

基于高通量测序技术的两种水螅水母现场食物研究

徐盛楠^{1,2}, 孙婷婷², 彭赛君², 张建设¹, 董志军^{2,3}

(1. 浙江海洋大学国家海洋设施养殖工程技术研究中心, 浙江 舟山 316022; 2. 中国科学院烟台海岸带研究所牟平海岸带环境综合试验站, 山东 烟台 264003; 3. 中国科学院海洋大科学研究中心, 山东 青岛 266071)

摘要:水母类在自然海区的食物组成是摄食生态学研究的核心问题,本研究利用高通量测序技术分析了两水母类(管花萨氏水母(*Sarsia tubulosa*)和八斑芮氏水母(*Rathkea octopunctata*))的现场食物组成。结果表明:管花萨氏水母和八斑芮氏水母现场摄食食物具有较高的多样性,管花萨氏水母摄食食物31种,八斑芮氏水母29种;两种水母从食物组成上看,属于杂食性生物,其食物包括浮游动物、真菌、浮游植物、陆地植物碎屑等;管花萨氏水母和八斑芮氏水母二者互为捕食对象;二者摄食的食物类群具有相似性,主要来源于节肢动物门和颚足纲,均以太平洋真宽水蚤为摄食优势种,分别贡献两者食物总量的45.14%和42.42%。高通量测序技术是深入探究水母现场食物组成新的技术手段,两种水母的现场食物组成结果为水母摄食生态学的研究提供了重要参考。

关键词:海洋生物学;高通量测序技术;摄食;管花萨氏水母;八斑芮氏水母;18S rDNA

DOI: 10.3969/J. ISSN. 2095-4972. 2020. 01. 007

中图分类号: P735

文献标识码: A

文章编号: 2095-4972(2020)01-0049-08

水母以摄食量高、生长速度快、食物来源广泛等特征,在海洋食物网中占有十分重要的地位^[1]。近年来,水母暴发事件频发,已成为近岸海域典型的海洋生态灾害^[2-3]。暴发的水母类需要消耗大量食物,比如浮游生物、鱼虾贝类幼体等,而激增的摄食量对被摄食者的种群数量和分布都具有不可忽视的影响。同时,水母又可被多种生物类群摄食,企鵝(*Spheniscus*)、银鲳(*Pampus asgenteus*)、绿鳍马面鲀(*Navodon septentrionalis*)以及大型海龟棱皮龟(*Dermochelys coriacea*)等生物类群都会摄食一定数量的水母作为其能量补充^[4-7]。因此,进行水母类的摄食研究对探究水母在海洋食物网中的物质循环及能量流动的地位具有重要意义。

目前,国内外学者对水母类摄食已有较多研究^[8-12],采用的方法主要包括直接镜检法、肠道色素法、脂肪酸标记法和同位素标记法。其中,直接镜检法是最常见的生物食性检测方法,但该方法难以从海洋生物胃腔中鉴定半消化食物种类,同

时,摄入的食物种类通常缺乏清晰的分类学诊断特征,不适用于个体较小生物的食物种类鉴定^[13-14];肠道色素法只能测定含有色素的植物摄食食物,无法有效测定不含色素的动物及其碎屑^[15];脂肪酸标记法可以揭示食物网中的物质流动,定量分析各类食物来源对摄食者的食物贡献程度,但易受到生物特定脂肪酸在空间和时间上的变化^[16]、特定脂肪酸在捕食者体内的变化^[17]及脂肪酸的降解^[18]等因素的限制;同位素标记法能够以碳氮同位素在生物之间的稳定富集作用来揭示捕食者的食物组成,但该方法在复杂的食物网中难以获得更为准确的食物种类结果^[19]。

高通量测序技术(High-throughput DNA Sequencing Technique)是现代分子生物学最重要的分析方法之一,具有信息量大、灵敏度高、成效快、成本低等优势,越来越广泛地应用于生物多样性的研究^[20]。目前,高通量测序技术已被应用于鱼类和龙虾幼体等海洋生物的摄食多样性研究中,揭示了丰富的摄

收稿日期: 2019-01-08

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(41576152, 41876138)

作者简介: 徐盛楠(1995—),女,硕士;E-mail: xsnmhd123@163.com

通讯作者: 董志军(1981—),男,博士,研究员;E-mail: zjdong@yic.ac.cn

食生物多样性^[21-24]。本研究利用高通量测序技术来研究管花萨氏水母(*Sarsia tubulosa*)和八斑芮氏水母(*Rathkea octopunctata*)这两种我国北方近海沿岸水域常见的水母种类的现场食物组成,为快速准确地检测水母类现场食物组成提供新的技术方法。

1 材料与方 法

1.1 样品采集和处理

2018 年 4 月,于威海荣成近岸海域(36.934°N, 122.419°E)采用浅水 I 型浮游生物网(网口直径 50 cm,筛绢孔径 0.505 mm)拖网采集管花萨氏水母和八斑芮氏水母,分装于 15 cm³的灭菌离心管中,并加入 2%的中性鲁哥氏液,避光保存。每个离心管中放置 30 只管花萨氏水母,共 12 个样品;10 只八斑芮氏水母,共 12 个样品,总计 24 个样品。现场固定的水母样品带回实验室后,4 °C 下避光保存。DNA 提取前,使用经 0.22 μm 滤膜过滤的无菌海水清洗样品表面 2~3 次,并在 OLYMPUS SZX10 体视显微镜下观察,确保清洗之后的管花萨氏水母和八斑芮氏水母表面无其他生物或碎屑附着,处理好的样品吸干水分后,转移到 1.5 cm³的灭菌离心管中,每个离心管放置 1 只水母样品。

