

doi: 10.16104/j.issn.1673-1891.2023.03.002

不同模式金刚虾养殖水体和肠道微生物菌群变化分析

王 伟¹, 崔 茜¹, 蔡章印², 黄永春¹

(1.集美大学水产学院, 福建 厦门 361021; 2.龙海市顺源水产科技有限公司, 福建 龙海 363100)

摘要:为了探究不同养殖模式对金刚虾(*Penaeus monodon*)养殖水体菌群和虾体肠道菌群的组成及其差异,以低盐土池养殖(盐度:8.3‰,简称低盐土池组)、低盐高位池养殖(盐度:7.8‰,简称低盐高位池组)和高盐高位池(盐度:23.4‰,简称高盐组)3种养殖模式下的金刚虾为试验对象,利用高通量测序技术,对其在40、80和120 d时养殖水体菌群和虾体肠道菌群结构及其多样性进行了研究。结果显示:不同养殖模式养殖水体和虾体肠道菌群在对虾不同阶段中的变化差异有统计学意义($P < 0.05$)。低盐土池、低盐高位池、高盐高位池水体中分别检测出微生物1 005、1 443、1 282种,分别隶属于26、29、29个门;肠道中分别检测出微生物1 521、877、451种,分别隶属于38、23、21个门。不同模式金刚虾养殖水体菌群的优势门分别为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝藻门(Cyanobacteria)和脱硫杆菌门(Desulfobacterota);虾体肠道中的优势门分别为厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和蓝藻门。分属变形菌门的红杆菌科(Rhodobacteraceae)均为水体和肠道中的优势菌,分属厚壁菌门的乳杆菌科(Lactobacillaceae)仅在金刚虾肠道中表现为优势;在金刚虾肠道中,红杆菌科是养殖前期主要的优势菌,乳杆菌属(*Lactobacillus*)和魏斯氏菌属(*Weissella*)在养殖后期肠道中表现出绝对优势。结论:不同养殖模式金刚虾养殖水体和肠道菌群存在明显差异,高盐高位池中红杆菌科和乳杆菌科的相对丰度显著优于低盐土池和低盐高位池。

关键词:金刚虾;养殖模式;微生物菌群

中图分类号:S968.22 **文献标志码:**A **文章编号:**1673-1891(2023)03-0007-08

Analysis of Changes in the Waterflora and Intestinal Microflora of *Penaeus monodon* in Different Cultural Models

WANG Wei¹, CUI Xi¹, CAI Zhangyin², HUANG Yongchun¹

(1.Fisheries College, Jimei University, Xiamen, Fujian 361021, China; 2.Longhai Shunyuan Aquatic Technology Co. Ltd., Longhai, Fujian 363100, China)

Abstract: In order to investigate the differences in the composition of water flora and intestinal flora of *penaeus monodon* caused by different culture modes, the experiment was carried out in low-salt soil ponds (salinity: 8.3‰, hereinafter referred to as the low-salt soil pond group), low-salt intensive pond culture (salinity: 7.8‰, hereinafter referred to as the low-salt intensive pond group), and high-salt intensive pond (salinity: 23.4‰, hereinafter referred to as the high-salt group). High throughput sequencing technology was used to study the structure and diversity of *Penaeus monodon* aquaculture water microbiota and intestinal microbiota at 40, 80, and 120 days respectively. The structure and diversity of water flora and intestinal flora were investigated. The results showed that there were significant differences in the changes of culture water and intestinal flora in different stages of shrimp in different culture modes ($P < 0.05$). There were 1 005, 1 443, and 1 282 microbial species detected in the water column of low-salt soil pond, low-salt intensive pond and high-salt intensive pond, belonging to 26, 29, and 29 phyla respectively; 1 521, 877, and 451 microbial species were detected in the intestines, belonging to 38, 23, and 21 phyla respectively. The dominant phyla in the water flora of different models of *Penaeus monodon* culture were Phylum Anaplasma, Phylum Actinomycetes, Phylum Anaplasma, Phylum Cyanobacteria and Phylum Desulfobacterota; the dominant phyla in the intestines were Phylum Firmicutes, Phylum Actinomycetes, Phylum Anaplasma, Phylum Firmicutes, Phylum Actinomycetes, Phylum Anaplasma and Phylum Cyanobacteria. The Rhodobacteraceae belonging to the

收稿日期:2023-04-28

基金项目:福建省科技厅高校产学研合作重大项目(2017N5012);福建省科技特派员后补项目(2021S2001)。

作者简介:王伟(1994—),男,河南南阳人,硕士,研究方向:水产动物健康养殖,e-mail:2471743101@qq.com。

phylum Anaplasma were dominant in both the water column and the gut, while the lactobacillaceae belonging to the phylum Thick-walled were dominant only in the gut of *penaeus monodon*; in the gut of *Penaeus monodon*, the Rhodobacteraceae were the main dominant bacteria in the early stages of culture, while the *lactobacillus* and *weisseria* spp. showed absolute dominance in the gut in the later stages of culture. The results showed that there were significant differences in the water flora and intestinal microflora of *penaeus monodon* in different cultural modes. The relative abundance of Rhodobacteraceae and Lactobacillus in high salt high position ponds was significantly higher than that in low salt soil ponds and low salt high position ponds. Some bacteria in *lactobacillus* and *weisseria* genera may be potential probiotics during the *Penaeus monodon* culturing process.

