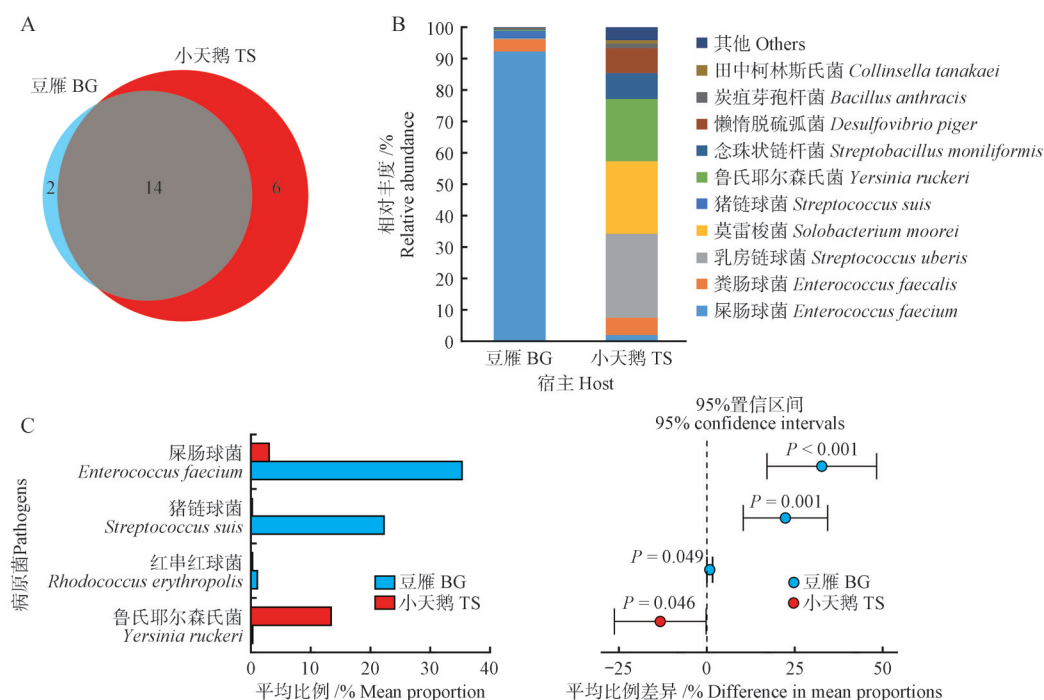


图4 石臼湖越冬豆雁(BG)与小天鹅(TS)潜在肠道病原菌物种与丰度差异

Figure 4 Analysis of potential intestinal pathogenic bacteria species and abundance differences between overwintering bean geese (BG) and tundra swans (TS) at Shijiu Lake

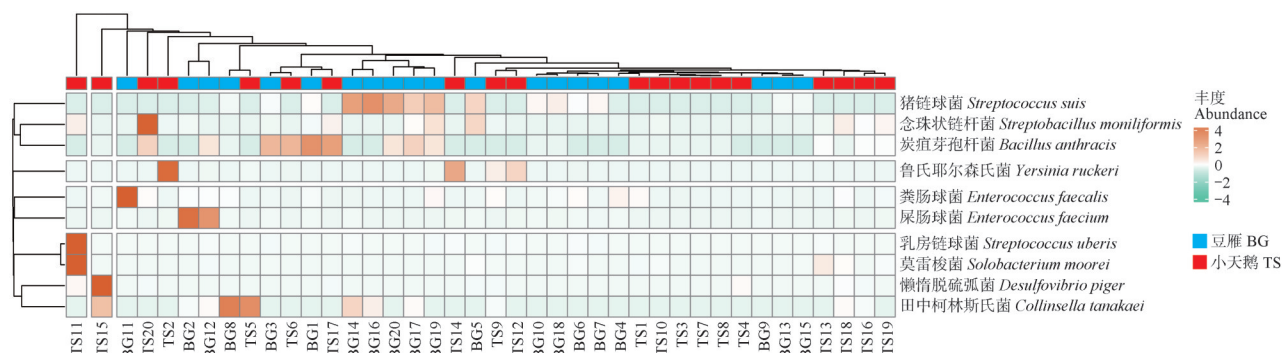


图5 石臼湖越冬豆雁(BG)和小天鹅(TS)优势潜在肠道病原菌丰度

Figure 5 Abundance of dominant potential gut pathogenic bacteria in wintering bean geese (BG) and tundra swans (TS) at Shijiu Lake