1.2 样品 DNA 提取

将两种水母样品置于 -80 °C 超低温冰箱冷冻 30 min,用灭菌过的杵棒充分研磨样品。加入 500 mm³ DNA 裂解液,于恒温水浴锅中 55 °C 水浴 48 h,样品总 DNA 提取后,使用 GeneJET Gel Extraction Kit 纯化试剂盒对 DNA 样品进行纯化,纯化后的 DNA 样品冷冻保存于 -20 °C 冰箱。

1.3 PCR 扩增、文库构建与高通量测序

使用带 Barcode 特异引物的 18S V4 区 528F-706R 为引物对提取的 DNA 进行 PCR 扩增。引物序列:528F:5'-GCCTCCCTCGCGCCATCAGGCGGTA-ATTCCAGCTCCAA-3';706R:5'-GCCTTGCCAGCCCG

ATCAGAATCCRAGAATTTTCACCTCT-3'。30 mm³ 的反应体系包括 15 mm³ Phusion Master Mix,3 mm³ 引物,10 mm³ DNA 和 2 mm³ ddH₂O。在 Bio-rad T100 梯度 PCR 仪上进行 PCR 扩增反应:98 °C 预变性 1 min;98 °C 变性 10 s,50 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 30 s,30 个循环;最后 72 °C 保温 5 min。使用 GeneJET 胶回收试剂盒(Thermo Scientific)纯化 PCR 产物,根据 PCR 产物浓度进行等质量混样操作,充分混匀后用 2% 的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物,选择主带大小在 400~450 bp 的序列,割胶回收目标条带。使用 Illumina 公司 Truseq DNA PCR-Free Library Preparation Kit 建库试剂盒进行文库的构建,构建好的文库经 Qubit 定量和文库检测,合格后在 Illumina HiSeq PE250 平台上对文库进行测序,并产生 300 bp 的配对末端读数。

1.4 数据分析

对测序所得到的原始数据(Raw Data)进行拼接和过滤,获取有效数据(Clean Data)。利用获得的有效数据进行 OTUs (Operational Taxonomic Units) 聚类 and 物种分类分析,将所得物种 18S rDNA 的序列在 GeneBank 上找到对应的物种,利用 MEGA 6.0 软件构建 Neighbor-joining(N-J)生物系统进化树进行聚类分析,利用 SPSS 19.0 软件对水母的各门类和纲类摄食物种进行对比分析,得到两种不同水母的摄食结构。

2 结果与分析

2.1 实验结果

由 Illumina HiSeq PE250 平台测序后,本研究共获得原始序列 2 188 641 段,经拼接和过滤后得到有效序列为 2 124 548 段,共筛选有用信息共 34 个 OTUs 用于进一步分析。管花萨氏水母和八斑芮氏水母的具体食物组成及占比具体见表 1。

表 1 管花萨氏水母和八斑芮氏水母食物组成及占比

Tab.1 Prey taxa composition of food detected in *Sarsia tubulosa* and *Rathkea octopunctata*

门类	纲类	目类	种名	摄食种类占比/%	
				管花萨氏水母	八斑芮氏水母
刺胞动物门	水螅水母纲	头螅水母目	管花萨氏水母(<i>Sarsia tubulosa</i>)	0.00	21.75
		丝螅水母目	八斑芮氏水母(<i>Rathkea octopunctata</i>)	26.42	0.00
	管水母纲	钟泳目	五角水母(<i>Muggiæa</i> sp. AGC-2001)	<0.01	0.13
	钵水母纲	旗口水母目	海月水母(<i>Aurelia coerulea</i>)	4.13	7.31
	六放珊瑚纲	囊吻目	小头虫(<i>Capitella</i> sp. LFR-2016)	<0.01	0.19