Keywords: *Penaeus monodon*; cultural modes; microbial flora

0 引言

金刚虾(*Penaeus monodon*),也称南非斑节对虾、莫桑比克草虾,原产于非洲莫桑比克等地^[1],隶属节肢动物门(Arthropoda)、甲壳纲(Crustacea)、十足目(Decapoda)、对虾科(Penaeidae)、对虾属(*Penaeus*),具有生长速度快、抗病力强、营养丰富等特点^[2],是重要的经济养殖品种,广泛养殖于我国南方沿海地区^[3]。

水体中的微生物是水体生态系统的重要组成部分^[4],盐度作为一种基本的水产养殖要素,会干扰水体微生物的新陈代谢,进而影响水中氮磷污染物的转化降解^[5]。肠道微生物影响生物的营养吸收与代谢、生长发育以及胃肠道功能,是影响生物消化系统和免疫功能的重要因素^[6]。不同的养殖条件下,生物肠道内微生物门类及优势种存在差异。王晓璐等^[7]对工厂化养殖模式中的南非斑节对虾肠道微生物多样性和群落结构进行研究,发现其肠道菌群结构中变形菌门含量最高,这与凡纳滨对虾^[8-9]的研究结果一致。然而,不同养殖模式下养殖水体和肠道微生物菌群的组成与变化研究较少。

本研究采用高通量测序技术对低盐土池、低盐高位池和高盐高位池3种模式金刚虾不同阶段养殖水体和虾肠道菌群进行分析,比较分析微生物群落结构组成和变化,以期从微生态方面丰富金刚虾健康养殖的基础理论,为金刚虾养殖的科学健康发展提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用金刚虾养殖于福建省龙海市某养殖场,根据生长阶段每40 d取样一次,取样前禁食24 h。对养殖水体和虾体肠道进行微生物多样性分析。

养殖水体处理:采用5点采样法^[10]取水样后在无菌桶中进行均匀混合,混合后取1.0 L水样装入无

菌聚乙烯瓶并在2 h内带回实验室。每个养殖池分别取500 mL水样,用0.22 μm的CA膜进行抽滤,所得滤膜用无菌自封袋封装标记,-40 °C保存备用。低盐土池、低盐高位池和高盐高位池均于40、80、120 d采集水体样本,并分别标记为:TS1~3、DS1~3和GS1~3。

虾体肠道处理:用无菌海水冲洗金刚虾虾体3次,擦干水并用75%酒精擦拭金刚虾体表,用无菌镊子和剪刀取出金刚虾肠道。每个养殖池取5尾虾,所取肠道合并后分别放于2 mL无菌冷冻管,-40 °C保存备用。

低盐土池、低盐高位池和高盐高位池均于40、80、120 d采集肠道样本,并分别标记为TC1~3、DC1~3和GC1~3。

1.2 检测方法

利用第2代DNA高通量测序技术进行16S rDNA PCR产物测序,所有样品均由上海美吉生物医药科技有限公司(以下简称上海美吉)进行测序分析。

1.3 数据统计与分析

利用上海美吉生物云平台分析数据,进行OTU聚类分析,计算Alpha多样性指数。

2 结果与分析

2.1 菌群物种组成

不同养殖模式信息如表1所示,对不同养殖模式金刚虾养殖水体菌群进行OTU聚类分析(相似性≥97%),结果如表2所示。低盐土池有1 005个OTU,主要分布在26个门,64个纲,177个目,293个科,466个属,683个种中。低盐高位池有1 443个OTU,主要分布在29个门,66个纲,173个目,303个科,560个属,849个种中。高盐高位池有1 282个OTU,主要分布在29个门,61个纲,156个目,276个科,499个属,755个种中。

对不同养殖模式金刚虾虾体肠道菌群进行

表1 不同养殖模式信息

养殖模式	盐度/‰	水深/ m	面积/ m ²	放养密度/(万 尾·m ⁻³)
低盐土池	8.3	1.5	2 000	0.8~1.3
低盐高位池	7.8	3.0	667	5.0~6.5
高盐高位池	23.4	3.0	667	6.7~8.3

表2 不同养殖模式下金刚虾养殖水体微生物物种总类 个

水体样本	门	纲	目	科	属	种	OTU
低盐土池	26	64	177	293	466	683	1 005
低盐高位池	29	66	173	303	560	849	1 443
高盐高位池	29	61	156	276	499	755	1 282

OTU 聚类分析(相似性 $\geq 97\%$),结果如表3所示。低盐土池有1 521个OTU,主要分布在38个门,104个纲,255个目,408个科,723个属,1 088个种中。低

盐高位池有877个OTU,主要分布在23个门,47个纲,146个目,252个科,464个属,624个种中。高盐高位池有451个OTU,主要分布在21个门,39个纲,98个目,166个科,275个属,355个种中。

表3 不同养殖模式下金刚虾肠道微生物物种总类 个

肠道样本	门	纲	目	科	属	种	OTU
低盐土池	38	104	255	408	723	1 008	1 521
低盐高位池	23	47	146	252	464	624	877
高盐高位池	21	39	98	166	275	355	451