3 讨论

鸟类肠道微生物群落具有较高的多样性和物种特异性,其结构主要受宿主遗传背景和栖息环境等多种因素的影响^[22-23]。本研究发现,石臼湖越冬豆雁和小天鹅肠道菌群的 Sørensen 相似性指数达 0.84,表明二者肠道菌群结构相似,这可能与两物种亲缘关系较近、栖息地环境一致有关。通过线粒体 DNA 序列构建的分子系统发育分析表明,豆雁和小天鹅亲缘关系较近^[17]。豆雁和小天鹅均为典型草食性水禽,在石臼湖越冬期间主要取食禾本科(Poaceae)、莎草科(Cyperaceae)植物的叶片、根茎和种子。此外,两种水鸟常于栖息地和觅食地混群活动,

生境高度重叠不仅使其接触相同的环境微生物库,也为肠道菌群通过“粪一口”途径在种间水平传播提供了有利条件。肠道菌群组成分析表明,两种水鸟的优势菌门均为变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门,与其他雁形目鸟类肠道菌群特征^[1,3,23]一致。已有研究表明,肠道内厚壁菌门和变形菌门可协助宿主吸收食物中的碳水化合物、多糖和脂肪酸等营养物质,参与营养消化和能量代谢,为其越冬期提供能量储备^[24]。

豆雁和小天鹅可携带多种肠道病原菌。近年来,随着石臼湖退耕还湖工程实施,大量越冬豆雁和小天鹅聚集于湖区及周边农田、养殖库塘等人工生境,显著增加了其与家禽、家畜的接触概率。它们可通过觅食、集群活动和粪便排泄等途径,将病原菌传播至家

禽、家畜甚至感染人类;同时,同域栖息的其他动物所携带的病原菌亦可反向传播至候鸟。本研究中,屎肠球菌在越冬豆雁肠道病原菌中占绝对优势(占病原菌总相对丰度的92.06%)。该菌为革兰氏阳性条件致病菌,既可引发禽类心内膜炎等病症,也可引发人类尿路感染、皮肤软组织感染,还可引起危及生命的腹腔感染、败血症、心内膜炎和脑膜炎等^[25]。屎肠球菌普遍携带大量抗生素耐药基因,越冬候鸟通过粪便将其释放至水体、土壤等环境中,可能经环境途径传播至家禽,人类若接触并感染“候鸟—家禽—人”传播链中的耐药菌株,不仅面临疫病扩散风险,还将暴露于抗生素耐药基因带来的公共卫生隐患中^[26-27]。候鸟是多种人禽共患病病原体的重要携带者和传播媒介,候鸟所携带的病原体可随其迁徙行为实现跨区域传播,在越冬地与家禽、其他野生鸟类及人类活动产生交集,成为疾病跨物种传播的潜在媒介^[27]。本研究在小天鹅肠道内检出的乳房链球菌、莫雷梭菌及鲁氏耶尔森氏菌等病原菌均存在潜在的公共卫生安全风险。流行病学监测显示,乳房链球菌可造成哺乳动物乳腺损伤、微循环障碍和免疫代谢紊乱,并可能诱发动物乳腺炎^[28]。莫雷梭菌为革兰阳性菌,可导致人类牙周炎,且与癌症的发生发展密切相关^[29]。鲁氏耶尔森氏菌为革兰氏阴性兼性厌氧菌,是重要的人畜(禽)共患病病原菌,候鸟是其主要自然宿主。该菌可通过候鸟排泄物污染水源和土壤,在人体免疫低下、皮肤黏膜屏障破损等条件下,可引发人体继发感染进而污染农作物、水产养殖环境,完成从鸟类向人类的传播^[27,30]。综上,石臼湖越冬豆雁与小天鹅携带的多种潜在肠道病原菌,可借助迁徙行为与粪便污染实现环境扩散,从而搭建病原体向家畜、人类传播的路径,对区域公共卫生安全构成潜在风险。

4 结论与建议

本研究通过16S rRNA扩增子测序技术对石臼湖越冬豆雁和小天鹅肠道菌群与潜在病原菌组成开展研究,结果表明:两种越冬水鸟肠道菌群的Alpha多样性无显著差异(Chao 1, $P = 0.63$; Shannon-Wiener, $P = 0.48$),但Beta多样性存在显著的宿主分异(PERMANOVA, $P < 0.001$);优势菌门均为变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门。Sørensen相似性指数达0.84,表明两种水鸟肠道菌群物种组成相似性高,这主要与其亲缘关系较近及越冬期栖息生境高

度重叠有关。两种水鸟肠道菌群共检出22种潜在病原菌,其中共有病原菌14种。屎肠球菌为豆雁肠道优势病原菌(占92.06%);乳房链球菌、莫雷梭菌及鲁氏耶尔森氏菌为小天鹅肠道的主要病原菌。石臼湖周边人口密集,散养家禽与家畜分布广泛,候鸟携带的多种潜在病原菌存在跨物种传播风险,对区域公共卫生安全构成潜在威胁。本研究聚焦人口稠密的长江中下游地区,揭示了石臼湖越冬豆雁和小天鹅肠道菌群的共性与差异,鉴定了其潜在病原菌,为越冬水鸟肠道病原微生物研究及跨物种传播机制解析提供了基础数据,对禽源人禽共患病的科学防控、区域公共卫生风险预警具有现实指导意义。

