

沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应

缪艳阳, 高志宝, 李旭光, 周军, 许志强, 徐宇, 林海

引用本文:

缪艳阳, 高志宝, 李旭光, 周军, 许志强, 徐宇, 林海. 沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(3): 652-661.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0834>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

生态循环水养殖池塘抗生素抗性基因污染特征研究

曲疆奇, 张清靖, 吴彦飞, 俞文钰, 赵萌, 朱华

农业环境科学学报. 2023, 42(3): 641-651 <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0492>

南京地区斑点叉尾养殖池塘水体微生物群落结构研究

钟立强, 王明华, 张世勇, 姜虎成, 陈校辉, 朱广伟, 边文冀

农业环境科学学报. 2020, 39(7): 1594-1604 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0157>

生物炭原位添加对养殖池塘底泥中微生物群落结构的影响

赵汉胤, 陈潘毅, 唐欣哲, 陈以芹, 李娟英

农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2770-2778 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0434>

农村污染河道生态修复中浮游植物的群落特征

刘娅琴, 刘福兴, 宋祥甫, 邹国燕, 付子钰, 潘琦

农业环境科学学报. 2015, 34(1): 162-169 <https://doi.org/10.11654/jaes.2015.01.023>

洪湖养殖区水环境中微生物的耐药性及其群落功能多样性研究

关川, 童蕾, 秦丽婷, 刘慧

农业环境科学学报. 2018, 37(8): 1748-1757 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1460>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

缪艳阳, 高志宝, 李旭光, 等. 沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(3): 652-661.

MIAO Y Y, GAO Z B, LI X G, et al. Regulation of water quality using submerged plants in a *Macrobrachium rosenbergii* aquaculture system[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(3): 652-661.

沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应

缪艳阳^{1,2}, 高志宝^{2,3}, 李旭光^{2*}, 周军², 许志强², 徐宇², 林海²

(1. 南京师范大学海洋科学与工程学院, 江苏省水生甲壳动物病害重点实验室, 南京 210023; 2. 江苏省淡水水产研究所, 农业农村部淡水虾蟹遗传育种与养殖重点实验室, 南京 210017; 3. 江苏海洋大学海洋科学与水产学院, 江苏 连云港 222005)

摘要:为研究沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应, 比较了生态养殖组与传统养殖组的水质、浮游动植物和微生物群落结构特征, 解析了浮游动植物、微生物优势种群与水环境因子之间的关系。结果表明: 两组养殖水体水质与浮游生物群落结构均存在显著差异。生态养殖组的总磷(TP)、总氮(TN)、化学需氧量(COD)和叶绿素 a(Chl-a)浓度均低于传统养殖组。传统养殖组浮游植物与浮游动物生物量均高于生态养殖组, 两组浮游植物与浮游动物多样性指数存在显著差异。微生物主要包括放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门和变形菌门, 其中生态养殖组放线菌门的丰度最高, 传统养殖组优势菌为蓝细菌门的微囊藻属、鱼腥藻属以及拟杆菌门的黄杆菌属。冗余分析结果表明 TP、COD 和溶解氧(DO)是影响水体浮游生物群落组成与分布的关键因子。综上所述, 利用沉水植物开展罗氏沼虾养殖水环境的原位净化, 可显著消减养殖水体氮、磷营养盐, 降低浮游动植物生物量, 提高水体微生物群落结构稳定性, 改善养殖水环境。

关键词:沉水植物; 罗氏沼虾; 水环境; 原位净化

中图分类号: S959; S966.12 文献标志码: A 文章编号: 1672-2043(2023)03-0652-10 doi:10.11654/jaes.2022-0834

Regulation of water quality using submerged plants in a *Macrobrachium rosenbergii* aquaculture system

MIAO Yanyang^{1,2}, GAO Zhibao^{2,3}, LI Xuguang^{2*}, ZHOU Jun², XU Zhiqiang², XU Yu², LIN Hai²