2.2 菌群多样性

不同模式金刚虾养殖水体菌群多样性如表4所示,样本覆盖度(Coverage)均在99.4%以上,表明测序结果可以真实反映不同养殖模式不同生长阶段金刚虾养殖水体菌群组成。

表4 不同模式金刚虾养殖水体菌群多样性

时间/d	Shannon 指数			Chao 指数			Heip 指数		
	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池
40	4.465	4.421	3.627	1 024.479	948.495	738.400	0.096	0.142	0.063
80	3.236	3.935	4.105	487.783	772.122	814.408	0.065	0.079	0.082
120	3.365	4.357	4.500	621.067	795.538	888.035	0.068	0.132	0.137

3种养殖模式金刚虾养殖水体菌群Shannon(群落多样性)、Chao指数(物种丰富度)、Heip指数(均匀度)在不同阶段变化不同,低盐土池、低盐高位池养殖水体菌群群落多样性、物种丰富度和均匀度均呈先降低再升高的变化趋势;高盐高位池群落多样性、物种丰富度和均匀度呈逐渐上升的变化趋势。菌群多样性在40 d时变化为:低盐土池>低盐高位

池>高盐高位池;在80 d和120 d时变化为:高盐高位池>低盐高位池>低盐土池。

不同模式金刚虾虾体肠道菌群多样性如表5所示,样本覆盖度(Coverage)均在99.4%以上,表明测序结果可以真实反映不同养殖模式不同生长阶段金刚虾虾体肠道菌群组成。

表5 不同模式金刚虾虾体肠道菌群多样性

时间/d	Shannon 指数			Chao 指数			Heip 指数		
	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池	低盐土池	低盐高位池	高盐高位池
40	3.688	2.620	2.606	618.631	362.000	648.213	0.064	0.039	0.053
80	4.711	4.650	3.966	732.064	1 094.383	771.679	0.155	0.114	0.075
120	2.365	1.717	1.623	639.172	232.438	210.130	0.016	0.024	0.026

3种养殖模式金刚虾虾体肠道菌群Shannon(群落多样性)、Chao指数(物种丰富度)、Heip指数(均匀度)在不同阶段变化规律相同,均呈先升高再降低的变化趋势。菌群多样性均为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池。

2.3 优势门水平群落组成

如图1所示,按相对丰度 $\geq 5\%$ 为优势统计,不同模式金刚虾养殖水体菌群有5个优势门,分别为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝藻门(Cyanobacteria)和

脱硫杆菌门(Desulfobacterota)。

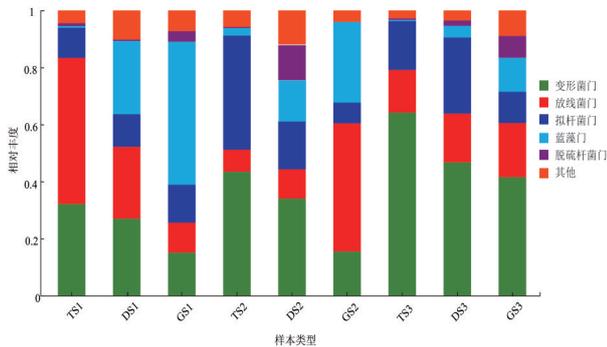


图1 3种养殖模式金刚虾不同生长阶段养殖水体菌群门水平上相对丰度

养殖水体优势菌门在金刚虾整个生长阶段,低盐土池、低盐高位池和高盐高位池中变形菌门相对丰度变化趋势均随着金刚虾的生长而升高,其相对丰度均呈较大优势。低盐土池中放线菌门相对丰度先降低再升高且呈优势;拟杆菌门相对丰度先升高再降低且呈优势。低盐高位池中放线菌门相对丰度先降低再升高呈较大优势;拟杆菌门相对丰度逐渐升高呈较大优势;蓝藻门丰度逐渐降低且呈优势;脱硫杆菌门相对丰度先升高再降低。高盐高位池中放线菌门相对丰度先升高再降低呈较大优势;拟杆菌门相对丰度先降低再升高呈较大优势蓝藻门相对丰度逐渐降低,其丰度除 80 d 外均呈优势;脱硫杆菌门相对丰度先降低再升高仅在 120 d 时呈优势。

如图 2 所示,不同养殖模式下金刚虾虾体肠道菌群有 5 个优势门,分别为厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和蓝藻门。

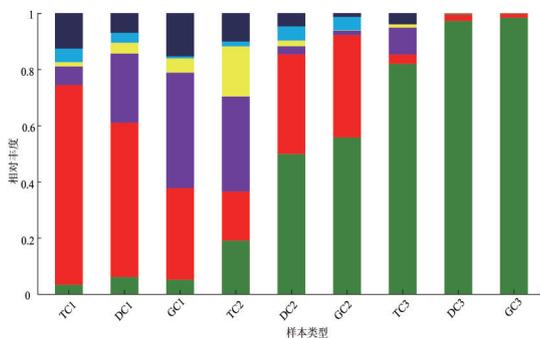


图2 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段虾体肠道菌群门水平上相对丰度

在整个生长阶段,虾体肠道厚壁菌门相对丰度在 3 种模式中均逐渐升高;80 d 和 120 d 时,虾体肠道厚壁菌门在 3 种养殖模式中均占绝对优势(相对

丰度≥50%)。变形菌门相对丰度在低盐土池和低盐高位池中逐渐降低且在 40 d 时呈绝对优势,在高盐高位池中先升高再降低且呈较大优势;拟杆菌门相对丰度在低盐土池中先升高再降低,在低盐高位池和高盐高位池中逐渐降低;蓝藻门相对丰度在低盐土池和低盐高位池逐渐降低,在高盐高位池先升高后降低;放线菌门相对丰度在低盐土池先升高后降低,在低盐高位池和高盐高位池中均逐渐降低。