续表 1

门类	纲类	目类	种名	摄食种类占比/%	
				管花萨氏水母	八斑芮氏水母
节肢动物门	颚足纲	哲水蚤目	太平真宽水蚤(<i>Eurytemora pacifica</i>)	45.14	42.42
			纺锤水蚤(<i>Acartia</i> sp.)	19.42	10.08
			近缘真宽水蚤(<i>Eurytemora affinis</i>)	1.25	16.95
			腹胸刺水蚤(<i>Centropages abdominalis</i>)	0.06	<0.01
			精致真刺水蚤(<i>Euchaeta concinna</i>)	0.00	0.01
	昆虫纲	鳞翅目	粘虫(<i>Mythimna separata</i>)	0.01	0.00
	软甲纲	十足目	宽沟对虾(<i>Melicertus laticulatus</i>)	<0.01	0.03
蜕皮动物门	线虫纲	垫刃目	松材线虫(<i>Bursaphelenchus xylophilus</i>)	0.45	0.01
脊索动物门	辐鳍鱼纲	鲈形目	罗非鱼(<i>Oreochromis niloticus</i>)	0.06	<0.01
扁形动物门	被杆体纲	大口虫目	微口涡虫(<i>Microstomum</i> sp. A TJ-2015)	0.01	0.74
软体动物门	双壳纲	帘蛤目	丽文蛤(<i>Meretrix lusoria</i>)	<0.01	<0.01
环节动物门	多毛纲	海稚虫目	才女虫(<i>Polydora</i> sp.)	<0.01	0.04
轮虫动物门	单巢纲	游泳轮虫目	椎轮虫(<i>Notommata</i> sp.)	<0.01	<0.01
被子植物门	双子叶植物纲	荨麻目	构树(<i>Broussonetia papyrifera</i>)	0.03	<0.01
		十字花目	菜心(<i>Brassica rapa</i>)	<0.01	<0.01
		豆目	大豆(<i>Glycine max</i>)	0.01	<0.01
	百合纲	禾本目	小麦(<i>Triticum aestivum</i>)	<0.01	0.00
绿藻门	真绿藻纲	绿球藻目	微胞藻(<i>Micromonas</i> sp. RCC830)	0.00	0.01
子囊菌门	座囊菌纲	煤炱目	枝孢菌(<i>Cladosporium</i> sp.)	0.07	<0.01
	半子囊菌纲	酵母菌目	清酒假丝酵母(<i>Candida sake</i>)	0.05	<0.01
半知菌门	丝孢纲	丝孢目	黑色附球菌(<i>Epicoccum nigrum</i>)	0.01	0.00
			链格孢菌(<i>Alternaria alternata</i>)	0.01	0.00
担子菌门	担子菌纲	马拉色菌目	限制性马拉色菌(<i>Malassezia restricta</i>)	<0.01	<0.01
变形菌门	甲型变形菌纲	根瘤菌目	豆科根瘤菌(<i>Rhizobium leguminosarum</i>)	<0.01	<0.01
硅藻门	羽纹纲	等片藻目	条纹脆杆藻(<i>Grammonema striatula</i>)	0.39	0.01
	中心硅藻纲	盘状硅藻目	海链藻(<i>Thalassiosira guillardii</i>)	0.04	<0.01
端复胞器门	孢子虫纲	血孢子虫目	卵形疟原虫(<i>Plasmodium ovale wallikeri</i>)	1.08	0.02
纤毛门	旋毛纲	急游目	急游虫(<i>Strombidium biarmatum</i>)	<0.01	0.02
	寡膜纲	固着目	居间聚缩虫(<i>Zoothamnium intermedium</i>)	0.65	0.02

两种水螅水母共鉴定出 34 种食物种类,其中管花萨氏水母食物种类为 31 种,包括刺胞动物门、节肢动物门、端复胞器门、纤毛门等 16 个门类,颚足纲、钵水母纲、孢子虫纲、寡膜纲等 25 个纲类。管花萨氏水母现场摄食食物的主要门类组成为节肢动物门和刺胞动物门,分别占其食物来源的 66.29% 和 30.76% (图 1);主要的纲类组成为颚足纲、水螅水母纲和钵水母纲,分别占其食物来源的 66.28%、26.58% 和 4.16% (图 2)。管花萨氏水母主要的食物种类是太平真宽水蚤(*Eurytemora pacifica*)和八斑

芮氏水母,二者分别占到其食物来源的 45.14% 和 26.42% (表 1)。

八斑芮氏水母共鉴定出 29 种食物种类,包括节肢动物门、刺胞动物门、扁形动物门、纤毛门等 16 个门类,颚足纲、水螅水母纲、钵水母纲、被杆体纲等 23 个纲类。八斑芮氏水母现场摄食食物的主要门类组成同样为节肢动物门和刺胞动物门,分别占 69.63% 和 29.44% (图 3);主要的纲类组成为颚足纲、水螅水母纲和钵水母纲,分别占 69.59%、21.79% 和 7.31% (图 4)。八斑芮氏水母主要的食

物种类是太平真宽水蚤和管花萨氏水母,分别占 42.42% 和 21.75% (表 1)。

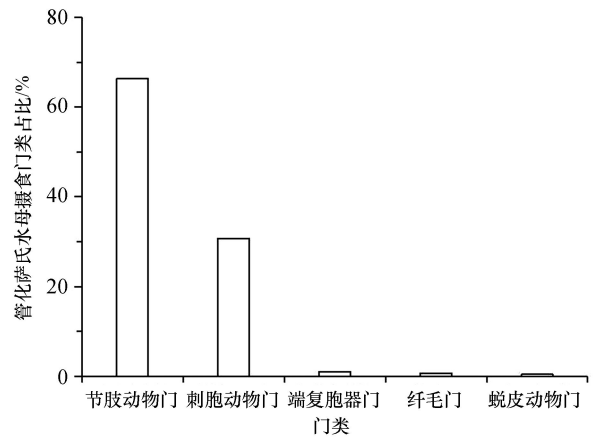


图 1 管花萨氏水母现场摄食食物种类的主要门类占比
Fig. 1 Prey composition of important phyla in the food of *Sarsia tubulosa*