基于上述结论,为有效预防石臼湖区域由候鸟引发的人禽共患病跨物种传播风险,须构建完善的综合防控体系。首先,在湖区及周边库塘等候鸟主要越冬栖息和觅食区域,严格管控散养家禽,最大限度降低家禽与野生候鸟的接触概率,切断家禽作为中间宿主介导候鸟病原菌向人类传播的途径。其次,建立常态化候鸟疫源疫病监测预警机制,在候鸟集中活动区域设立固定监测点位,定期开展候鸟健康状况巡查,完善主动预警体系和异常情况上报制度。最后,及时对候鸟新鲜粪便开展无害化处理,定期开展水体和环境病原微生物检测,落实常态化消杀工作,降低环境传播风险。

参考文献:

- [1] Liu G, Gong Z Z, Li Q Y. Variations in gut bacterial communities between lesser white-fronted geese wintering at Caizi and Shengjin Lakes in China [J]. *MicrobiologyOpen*, 2020, 9(7): e1037.
- [2] 周立志. 鸟类肠道微生态学及其研究热点 [J]. *安徽大学学报(自然科学版)*, 2018, 42(6): 14-21.
Zhou Lizhi. Avian gut microecology and its research hot spot [J]. *Journal of Anhui University (Natural Science Edition)*, 2018, 42(6): 14-21.
- [3] 冯佳慧, 龚治忠, 许娜, 等. 升金湖越冬小白额雁与同域家鸭肠道菌群多样性研究 [J]. *四川动物*, 2022, 41(5): 490-499.
Feng Jiahui, Gong Zhizhong, Xu Na, et al. Gut bacterial communities of wintering *Anser erythropus* and sympatric *Anas platyrhynchos domesticus* in Shengjin Lake, Anhui [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2022, 41(5): 490-499.
- [4] Liu G, Xu N, Yu C Y. Comparative analysis of the microbiome of sympatric wintering bean geese, domestic ducks, humans, and soil at Shengjin Lake of China reveals potential public risk to human health [J]. *Avian Research*, 2024, 15: 100175.
- [5] 许娜, 冯佳慧, 龚治忠, 等. 升金湖和菜子湖越冬小白额雁肠道病毒组成及结构特征研究 [J]. *阜阳师范大学学报(自然科学版)*