以上结果表明,3 种养殖模式之间,相同生长阶段养殖水体门水平上优势菌群组成相似,但其丰度在不同养殖模式及阶段均有较大差异。

2.4 优势科水平群落组成

按相对丰度≥5% 为优势统计,不同模式金刚虾养殖水体菌群中共有 12 个科(图 3)。其中相对丰度较高的菌群有红杆菌科(Rhodobacteraceae)、蓝藻科(Cyanobiaceae)、norank_o_PeM15、黄杆菌科(Flavobacteriaceae)、微杆菌科(Microbacteriaceae)和腐霉科(Saprospiraceae)。

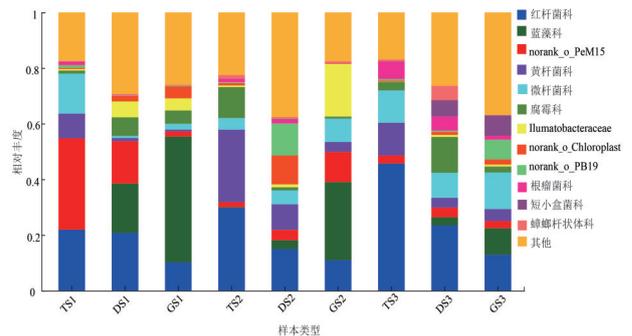


图3 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段养殖水体菌群科水平上相对丰度

红杆菌科在相同生长阶段其相对丰度大小比较均为:低盐土池>低盐高位池>高盐高位池,且在各个阶段均表现为较大优势;在不同生长阶段,低盐土池和高盐高位池水体中其相对丰度均随着对虾生长逐渐升高,低盐高位池水体中呈先下降再上升的变化趋势。

蓝藻科在相同生长阶段其相对丰度变化均为:高盐高位池>低盐高位池>低盐土池,其中在低盐土池中均为非优势,低盐高位池中仅 40 d 时表现为优势,高盐高位池中均表现为优势;在不同生长阶段,低盐土池、低盐高位池和高盐高位池水体中其相对丰度变化均随着对虾生长逐渐下降,高盐高位池水体中相对丰度显著高于低盐土池和低盐高位池($P<0.05$)。

黄杆菌科在 40 d 和 80 d 时相对丰度变化均为:

低盐土池>低盐高位池>高盐高位池, 120 d 时低盐土池>高盐高位池>低盐高位池; 在不同生长阶段, 低盐土池和低盐高位池水体变化为先升高再降低, 高盐高位池水体随着对虾生长其相对丰度逐渐升高, 仅 40、80 d 低盐土池和 80 d 低盐高位池中表现为优势。

微杆菌科在相同生长阶段不同模式的相对丰度无明显规律, 只在 40、120 d 低盐土池和 120 d 高盐高位池水体中表现为优势; 在不同生长阶段, 低盐土池其相对丰度随着对虾生长先降低再升高, 低盐高位池和高盐高位池水体中相对丰度随着对虾生长逐渐升高。

norank_o_PeM15 在 3 种模式中均无明显规律, 其相对丰度仅在 40 d 和 80 d 低盐土池中表现为优势。腐霉科相对丰度变化在低盐土池水体中先升高再降低, 在低盐高位池和高盐高位池水体中表现为先降低再升高。

按相对丰度≥5% 为优势统计, 不同模式金刚虾体肠道菌群中共有 20 个科, 如图 4 所示。其中相对丰度较高的菌群有红杆菌科、乳杆菌科(*Lactobacillaceae*)和明串珠菌科(*Leuconostocaceae*)。相同生长阶段, 红杆菌科相对丰度在 40 d 变化为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池, 在 80 d 为低盐高位池>低盐土池>高盐高位池, 120 d 表现为非优势; 乳杆菌科仅 120 d 时在 3 种养殖模式中表现出绝对优势, 其相对丰度变化为: 低盐高位池>高盐高位池>低盐土池; 明串珠菌科也在 120 d 时表现出优势, 其相对丰度变化为: 低盐土池>高盐高位池>低盐高位池。在不同生长阶段, 红杆菌科在低盐土池和高盐高位池中呈下降趋势, 在低盐高位池中先升高再降低。乳杆菌科和明串珠菌科随着对虾生长逐渐升高。