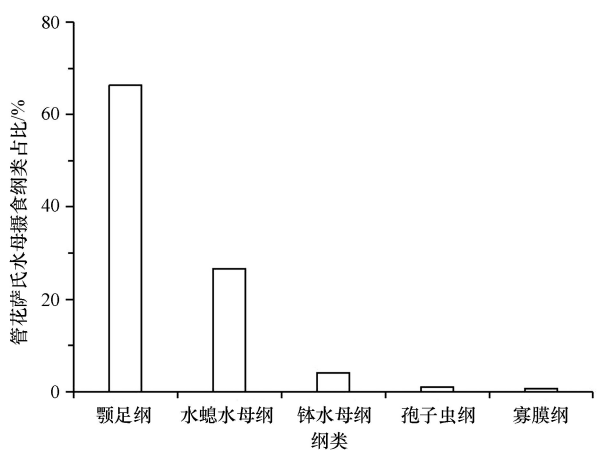


图 2 管花萨氏水母现场摄食食物种类的主要纲类占比
Fig. 2 Prey composition of important classes in the food of *Sarsia tubulosa*

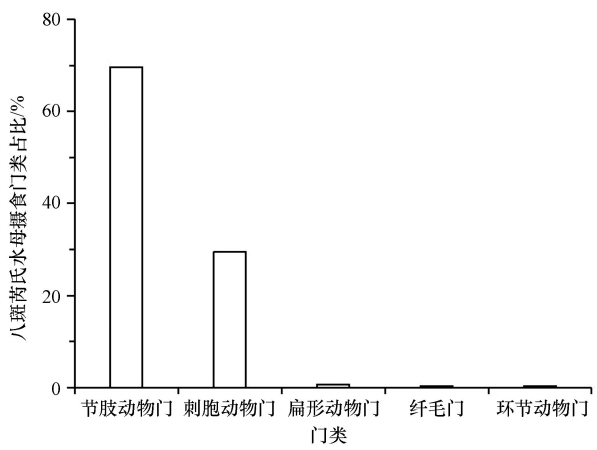


图 3 八斑芮氏水母现场摄食食物种类的主要门类占比
Fig. 3 Prey composition of important Phyla in the food of *Rathkea octopunctata*

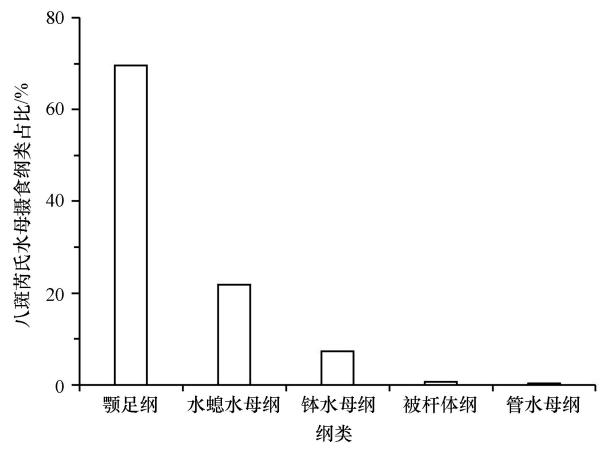


图 4 八斑芮氏水母现场摄食食物种类的主要纲类占比
Fig. 4 Prey composition of important classes in the food of *Rathkea octopunctata*

基于 18S rDNA, 使用邻接法构建的 Neighbor-joining (N-J) 生物系统进化树 (图 5), 对管花萨氏水母和八斑芮氏水母的现场摄食食物进行的聚类分析发现, 两者的共同摄食种类包括海月水母 (*Aurelia coerulea*)、太平真宽水蚤、纺锤水蚤 (*Acartia* sp.)、近缘真宽水蚤 (*Eurytemora affinis*) 等 26 种食物, 其中桡足类为 4 种, 且该类群在管花萨氏水母和八斑芮氏水母的摄食食物组成中占有很高的比例, 分别为 66.28% 和 69.59%。管花萨氏水母独有的摄食食物种类包括八斑芮氏水母、粘虫 (*Mythimna separata*)、小麦 (*Triticum aestivum*)、黑色附球菌 (*Epicoccum nigrum*) 和链格孢菌 (*Alternaria alternata*) 5 种, 而八斑芮氏水母独有的摄食食物种类则包括管花萨氏水母、精致针刺水蚤 (*Euchaeta concinna*) 和微胞藻 (*Micromonas* sp. RCC830) 3 种。

2.2 讨论

研究结果表明, 管花萨氏水母和八斑芮氏水母现场摄食食物种类具有较高的多样性。管花萨氏水母摄食食物种类 31 种, 涉及节肢动物门、刺胞动物门、端复胞器门等 16 个门类, 颚足纲、水螅水母纲、钵水母纲等 25 个纲类; 八斑芮氏水母摄食食物种类 29 种, 涉及节肢动物门、刺胞动物门、扁形动物门等 16 个门类, 颚足纲、水螅水母纲、钵水母纲等 23 个纲类, 摄食种类多样, 门类广泛。水母的广食性, 在本研究中再一次得到了证实, 在之前的对水母摄食的研究中, 已有研究学者提出此观点。Purcell 等 (2003) 在对海月水母、狮鬃水母 (*Cyanea capillata*) 和多管水母 (*Aequorea aequorea*) 3 种大型水母的摄食研究中发现, 桡足类、桡足类幼体和枝角类都是它们的主要摄食对象^[25]。陈丽华等 (2003) 发现港球