(1. Jiangsu Key Laboratory for Aquatic Crustacean Diseases, College of Marine Science and Engineering, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China; 2. Key Laboratory of Genetic Breeding and Cultivation for Freshwater Crustacean, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Freshwater Fisheries Research Institute of Jiangsu Province, Nanjing 210017, China; 3. College of Marine Science and Fisheries, Jiangsu Ocean University, Lianyungang 222005, China)

Abstract: To explore the effect of submerged plants on water quality regulation in a *Macrobrachium rosenbergii* aquaculture system, compare the water quality, phytoplankton, zooplankton, and microbial community structure between the ecological culture group based on *in-situ* purification through submerged plants and the traditional culture group. The relationship between dominant populations of phytoplankton, zooplankton, microorganisms, and environmental factors affecting water quality was also discussed. The results showed that there were significant differences in water quality and plankton community structure under the two groups. The concentrations of total phosphorus (TP), total nitrogen (TN), chemical oxygen demand (COD), and chlorophyll-a (Chl-a) in the ecological culture group were

收稿日期: 2022-08-19 录用日期: 2022-10-18

作者简介: 缪艳阳(1998—), 女, 江苏南通人, 硕士研究生, 主要从事水生甲壳类生态养殖研究。E-mail: sayamiaojm@163.com

*通信作者: 李旭光 E-mail: xuguangli1981@163.com

基金项目: 江苏省碳达峰碳中和科技创新专项(BE2022422); 江苏省农业自主创新项目(CX(20)3182); 江苏省种业振兴“揭榜挂帅”项目(JBGS[2021]125); 江苏现代农业产业技术体系(JATS[2021]408)

Project supported: Provincial Science and Technology Innovative Program for Carbon Peak and Carbon Neutrality of Jiangsu of China (BE2022422); Jiangsu Agricultural Science and Technology Innovation fund (CX(20)3182); The “JBGS” Project of Seed Industry Revitalization in Jiangsu Province (JBGS[2021]125); National Project for Agricultural Technology System of Jiangsu Province (JATS[2021]408)

lower than those in the traditional culture group. The biomass of phytoplankton and zooplankton in the traditional culture group was higher than that in the ecological culture group. The diversity indices of phytoplankton and zooplankton were significantly different between the two groups. Microorganism mainly included Actinobacteria, Bacteroidae, Cyanobacteria, and Proteobacteria. In the ecological culture group, the biomass of Actinobacteria was the highest. The dominant bacteria in the traditional culture group mainly included *Microcystis* and *Anabaena* in Cyanobacteria, and *Flavobacterium* in Bacteroidae. Redundancy analysis showed that TP, COD, and dissolved oxygen (DO) were the key environmental factors influencing the composition and distribution of the plankton community. *In-situ* purification of the water environment for *Macrobrachium rosenbergii* by submerged plants could significantly decrease nitrogen and phosphorus nutrients in aquaculture, reduce the biomass of phytoplankton and zooplankton, increase the stability of microbial community structure in the water, and improve the over-all aquaculture water environment.

Keywords: submerged plant; *Macrobrachium rosenbergii*; water environment; *in-situ* purification

罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)隶属于节肢动物门、甲壳纲、十足目、长臂虾科、沼虾属,具有生长快、食性广、生产周期短等特点,是我国最重要的淡水虾类养殖品种之一。涉及罗氏沼虾繁育、饲料渔药、加工运输等的相关产业已成为渔民增产创收的重要途径。近年来养殖产业快速发展,许多传统养殖户通过增加虾苗放养密度与饵料药品等投入片面追求单位水体内高产高效,导致养殖水体富营养化逐渐加重。尤其夏季高温期蓝藻水华频发,富含氮磷有机质与蓝藻的养殖尾水流入周边河道,造成生态环境污染,使罗氏沼虾养殖与生态环境的矛盾日益突出。