以上结果表明, 3 种养殖模式之间, 不同生长阶段养殖水体和虾体肠道优势科水平上菌群组成存

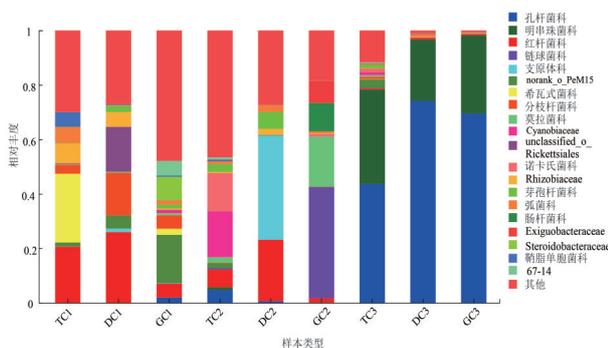


图 4 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段虾体肠道菌群科水平上相对丰度

在较大差异; 不同模式间优势菌科也存在较大不同, 但也部分优势科相同。

2.5 优势属水平群落组成

按相对丰度≥5% 为优势统计, 不同模式金刚虾养殖水体菌群中共有 14 个优势属(图 5~6)。其中相对丰度较高的菌群有蓝藻属 *PCC-6307* (*Cyanobium_PCC-6307*)、*norank_f_norank_o_PeM15*、海命菌属 (*Marivita*)、*Candidatus_Aquiluna*、*unclassified_f_Rhodobacteraceae*、*norank_f_Saprospiraceae*、*norank_f_Illumatobacteraceae*、*Donghicola*。

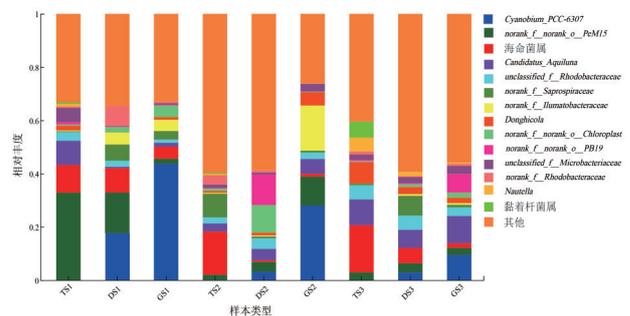


图 5 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段养殖水体菌群属水平上相对丰度

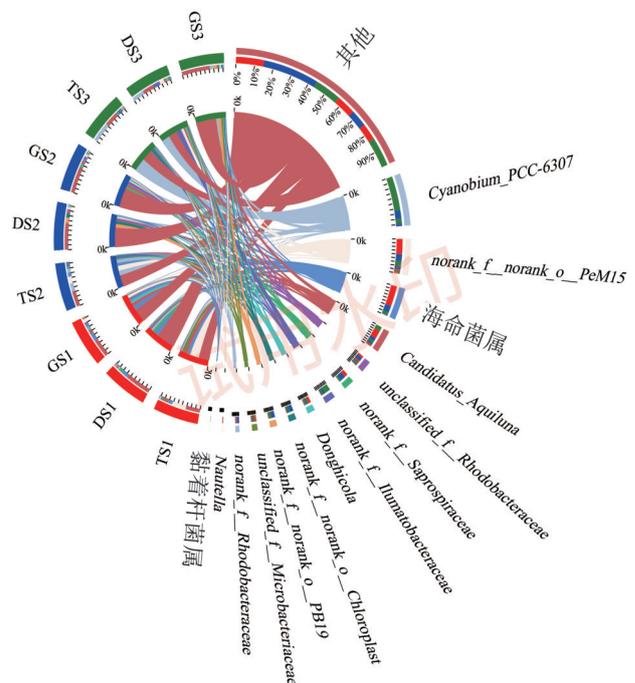


图 6 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段养殖水体优势属水平 Circos 样本和物种关系图

蓝藻属 *PCC-6307* 在低盐高位池和高盐高位池中表现出较大优势, 在低盐土池中表现为非优势, 相同生长阶段, 其相对丰度大小比较在养殖 40、

80 和 120 d 均为高盐高位池>低盐高位池>低盐土池。在不同生长阶段,蓝细菌属 PCC-6307 在 3 种养殖模式中均随着对虾生长逐渐降低。

norank_f_norank_o_PeM15 在相同生长阶段其相对丰度大小比较,40 d 为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池,80 d 为高盐高位池>低盐高位池>低盐土池,120 d 为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池;其中低盐土池和低盐高位池水体中仅在 40 d 时表现为优势,高盐高位池水体中仅在 80 d 表现为优势。在不同生长阶段,*norank_f_norank_o_PeM15* 相对丰度变化在低盐土池和低盐高位池中表现为先降低再升高,在高盐高位池中表现为先升高再降低。

海命菌属在相同生长阶段其相对丰度大小比较均为:低盐土池>低盐高位池>高盐高位池,且在低盐土池各个阶段均表现为较大优势;在不同生长阶段,海命菌属相对丰度变化在低盐土池

中表现为逐渐升高,在低盐高位池和高盐高位池中均表现为先降低再升高。

Candidatus_Aquiluna 在相同生长阶段其相对丰度大小比较 40 d 为低盐土池>高盐高位池>低盐高位池,80 d 为高盐高位池>低盐高位池>低盐土池,120 d 为高盐高位池>低盐土池>低盐高位池;在不同生长阶段,*Candidatus_Aquiluna* 相对丰度变化在低盐土池中表现为先降低再升高,在低盐高位池和高盐高位池中均表现为逐渐升高。