侧腕水母 (*Pleurobrachia globosa*) 可摄食长尾类幼体、短尾类幼体、蔓足类无节幼体、桡足类和端足类等多种生物种类^[9]。Riascos 等 (2016) 发现在大型钵水母 *Chrysaora plocamia* 的摄食物种中鱼卵、鱼幼体和甲壳类浮游动物均占较大比例,约 52.4% ~

99.3%^[26]。Underwood 等 (2007) 在伊鲁坎吉水母 (*Carukia barnesi*) 肠道中发现了鱼卵、鱼类的幼体和节肢动物门的动物^[11]。由此可见,水母的摄食食物种类多样,且来源广泛。

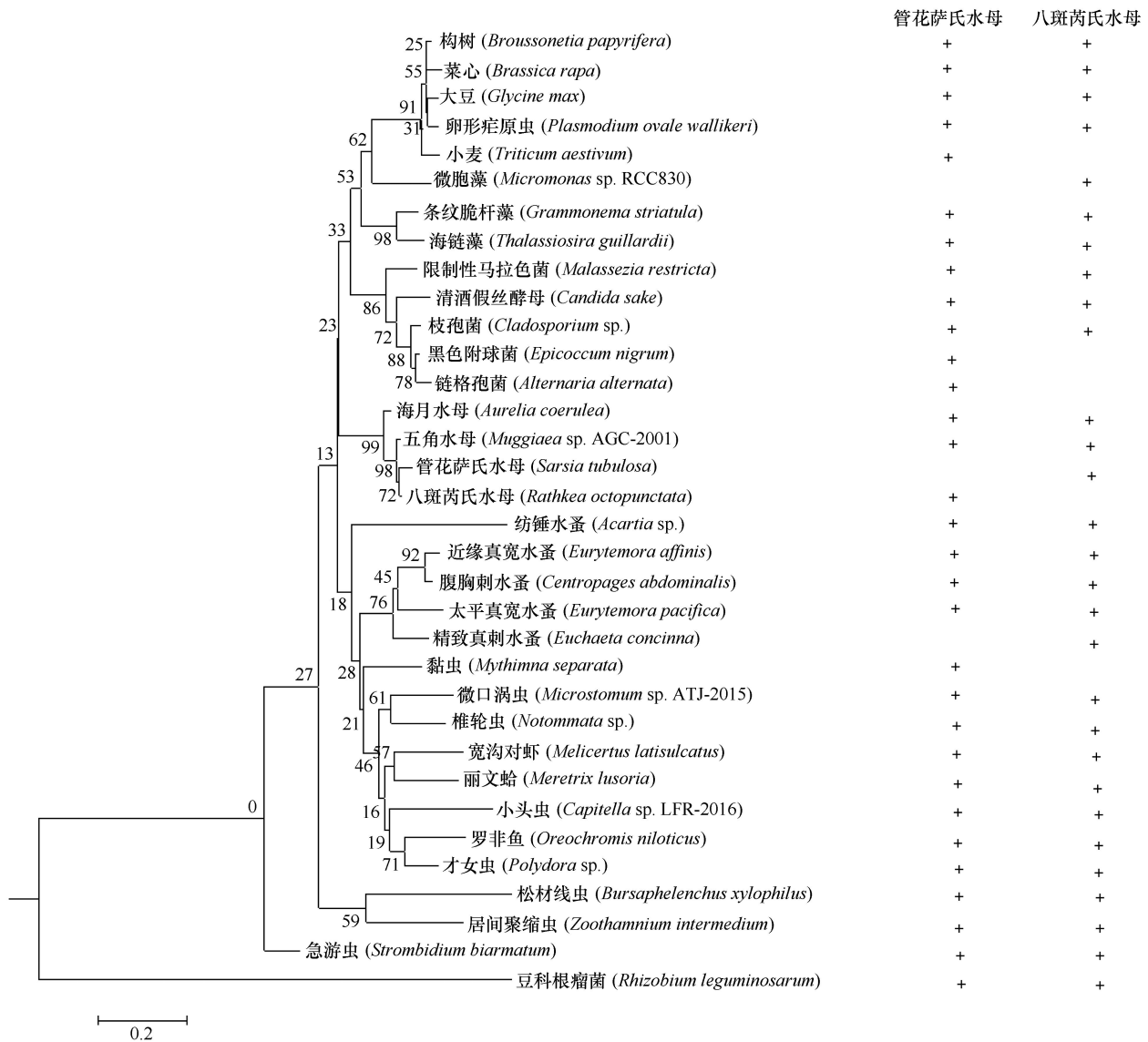


图 5 基于 18S rDNA 构建 Neighbor-joining (N-J) 生物系统进化树
 Fig. 5 Neighbor-joining (N-J) phylogenetic tree of prey species based on 18S rDNA
 “+”表示摄食食物种类中含有该物种,无“+”则表示无该物种。

管花萨氏水母和八斑芮氏水母的主要食物来源均为节肢动物门、颚足纲,主要食物种类均为桡足类的太平真宽水蚤。Pagès 等 (1996) 对藪枝水母 (*Obelia* spp.) 和八斑芮氏水母的胃含物的检测,以拟长腹剑水蚤 (*Oithona similis*) 和诺氏三角溞 (*Evadne nordmanni*) 两种桡足类生物为主要的摄食物种^[27],与本研究得出的主要摄食的桡足类种类不同,推测可能是由于水母所处海域环境不同,桡足类