针对罗氏沼虾传统集约化养殖暴露的养殖环境风险,目前主要采用异位修复(循环水养殖、人工湿地净化等)和原位净化(多品种混养、种植水草等)两类方式来消减水体氮磷含量,改善养殖水体与周边水域环境。谢辉亮等^[1]构建基于流水养殖水槽虾蟹养殖与循环水养殖系统,通过不同多功能区的多生态位异位修复,提高了系统自身净化效能,实现了水资源循环利用。徐荣等^[2]采用异位生态修复方法,利用稻田作为罗氏沼虾净化养殖尾水的人工湿地,有效截留养殖尾水氮磷养分,提高了养殖尾水养分利用率,显著控制了水稻底部节间生长,降低了水稻倒伏风险。异位修复模式虽然有效改善了养殖水环境,但是由于需要独立的净化区域以及配套设施,前期投入及后期运维成本较高,更适应于罗氏沼虾连片集中区。对于以家庭为单位的“一家一户”罗氏沼虾养殖模式,采用水生植物种养和滤食性鱼类、贝类混养等原位方式净化水质更为可行^[3-4]。沉水植物轮叶黑藻(*Hydrilla verticillata*)、伊乐藻(*Elodea nuttallii*)和苦草(*Vallisneria spiralis*)由于生长快、水质净化效果好而被广泛应用于中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*)、克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*)等虾蟹生态养殖与原位水体净化,但

在长江中下游地区罗氏沼虾传统集约化养殖中鲜有应用报道,沉水植物对罗氏沼虾养殖水体的原位净化效果尚不清楚。

本研究通过比较传统养殖组与基于沉水植物原位净化的生态养殖组在养殖高峰期的水质,分析浮游植物、浮游动物和微生物的种类组成、群落结构与生物多样性差异,并解析其与水环境因子间的相互关系,为罗氏沼虾养殖水环境的原位净化提供参考。

1 材料与方法

1.1 养殖池概况

本研究于2021年5月至10月在扬州市江都区真武镇罗氏沼虾养殖区开展了沉水植物对罗氏沼虾养殖水环境的原位净化试验,周期为5个月。实验设置传统养殖组(H组)和基于沉水植物原位净化的生态养殖组(P组),每组3个池塘,池塘大小均一,各组池塘总面积均为2 000 m²。H组仅投放罗氏沼虾,P组前期2月至4月分批种植伊乐藻、轮叶黑藻和苦草,4月下旬投放罗氏沼虾。两组投放罗氏沼虾的平均规格为4~6 cm,放养密度不超过每平方米30尾,罗氏沼虾购自江都地区罗氏沼虾苗种繁育养殖户。P组池塘前期经过消毒晒塘后进水10 cm,间隔种植伊乐藻与轮叶黑藻,行距和株距均为4 m,伊乐藻与轮叶黑藻轮行间播种苦草,池塘中间与池塘四周留出1~2 m宽的投喂道,养殖前期水草覆盖度在30%左右,养殖高峰期水草覆盖度控制在50%~60%。

罗氏沼虾养殖期间两组均投喂配合饲料,饲料粗蛋白含量为42%,购自红东方饲料有限公司。每日上午9:00和下午5:00按时投喂,日投饵量为虾体质量的3%左右,具体根据虾的摄食情况和天气情况调整投喂量;养殖中后期,每日补充投喂1.50~4.50 g·m⁻²黑水粒。P组具有独立进排水设施,并装配叶轮增氧

机与微孔管增氧,整个实验期间只进水,不换水,进水水质符合《渔业水质标准》(GB 11607—1989)的规定。

1.2 样品采集与分析

1.2.1 样品采集

于养殖高峰期(2021年7月19日)分别对H组与P组两组各3个池塘进行采样,每个池塘取上风口、下风口和池中间3个采样点混样。①现场测量:温度(T)、pH、溶解氧(DO);②水样:使用5 L采水器在每个采样点水面下0.5 m处采集水样,装入500 mL无菌水样袋;③浮游动植物:各采样点取500 mL水,加入5 mL鲁哥氏液固定浮游植物,水样呈棕黄色;各采样点取10 L水,使用25 #浮游生物滤网过滤至50 mL,加入2.5 mL甲醛固定浮游动物;④微生物:各采样点取500 mL水装入无菌水样袋。所有样品4 °C低温保存。