按相对丰度≥5% 为优势统计,不同模式金刚虾虾体肠道菌群中共有 20 个优势属,如图 7 和图 8 所示。其中相对丰度较高的菌群有乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、魏斯氏菌属 (*Weissella*)、乳球菌属 (*Lactococcus*)、*Candidatus_Bacilloplasma*、小球菌属 (*Pediococcus*)、*norank_f_norank_o_PeM15*、铁单胞菌属 (*Ferrimonas*)、分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)。

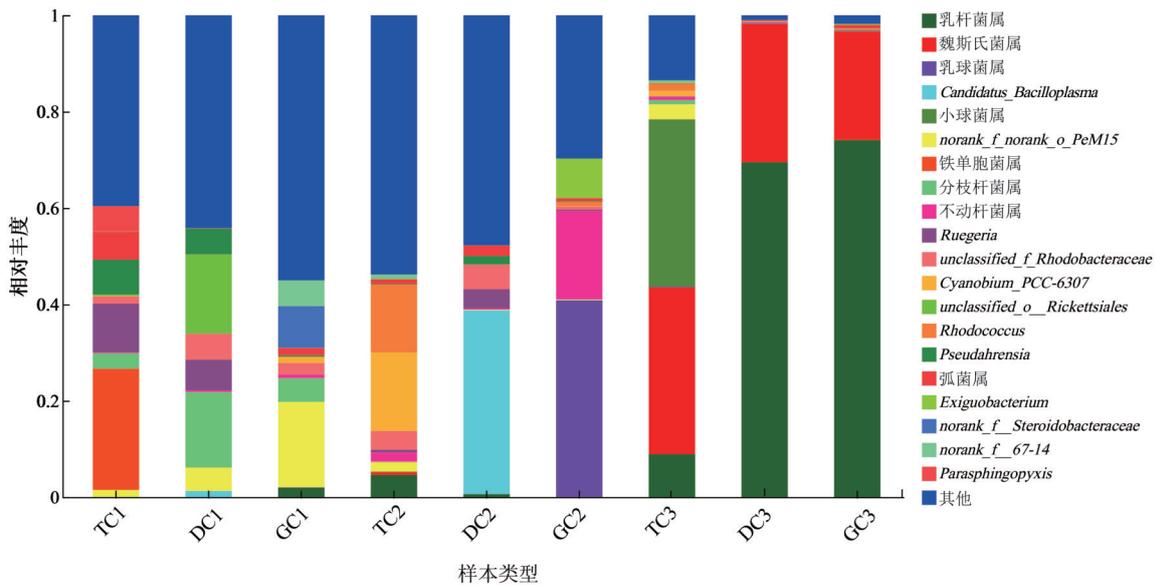


图 7 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段虾体肠道菌群属水平上相对丰度

乳杆菌属仅在养殖 120 d 时表现为优势,在相同生长阶段,其相对丰度变化均为高盐高位池>低盐高位池>低盐土池;在不同生长阶段,乳杆菌属在 3 种养殖模式中均随着对虾生长逐渐升高。

魏斯氏菌属仅在养殖 120 d 时表现为优势,在相同生长阶段,其相对丰度变化为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池;在不同生长阶段,魏斯氏菌属在 3 种养殖模式中均随着对虾生长逐渐升高。

乳球菌属、*Candidatus_Bacilloplasma*、小球菌

属、*norank_f_norank_o_PeM15*、铁单胞菌属、分枝杆菌属和不动杆菌属在 3 种模式中均无明显规律。其中乳球菌属仅在 80 d 的高盐高位池表现为优势,*Candidatus_Bacilloplasma* 仅在 80 d 的低盐高位池表现为优势,小球菌属仅在 120 d 的低盐土池表现为优势,*norank_f_norank_o_PeM15* 仅在 40 d 的高盐高位池表现为优势,铁单胞菌属仅在 40 d 的低盐土池表现为优势,分枝杆菌属仅在 40 d 的低盐高位池表现为优势,不动杆菌属仅在 80 d 的高盐高位池表现为优势。