优势种存在差异造成的。在 Arai (1997) 对霞水母 (*Cyanea* sp.) 和口冠水母 (*Stomolophus meleagris*) 的胃含物的分析研究中,同样发现桡足类是其摄食的主要食物类群^[28]。因此,桡足类是水母类的重要食物来源。

本研究发现,管花萨氏水母和八斑芮氏水母的摄食食物除浮游动物外,还包括少量真菌、浮游植物。在管花萨氏水母的摄食物种中发现了枝孢菌

(*Cladosporium* sp.)、清酒假丝酵母(*Candida sake*)、黑色附球菌、链格孢菌和限制性马拉色菌(*Malassezia restricta*) 5 种真菌以及条纹脆杆藻(*Grammonema striatula*)和海链藻(*Thalassiosira guillardii*) 2 种藻类;在八斑芮氏水母的摄食物种中发现了枝孢菌、清酒假丝酵母和限制性马拉色菌 3 种真菌以及微胞藻、条纹脆杆藻和海链藻 3 种藻类。因此,管花萨氏水母和八斑芮氏水母均属于杂食性。本研究发现水母摄食组成中含有真菌和浮游植物并非偶然,曾有学者提到前寒武纪时期,在较大型的浮游生物出现之前刺胞动物会摄食真菌和藻类^[29]。马喜平等(1998)认为水母会选择性地摄食一些浮游植物和有机碎屑来补充其能量需求^[30]。然而真菌和浮游植物与水母之间的营养关系还存在其他可能。真菌在沿海水域极为丰富,通常附着于浮游植物、浮游颗粒和有机聚集体上或以自由形式存在^[31]。众多研究发现桡足类的现场摄食食物中含有枝孢菌、马拉色菌(*Malassezia*)和短梗霉菌(*Aureobasidium*),但它们与海洋桡足类之间的营养关系并没有得到肯定^[32-33]。Riemann 等(2010)在欧洲鳗(*Anguilla anguilla*)肠道含物的 DNA 检测中发现真菌序列,但考虑到与其他海洋生物间的相互作用,并无法确定二者之间的捕食关系^[34]。同理,水母和真菌之间的摄食和营养关系同样也需要进一步研究。此外,在本研究中管花萨氏水母和八斑芮氏水母对浮游植物的摄食比例较小,所摄食的浮游植物以硅藻类占比较大,且硅藻类浮游植物是桡足类摄食的主要食物类群,而桡足类又是管花萨氏水母和八斑芮氏水母主要的摄食物种,由此我们推测成体管花萨氏水母和八斑芮氏水母可能并非直接摄食浮游植物,而是在摄食桡足类时将其体内未消化的浮游植物碎屑一同摄入体内。

研究结果中管花萨氏水母和八斑芮氏水母的摄食食物种类中还含有少量的陆地植物碎屑,包括构树(*Broussonetia papyrifera*)、小麦、菜心(*Brassica rapa*)和大豆(*Glycine max*) 4 种。这 4 种陆地植物为当地的常见物种,且在采样时间内较为丰富,因此,可能成为水母摄食的一部分。但无法确定管花萨氏水母和八斑芮氏水母是直接摄食陆生植物(碎屑)

以维持其食物摄入量作为能量补充,还是由于摄食的桡足类体内含有未被消化的陆生植物碎屑而间接进入水母体内。有研究者认为,当存在异养微生物时,陆地植物的花粉可以刺激浮游动物的生长^[35],除花粉碎屑外,其他类型的陆地植物碎屑也会成为浮游动物摄食的一部分^[36-37]。胡思敏等(2015)的研究发现陆地植物在桡足类摄食食物中占据一定比例^[33]。由于目前尚未见对水母摄食陆地植物和相关物种的研究报道,因此,我们需进行进一步的现场或室内摄食实验分析来了解沿海生态系统中不同生物之间的摄食及营养关系,以确定陆地植物的营养价值和在水母摄食中的贡献作用。

管花萨氏水母和八斑芮氏水母互为捕食对象,且在双方食物比重中的占比较高。管花萨氏水母摄食八斑芮氏水母的比例占总摄食食物比例的 26.42%,八斑芮氏水母摄食管花萨氏水母的比例也达到了 21.75%。除此之外,二者还均摄食海月水母等其他水母种类。水母相互捕食的现象并非个例,Hansson 等(1997)发现狮鬃水母会捕食海月水母以及其他水母^[38],马喜平等也曾在其研究中指出水母类之间的捕食现象较为普遍^[30]。

3 结论

本研究利用高通量测序的方法对管花萨氏水母和八斑芮氏水母的现场食物组成进行了研究,对两种水母的摄食结构进行了系统的讨论。其研究结果表明:

(1)管花萨氏水母和八斑芮氏水母的摄食食物种类具有多样性,管花萨氏水母摄食种类为 31 种,涉及 16 个门类、25 个纲类;八斑芮氏水母摄食种类为 29 种,涉及 16 个门类、23 个纲类。

(2)两种水母从摄食物种上看属于杂食性,其食物组成包括浮游动物、真菌、浮游植物、陆地植物碎屑等。

(3)管花萨氏水母和八斑芮氏水母二者互为捕食对象。

(4)二者的摄食结构具有相似性,共包含 26 种相同的摄食物种,且均以节肢动物门和颚足纲的食物类群为主,以太平真宽水蚤为优势种。

参考文献:

- [1] GRAHAM W M, KROUTIL R M. Size-based prey selectivity and dietary shifts in the jellyfish, *Aurelia aurita*[J]. *Journal of Plankton Research*, 2001, 23(1): 67-74.
- [2] DONG Z J, LIU D Y, KEESING J. Jellyfish blooms in China: dominant species, causes and consequences[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2010, 60(7): 954-963.