- 学版), 2023, 40(2): 27–32.
- Xu Na, Feng Jiahui, Gong Zhizhong, et al. Gut viral composition and structure of wintering *Anser erythropus* in Shengjin and Caizi Lakes [J]. Journal of Fuyang Normal University (Natural Science), 2023, 40(2): 27–32.
- [6] Xiang X J, Zhang F L, Fu R, et al. Significant differences in bacterial and potentially pathogenic communities between sympatric hooded crane and greater white-fronted goose [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 163.
- [7] Ly H. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infection of companion animals [J]. Virulence, 2024, 15(1): 2289780.
- [8] Ramey A M, Reeves A B. Ecology of influenza A viruses in wild birds and wetlands of Alaska [J]. Avian Diseases, 2020, 64(2): 109–122.
- [9] Sultan S, Eldamarany N M I, Abdelazeem M W, et al. Active surveillance and genetic characterization of prevalent velogenic Newcastle disease and highly pathogenic avian influenza H5N8 viruses among migratory wild birds in southern Egypt during 2015–2018 [J]. Food and Environmental Virology, 2022, 14(3): 280–294.
- [10] 李清月, 龚治忠, 冯佳慧, 等. 升金湖和菜子湖越冬白额雁肠道寄生线虫多样性研究 [J]. 生态科学, 2022, 41(6): 202–210.
- Li Qinyue, Gong Zhizhong, Feng Jiahui, et al. Intestinal parasitic nematode diversity in communities of wintering greater white-fronted geese (*Anser albifrons*) between Caizi Lake and Shengjin Lake in China [J]. Ecological Science, 2022, 41(6): 202–210.
- [11] Chen H, Smith G J D, Zhang S Y, et al. H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl [J]. Nature, 2005, 436(7048): 191–192.
- [12] Matsunaga N, Ijiri M, Ishikawa K, et al. Avian paramyxovirus serotype-1 isolation from migratory birds and environmental water in southern Japan: an epidemiological survey during the 2018/19–2021/2022 winter seasons [J]. Microbiology and Immunology, 2023, 67(4): 185–193.
- [13] Xiang X J, Wu Y N, Zhang F, et al. Evidence for cross transmission of pathogens between wild hooded cranes and domestic geese [J]. Journal of Avian Biology, 2023, 2023(9/10): e03083.
- [14] Huang W, Zhou L Z, Zhao N N. Temporal-spatial patterns of intestinal parasites of the hooded crane (*Grus monacha*) wintering in lakes of the middle and lower Yangtze River floodplain [J]. Avian Research, 2014, 5(1): 6.
- [15] Smith O M, Snyder W E, Owen J P. Are we overestimating risk of enteric pathogen spillover from wild birds to humans? [J]. Biological Reviews, 2020, 95(3): 652–679.
- [16] Liao F, Qian J, Yang R A, et al. Metagenomics of gut microbiome for migratory seagulls in Kunming City revealed the potential public risk to human health [J]. BMC Genomics, 2023, 24(1): 269.
- [17] Liu G, Zhou L Z, Zhang L L, et al. The complete mitochondrial genome of bean goose (*Anser fabalis*) and implications for Anseriformes taxonomy [J]. PLoS One, 2013, 8(5): e63334.
- [18] 国家重点保护野生动物名录(2021年2月1日修订)[J]. 野生动物学报, 2021, 42(2): 605–640.
- List of national key protected wild animals in China (revised on February 1, 2021) [J]. Chinese Journal of Wildlife, 2021, 42(2): 605–640.
- [19] 约翰·马敬能. 中国鸟类野外手册: 马敬能新编版: 上册 [M]. 北京: 商务印书馆, 2022: 19–32.
- MacKinnon J. Guide to the birds of China (new edition): Vol. 1 [M]. Beijing: The Commercial Press, 2022: 19–32.
- [20] 赵欣如. 中国鸟类图鉴[M]. 北京: 商务印书馆, 2018: 54–89.
- Zhao Xinru. A photographic guide to the birds of China [M]. Beijing: The Commercial Press, 2018: 54–89.
- [21] Sørensen T. A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species content and its application to analyses of the vegetation on Danish commons [J]. Biologiske Skrifter, 1948, 5: 1–34.
- [22] Zhang N Z, Zhou L Z, Yang Z Q, et al. Effects of food changes on intestinal bacterial diversity of wintering hooded cranes (*Grus monacha*) [J]. Animals, 2021, 11(2): 433.
- [23] Yang Y Z, Deng Y, Cao L. Characterising the interspecific variations and convergence of gut microbiota in *Anseriformes* herbivores at wintering areas [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 32655.
- [24] 曲磊, 孙铭, 谷月, 等. 基于16S rRNA高通量测序技术分析黑毛肉牛瘤胃微生物多样性和功能预测的研究 [J]. 饲料研究, 2026(9): 84–88.
- Qu Lei, Sun Ming, Gu Yue, et al. Study on diversity and functional prediction of rumen microorganisms in black-haired beef cattle based on 16S rRNA high-throughput sequencing technology [J]. Feed Research, 2026(9): 84–88.
- [25] 胡秀花, 孙芷馨, 赵梦洋, 等. 野生松鼠源屎肠球菌的致病性与耐药性分析 [J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(7): 3012–3021.
- Hu Xiuhua, Sun Zhixin, Zhao Mengyang, et al. Pathogenicity and resistance analysis of *Enterococcus faecium* from wild squirrels [J]. Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica, 2023, 54(7): 3012–3021.
- [26] 陈勇生, 黄源春. 临床分离屎肠球菌对8种抗生素的耐药性分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2012, 7(4): 302–304.
- Chen Yongsheng, Huang Yuanchun. Study of the antibiotic resistance of *Enterococcus faecium* [J]. Journal of Parasitic Biology, 2012, 7(4): 302–304.
- [27] 石来虎. 候鸟迁徙过程中病原微生物跨地域传播的潜在风险 [J]. 安徽林业科技, 2026, 52(2): 11–18.
- Shi Laihu. Potential risks of cross-regional transmission of pathogenic microorganisms during migratory bird migration [J]. Anhui Forestry Science and Technology, 2026, 52(2): 11–18.
- [28] 卢劲晔, 高亚兵, 韩心茹, 等. 乳房链球菌感染对乳腺上皮细胞中氨基酸代谢的影响 [J]. 畜牧兽医学报, 2024, 55(4): 1766–1776.
- Lu Jinye, Gao Yabing, Han Xinru, et al. The effect of *Streptococcus uberis* infection on amino acid metabolism in mammary epithelial cells [J]. Acta Veterinaria Et Zootechnica Sinica, 2024, 55(4): 1766–1776.
- [29] Barrak I, Ståjer A, Gajdács M, et al. Small, but smelly: the importance of *Solobacterium moorei* in halitosis and other human infections [J]. Heliyon, 2020, 6(10): e05371.
- [30] De Keukeleire S, De Bel A, Jansen Y, et al. *Yersinia ruckeri*, an unusual microorganism isolated from a human wound infection [J]. New Microbes and New Infections, 2014, 2(4): 134–135.