1.2.2 样品处理

水质指标测定:总磷(TP)采用钼酸铵分光光度法(GB/T 11893—1989),总氮(TN)采用碱性过硫酸钾消解-紫外分光光度法(HJ 636—2012),化学需氧量(COD)采用重铬酸盐法(HJ 828—2017),叶绿素a(Chl-a)采用分光光度法(HJ 897—2017)。检测参照国家环境保护总局出版的《水和废水监测分析方法(第四版)》。浮游植物水样在实验室静置24 h以上,去上清液,将沉淀(约20 mL)转入定量瓶,并用少量上清液冲洗沉淀器3次,冲洗液倒入定量瓶,定容至30 mL。参照《内陆水域浮游植物监测技术规程》(SL 733—2016),利用显微镜定型分类、定量计数浮游植物与浮游动物^[5-6]。微生物水样使用真空抽滤泵(Wiggins[®], BioVac630B)抽滤,每个采样点各抽滤3袋500 mL水样,抽滤装置先使用无水乙醇进行擦拭,再用无菌水冲洗后使用,每抽滤完500 mL,立即将滤膜(Millipore[®], S-Pak;孔径0.22 μm,直径47 mm)装入无菌冻存管,液氮保存,供提取DNA检测。

1.3 数据处理

使用Excel处理浮游植物与浮游动物数据及 T 检验分析结果;使用GraphPad PRISM 8.3软件绘制图表。使用PRIMER 5软件计算浮游生物多样性,公式如下:

密度=物种数/(计算框体积×平行样数)×(浓缩体积/采样体积)

生物量=密度×体积

优势度 $Y=n_i \times f_i / N$

式中: n_i 为物种 i 的密度; f_i 为物种 i 的出现频率; N 为每升水中浮游植物或浮游动物数量。 $Y > 0.02$ 定为优势种。

物种丰富度 $D=(S-1)/\ln N_{\text{总}}$

均匀度 $J'=-\sum H'/\ln S$

香农指数(Shannon) $H'=-\sum (P_i \times \ln P_i)$

辛普森指数(Simpson) $=1-\sum N_i(N_i-1)/[N_{\text{总}}(N_{\text{总}}-1)]$

式中: S 为群落中的物种总数目; $N_{\text{总}}$ 为样方中各物种多度指标总和; N_i 为第 i 个种的多度指标; $P_i=N_i/N_{\text{总}}$ 。

1.4 DNA提取、扩增和测序

将滤膜用无菌剪刀剪碎,提取水样DNA作为模板,通过带有barcode的特异引物扩增16S rRNA基因的V3~V4区。引物序列为341F:CCTACGGGNGGC-WGCAG;806R:GGACTACHVGGGTATCTAAT。反应条件:94 °C预变性2 min;98 °C变性10 s,62 °C退火30 s,68 °C延伸30 s,共30个循环;最后68 °C延伸10 min。将纯化后的扩增产物(即扩增子)连接测序接头,构建测序文库,Illumina PE250上机测序。

1.5 测序数据处理

1.5.1 质控和组装

测序得到Raw Reads之后,首先利用FASTP软件对低质量Reads进行过滤,然后进行组装,用FLASH软件将双端Reads拼接为Tag,再对Tag进行过滤,得到的数据称为Clean Tag。接下来基于Clean Tag使用USEARCH软件的UPARSE算法进行OTU聚类,利用USEARCH软件的UCHIME算法去除聚类比对过程中检测到的嵌合体Tag,得到的数据为去除嵌合体的高质量Tags数(Effective Tag),用于进一步分析。

1.5.2 OTU聚类

基于Effective Tag进行OTU丰度统计。将Tag序列按相似度聚类,分成不同的序列集合(cluster),一个cluster即为1个OTU。

1.5.3 生物信息分析

使用qiime软件进行 α -多样性指数分析。 β -多样性分析基于样本间距离指数,使用R语言Vegan包进行主坐标(PCoA)分析。指示物种筛选:利用LEFse软件对差异组间进行分析,先对组间样品进行kruskal-Wallis秩和检验,筛选出差异物种,再通过wilcoxon秩和检验进行比较,使用LDA(Linear discriminant analysis)得出的结果进行排序,保留LDA Score>3的结果。Person相关性分析使用R语言psych包,基于物种丰度表和环境因子进行相关系数计算,并使用热图展示。利用相似水平为97%的OTU表做DCA(Detrended correspondence analysis),对环境因子进行分析,结果中Lengths of gradient的第一轴的数值小于3.0,因此使用冗余分析(Redundancy analysis, RDA)分析物种与环境因子间的关系。环境因子显著性基