- [3] PURCELL J E. Jellyfish and ctenophore blooms coincide with human proliferations and environmental perturbations[J]. Annual Review of Marine Science, 2012, 4: 209-235.
- [4] THIEBOT J B, ARNOULD J P, GÓMEZ-LAICH A, et al. Jellyfish and other gelata as food for four penguin species-insights from predator-borne videos[J]. Frontiers in Ecology and the Environment, 2017, 15(8): 437-441.
- [5] 童玉和, 李忠义, 郭学武. 黄海南部银鲱的摄食生态[J]. 渔业科学进展, 2013, 34(2): 20-28.
- [6] 刘春胜, 庄志猛, 陈四清, 等. 绿鳍马面鲀 (*Navodon septentrionalis*) 对 4 种大型水母的捕食行为[J]. 渔业科学进展, 2014, 35(6): 30-38.
- [7] HEASLIP S G, IVERSON S J, BOWEN W D, et al. Jellyfish support high energy intake of Leatherback Sea turtles (*Dermochelys coriacea*): video evidence from animal-borne cameras[J]. PLoS ONE, 2012, 7(3): e33259.
- [8] 郑慧苑, 丘书院. 厦门港球型侧腕水母 (*Pleurobrachia globosa*) 摄食的初步研究[J]. 台湾海峡, 1990, 9(3): 200-205.
- [9] 陈丽华, 陈钢, 李少菁, 等. 厦门港球型侧腕水母 (*Pleurobrachia globosa*) 的摄食研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2003, 42(2): 228-232.
- [10] BAMSTEDT U, MARTINUSSEN M B, MATSAKIS S. Trophodynamics of the two scyphozoan jellyfishes, *Aurelia auritia* and *Cyanea capillata*, in western Norway[J]. ICES Journal of Marine Science, 1994, 51(4): 369-382.
- [11] UNDERWOOD A H, SSMOUR J E. Venom ontogeny, diet and morphology in *Carukia barnesi*, a species of Australian box jellyfish that causes Irukandji syndrome[J]. Toxicon, 2007, 49(8): 1 073-1 082.
- [12] LILLEY M K, HOUGHTON J D, HAYS G C. Distribution, extent of inter-annual variability and diet of the bloom-forming jellyfish *Rhizostoma* in European waters[J]. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 2009, 89(1): 39-48.
- [13] POMPANON F, DEAGLE B E, SYMONDSON W O, et al. Who is eating what: diet assessment using next generation sequencing[J]. Molecular Ecology, 2012, 21(8): 1 931-1 950.
- [14] CHEN M R, SAMBA K, HWANG J S. Diet of the copepod *Calanus sinicus* Brodsky, 1962 (Copepoda, Calanoida, Calanidae) in northern coastal waters of Taiwan during the northeast monsoon period[J]. Crustaceana, 2010, 83(7): 851-864.
- [15] 黄友松. 基于分子生物学技术的黄渤海沿岸两种常见桡足类的现场食物研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2013.
- [16] IVERSON S J, FROST K J, LOWRY L F. Fatty acid signatures reveal fine scale structure of foraging distribution of harbor seals and their prey in Prince William Sound, Alaska[J]. Marine Ecology Progress Series, 1997, 151: 255-271.
- [17] IVERSON S J, FIELD C, DON B W, et al. Quantitative fatty acid signature analysis: a new method of estimating predator diets[J]. Ecological Monographs, 2004, 74(2): 211-235.
- [18] HOOKER S K, IVERSON S J, OSTROM P, et al. Diet of northern bottlenose whales inferred from fatty-acid and stable-isotope analyses of biopsy samples[J]. Canadian Journal of Zoology, 2001, 79(8): 1 442-1 454.
- [19] OVERMAN N C, PARRISH D L. Stable isotope composition of walleye: ^{15}N accumulation with age and area-specific differences in $\delta^{13}\text{C}$ [J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2011, 58(6): 1 253-1 260.
- [20] GILAD Y J, PRITCHARD J K, THORNTON K. Characterizing natural variation using next-generation sequencing technologies [J]. Trends in Genetics, 2009, 25(10): 463-471.
- [21] O'Rourke R, LAVERY S D, CHOW H, et al. Determining the diet of larvae of western rock lobster (*Panulirus cygnus*) using high-throughput DNA sequencing techniques[J]. PLoS ONE, 2012, 7: e42757.
- [22] O'RORKE R, LARVEY S D, WANG M, et al. Determining the diet of larvae of the red rock lobster (*Jasus edwardsii*) using high-throughput DNA sequencing techniques[J]. Marine Biology, 2014, 161: 551-563.
- [23] ALBAINA A, AGUIRRE M, ABAD D, et al. 18S rRNA V9 metabarcoding for diet characterization: a critical evaluation with two sympatric zooplanktivorous fish species[J]. Ecology and Evolution, 2016, 6(6): 1 809-1 824.
- [24] SU M L, LIU H F, LIANG X M, et al. Dietary analysis of marine fish species: enhancing the detection of prey-specific DNA sequences via high-throughput sequencing using blocking primers[J]. Estuaries and Coasts, 2018, 41: 560-571.
- [25] PURCELL J E. Predation on zooplankton by large jellyfish, *Aurelia labiata*, *Cyanea capillata* and *Aequorea aequorea*, in Prince William Sound, Alaska[J]. Marine Ecology, 2003, 246: 137-152.
- [26] RIASCOS J M, VILLEGAS V, PACHECO A S. Diet composition of the large scyphozoan jellyfish *Chrysaora plocamia* in a highly productive upwelling centre on northern Chile[J]. Marine Biology Research, 2014, 10(8): 791-798.
- [27] PAGÈS F, GONZÁLEZ H E, GONZÁLEZ S R. Diet of the gelatinous zooplankton in Hardangerfjord (Norway) and potential predatory impact by *Aglantha digitale* (Trachymedusae)[J]. Marine Ecology Progress Series, 1996, 139: 69-77.
- [28] ARAI M N. A functional biology of scyphozoa[M]. London: Chapman & Hall, 1997.