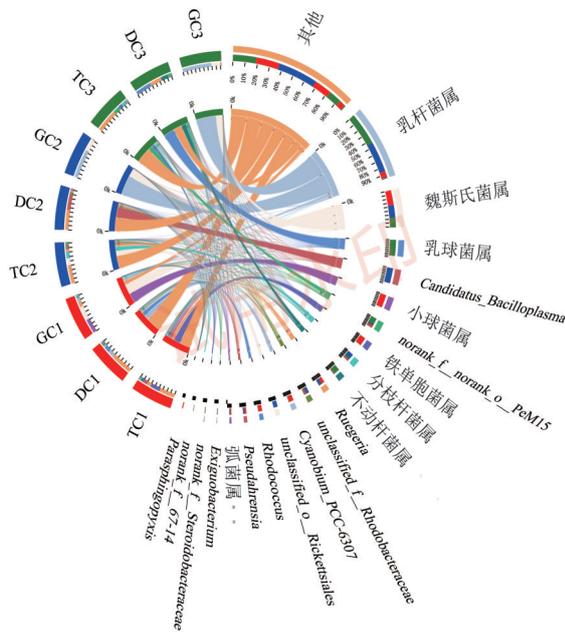


图8 三种养殖模式金刚虾不同生长阶段虾体肠道优势属水平 Circos 样本和物种关系图

3 讨论

3.1 菌群多样性

对虾养殖过程中,养殖水体菌群结构直接影响水环境稳态,对虾摄食过程中,水体微生物会随饵料进入体内,从而间接影响虾体肠道菌群构成^[11]。对虾肠道菌群稳定可以促进营养消化吸收,提高机体免疫防御能力^[8, 12]。有研究表明,水体菌群和肠道菌群多样性越丰富,其养殖环境和肠道内环境就越稳定,养殖水体富营养化会破坏其稳定性,导致对虾疾病暴发^[13]。盐度变化会引起水体菌群多样性发生改变^[14]。本实验整个养殖阶段中,低盐度水体菌群多样性在养殖前期增长较快,养殖中后期逐渐下降,高盐度水体菌群在养殖前中期增长较慢,在养殖后期增长速度升高^[9]。本实验中虾体肠道菌群多样性在各生长阶段均为低盐土池>低盐高位池>高盐高位池,表明低盐模式虾肠道菌群多样性优于高盐养殖模式。这一结果和王新莹^[15]的研究一致,在低盐度水体中的种群多样性比高盐度水体的高。有研究表明,对虾养殖密度越大虾体肠道菌群多样性越丰富^[16]。但本实验结果与之相反,这是否与金刚虾后期养殖管理换水频繁、高盐养殖环境等对其肠道菌群多样性的影响较大有关,待后续进一步研究。

3.2 菌群结构变化

水体和肠道的菌群结构受不同养殖环境的影

响^[17]。变形菌门适应力强,可参与水体自净,去除和转化多种污染物,普遍存在于养殖水体和虾体肠道中^[5, 18-21]。本研究中变形菌门在整个养殖周期水体中均表现为优势菌,在虾体肠道中仅在前中期表现为优势,说明金刚虾肠道菌群组成不仅与养殖水环境有密切联系,还可能和养殖阶段有关。变形菌门占绝对优势有利于改善养殖水体水质条件,这与张磊等^[22]的研究一致。厚壁菌门有利于鱼类肠道和肝脏对脂肪的吸收,对脂滴的形成有促进作用,能够促进鱼类生长^[23]。本研究中随着养殖进程的不断推进,虾体肠道中厚壁菌门占比逐渐增加,在养殖后期占绝对优势,因此可以认为厚壁菌门对本研究金刚虾的生长有促进作用。

红杆菌科在养殖水体和肠道中普遍存在^[21, 24],并且红杆菌科也多被认为是虾养殖水体的健康指示菌群,有利于降低养殖水体COD、促进碳源的异养代谢和调控虾体肠道菌群结构,能够提高虾体的抗病和抗逆能力^[25];而弧菌科(*Vibrio*)是对虾致病指示菌群^[26]。本实验中,红杆菌科在养殖水体和虾体肠道中始终呈较大优势,而弧菌科在水体和肠道菌群中并未检出,说明本实验中不同模式养殖的金刚虾都处于健康状态。乳杆菌科在3种模式金刚虾养殖后期均呈现出绝对优势,其中菌群主要以分属乳杆菌科的乳杆菌属和魏斯氏菌属为主,高盐高位池和低盐高位池虾体肠道中乳杆菌科呈绝对优势且显著优于低盐土池,有可能是高盐高位池和低盐高位池水体富营养化程度较大,营养物质多,导致乳杆菌科繁殖速度加快。有研究表明,乳杆菌科能有效提高对虾肌肉品质^[27],其中乳杆菌科中的植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)和乳酸菌(*Lactic acid bacteria*)能够提高对虾肌肉的咀嚼性和弹性,改善水产品的风味^[28],副干酪乳杆菌(*Lactobacillus paracasei*)能够提高对虾肌肉中多不饱和脂肪酸含量,降低其饱和脂肪酸含量^[29];魏斯氏菌属中某些菌种产生的细菌素能有效抑制革兰氏阳性致病菌。这与高盐高位池养殖的金刚虾风味较好,其营养价值相对较高^[30]的结果一致。

对于本实验中的核心菌群今后需要进行针对性分离培养和筛选,以期对金刚虾养殖水体及其健康生长进行精准调控,从而防止高密度养殖水体水质恶化和病害的发生。

4 结论

不同养殖模式影响金刚虾养殖水体菌群和虾体肠道菌群的构成。在低盐土池、低盐高位池和高

盐高位池中,养殖水体和虾体肠道菌群在不同阶段变化不同,并且水体和肠道菌群存在明显差异。变形菌门在整个养殖周期水体中均表现为优势菌;厚壁菌门仅在对虾肠道中呈绝对优势,在高盐高位池

中要优于低盐土池和低盐高位池;红杆菌科在水体和肠道中均表现出较大优势,乳杆菌属和魏斯氏菌属在养殖后期肠道中表现出绝对优势,可对金刚虾肌肉营养产生一定的影响。

参考文献:

- [1] 黄继廷,郑德州.金刚虾高密度养殖[J].当代水产,2020,45(8):75-76.
- [2] 黄建华,周发林,蔡云川,等.斑节对虾“南海1号”三种高效养殖模式技术要点[J].海洋与渔业,2017(2):69-72.
- [3] 黄永春,游宇,崔茜,等.福建省“金刚虾”养殖现状与发展方向探析[J].中国水产,2021(4):44-46.
- [4] 朱婷婷,田从魁.水库底泥中微生物多样性及其与环境因子相关性分析[J].北京大学学报(自然科学版),2018,54(3):625-632.
- [5] 冯国禄,罗金飞,廖永岩,等.不同盐度循环养殖水体微生物群落特征[J].环境科学研究,2020,33(8):1838-1847.
- [6] INGERSLEV H C, GERSDORFF J L, LENZ S M, et al. The development of the gut microbiota in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) is affected by first feeding and diet type[J]. Aquaculture, 2014,424/425:24-34.
- [7] 王晓璐,李乐,王友红,等.南非斑节对虾肠道组织结构及菌群特征、代谢活性研究[J].广西科学院学报,2019,35(4):325-331.
- [8] 樊英,王晓璐,李乐,等.基于高通量测序的不同养殖系统下凡纳滨对虾肠道和水体中微生物的多样性[J].广西科学院学报,2017,33(4):261-267.
- [9] 赵月季,郭海朋,张德民.不同养殖模式对凡纳滨对虾肠道微生物群落的影响[J].水产学报,2021,45(2):221-234.
- [10] 贾廷,马旭洲,张文博,等.中华绒螯蟹幼蟹生态养殖池塘水体中的浮游植物群落特征[J].湿地科学,2022,20(1):24-33.
- [11] 李可,郑天凌,田蕴,等.南美白对虾肠道微生物群落的分子分析[J].微生物学报,2007(4):649-653.
- [12] 胡健微.肠道微生物相互作用的研究及体外肠道模拟系统的构建和应用[D].长春:吉林大学,2017.
- [13] YANG W, ZHENG C, ZHENG Z, et al. Nutrient enrichment during shrimp cultivation alters bacterioplankton assemblies and destroys community stability[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, 156: 366-374.
- [14] 关晓燕,周遵春,姜冰,等.DGGE分析不同盐度仿刺参养殖环境中菌群多样性[J].水产科学,2011,30(5):276-280.
- [15] 王新莹.巴丹吉林天然盐碱湖泊微生物群落结构及多样性分析[D].呼和浩特:内蒙古大学,2014.
- [16] 王博,秦海鹏,廖栩峥,等.养殖密度对墨吉明对虾肠道和生物絮团菌群的影响[J].湖南农业大学学报(自然科学版),2020,46(5):608-615.
- [17] BURNS A R, STEPHENS W Z, STAGAMAN K, et al. Contribution of neutral processes to the assembly of gut microbial communities in the zebrafish over host development[J]. The ISME Journal, 2016, 10(3): 655-664.
- [18] LI L, KATO C, HORIKOSHI K. Microbial diversity in sediments collected from the deepest cold-seep area, the Japan Trench [J]. Marine Biotechnology, 1999(4): 391-400.
- [19] 王亭芳.南美白对虾养殖水体中微生物多样性分析[D].上海:华东师范大学,2012.
- [20] 郁维娜,戴文芳,陶震,等.健康与患病凡纳滨对虾肠道菌群结构及功能差异研究[J].水产学报,2018,42(3):399-409.
- [21] 杨坤杰,王欣,熊金波,等.健康和患病凡纳滨对虾幼虾消化道菌群结构的比较[J].水产学报,2016,40(11):1765-1773.
- [22] 张磊,高光,李锐,等.营养盐与盐双重胁迫下水体中浮游细菌的响应[J].环境科学研究,2015,28(12):1843-1851.
- [23] JJUMPERTZ R, LE D S, TURNBAUGH P J, et al. Energy-balance studies reveal associations between gut microbes, caloric load, and nutrient absorption in humans[J]. The American Journal of Clinical Nutrition, 2011,94(1):58-65..
- [24] 洪居恩.凡纳滨对虾幼体肠道菌群演替及几种益生菌的育苗效果[D].湛江:广东海洋大学,2020.
- [25] 高繁,干恩磊,刘巍,等.凡纳滨对虾肠道红杆菌科细菌富集碳源筛选及其定向分离[J].微生物学报,2022,62(5):1805-1818.
- [26] 罗鹏,胡超群,张吕平,等.凡纳滨对虾海水养殖系统内细菌群落的PCR-DGGE分析[J].中国水产科学,2009,16(1):31-38.
- [27] 夏雨,易华西,范荣波,等.饲喂乳酸菌对凡纳滨对虾幼虾肉质的影响[J].中国水产科学,2020,27(1):74-82.
- [28] 徐永霞,白旭婷,赵洪雷,等.植物乳杆菌在水产品中的应用研究进展[J].中国调味品,2022,47(2):195-199.
- [29] 刘品.低温等离子体对南美白对虾防黑变及品质的影响研究[D].舟山:浙江海洋大学,2018.
- [30] 崔茜,王伟,谢益韬,等.不同养殖模式金刚虾(斑节对虾)肌肉营养成分比较分析[J].食品工业科技,2022,43(23):276-281.