- [29] ÖSTMAN C. Abundance, feeding behaviour and nematocysts of scyphopolyps (Cnidaria) and nematocysts in their predator, the nudibranch *Coryphella verrucosa* (Mollusca) [J]. *Hydrobiologia*, 1997, 355: 21-28.
- [30] 马喜平, 凡守军. 水母类在海洋食物网中的作用[J]. *海洋科学*, 1998, 22(2): 38-41.
- [31] WANG X, SINGH P, GAO Z, et al. Distribution and diversity of planktonic fungi in the West Pacific Warm Pool[J]. *PLoS ONE*, 2014, 9(7): e101523.
- [32] RICHARDS T A, JONES M D, LEONARD G, et al. Marine fungi: their ecology and molecular diversity[J]. *Annual Review of Marine Science*, 2012, 4: 495-522.
- [33] HU S M, GUO Z L, LI T, et al. Molecular analysis of *in situ* diets of coral reef copepods: evidence of terrestrial plant detritus as a food source in Sanya Bay, China[J]. *Journal of Plankton Research*, 2015, 37(2): 1-9.
- [34] RIEMANN L, ALFREDSSON H, HANSEN M M, et al. Qualitative assessment of the diet of European eel larvae in the Sargasso Sea resolved by DNA barcoding[J]. *Biology Letters*, 2010, 6(6): 819-822.
- [35] MASCLAUX H, BEC A, KAGAMI M, et al. Food quality of anemophilous plant pollen for zooplankton[J]. *Limnology and Oceanography*, 2011, 56(3): 939-946.
- [36] HEINLE D, HARRI R, USTACH J, et al. Detritus as food for estuarine copepods[J]. *Marine Biology*, 1977, 40(4): 341-353.
- [37] ROMAN M R. Utilization of detritus by the copepod, *Acartia tonsa*[J]. *Limnology and Oceanography*, 1984, 29(5): 949-959.
- [38] HANSSON L J. Capture and digestion of the scyphozoan jellyfish *Aurelia aurita* by *Cyanea capillata* and prey response to predator contact[J]. *Journal of Plankton Research*, 1997, 19(2): 195-208.

Dietary analysis of two hydromedusa *in situ* based on high-throughput sequencing technique

XU Sheng-nan^{1,2}, SUN Ting-ting², PENG Sai-jun², ZHANG Jian-she¹, DONG Zhi-jun^{2,3}

(1. National Engineering Research Center for Marine Aquaculture, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China;

2. Muping Coastal Environment Research Station, Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, Yantai 264003, China; 3. Center for Ocean Mega-Science, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China)

Abstract: The diet composition of jellyfish is a key issue of feeding ecology research. This paper used high-throughput DNA sequencing technique to identify the food composition of *Sarsia tubulosa* and *Rathkea octopunctata*, *in situ*. The results showed that the food types of *Sarsia tubulosa* and *Rathkea octopunctata* were multitudinous. The *Sarsia tubulosa* predated 31 different species, while the *Rathkea octopunctata* preyed 29. In term of food composition, the two species of jellyfish were omnivorous organisms, included zooplankton, fungi, phytoplankton, terrestrial plant detritus and so on. The *Sarsia tubulosa* and *Rathkea octopunctata* were mutual predators. The food groups of 2 species were similar. Arthropods and Maxillopoda were the most frequently observed phylum and class in the food of both *Sarsia tubulosa* and *Rathkea octopunctata*. The dominant species was *Eurytemora pacifica*, which accounted for 45.14% and 42.42% of the food source, respectively. The utilization of high-throughput sequencing technique is a new and useful tool for studying the diet of jellyfish *in situ*, and the food composition resulted from 2 jellyfish provides a significant reference for jellyfish feeding ecology.

Key words: marine biology; high-throughput sequencing technique; feeding; *Sarsia tubulosa*; *Rathkea octopunctata*; 18S rDNA

DOI: 10.3969/J. ISSN.2095-4972.2020.01.007

(责任编辑:王 静)