于R语言Vegan包使用Envfit test方法计算。本研究涉及的生物信息分析使用动态实时交互式在线数据分析平台(<http://www.omicsmart.com>)完成。

2 结果与分析

2.1 不同养殖组对水质的影响

水质分析结果(表1)表明:P组与H组TP、TN和Chl-a的差异显著($P<0.05$),COD、DO差异极显著($P<0.01$);H组TP、TN、COD和Chl-a含量均显著高于P组,而DO显著低于P组。

2.2 不同养殖组对浮游生物的影响

2.2.1 浮游生物种类

两组养殖水体共鉴定出浮游植物6个门33个属59个种,其中绿藻门(Chlorophyta)种类数最多(占总种类的47.46%),硅藻门(Bacillariophyta, 25.42%)次之,蓝藻门(Cyanophyta)占比15.25%,隐藻门(Cryptophyta)和裸藻门(Euglenophyta)种类数相同(5.09%),甲藻门(Pyrophyta, 1.69%)最少。两组共鉴定出浮游动物4个门12个属56个种,其中轮虫类(Rotifera, 35.71%)种类占比最高,原生动物(Proto-

zoa, 30.36%)次之,枝角类(Cladocera, 19.64%)与桡足类(Copepoda, 14.29%)占比较小。

2.2.2 浮游生物生物量及优势种

两组养殖水体浮游生物群落结构存在差异。浮游植物生物量与优势种($Y>0.02$):P组各物种生物量均低于H组,这与水体Chl-a浓度一致,其中H组蓝藻门生物量($100.749 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)最高,占H组内浮游植物总生物量的91.8%(图1a);P组浮游植物优势种主要包括硅藻门中的菱形藻属(*Nitzschia*)、小环藻属(*Cyclotella*)、曲壳藻属(*Achnanthes*)和绿藻门中的四尾栅藻(*Scenedesmus quadricauda*)、空星藻属(*Coelastrum*)、二形栅藻(*Scenedesmus dimorphus*);H组浮游植物优势种主要包括蓝藻门中的微囊藻属(*Microcystis*)、颤藻属(*Oscillatoria*)和绿藻门中的丝状绿藻(*Ulothrix*)、集星藻(*Actinastrum hantzschii*)、空星藻属;P组蓝藻门未观察到微囊藻类。浮游动物生物量与优势种($Y>0.02$):H组轮虫类、枝角类和桡足类生物量均高于P组,原生动物类生物量两组相近,其中H组枝角类生物量最高($5.052 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$),占组内总生物量的57.81%(图1b);P组与H组浮游动物优势种主要

表1 罗氏沼虾不同养殖组对水质指标的影响

Table 1 Effects of different culture groups of *Macrobrachium rosenbergii* on water quality indicators

组别 Group	温度 $T/^\circ\text{C}$	pH	溶解氧 $\text{DO}/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	化学需氧量 $\text{COD}/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	总磷 $\text{TP}/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	总氮 $\text{TN}/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	叶绿素 a $\text{Chl-a}/(\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1})$
P组	30.30 ± 0.30	7.82 ± 0.23	$12.02\pm 0.52^{**}$	$19.00\pm 6.00^{**}$	$0.10\pm 0.03^*$	$0.75\pm 0.03^*$	$12.00\pm 1.00^*$
H组	30.37 ± 0.10	8.09 ± 0.12	$9.71\pm 0.46^{**}$	$55.00\pm 10.00^{**}$	$0.58\pm 0.16^*$	$4.97\pm 1.48^*$	$250.00\pm 110.00^*$

注:*显著性差异($P<0.05$);**极显著性差异($P<0.01$)。下同。

Note:*significant difference ($P<0.05$), **extremely significant difference ($P<0.01$). The same below.

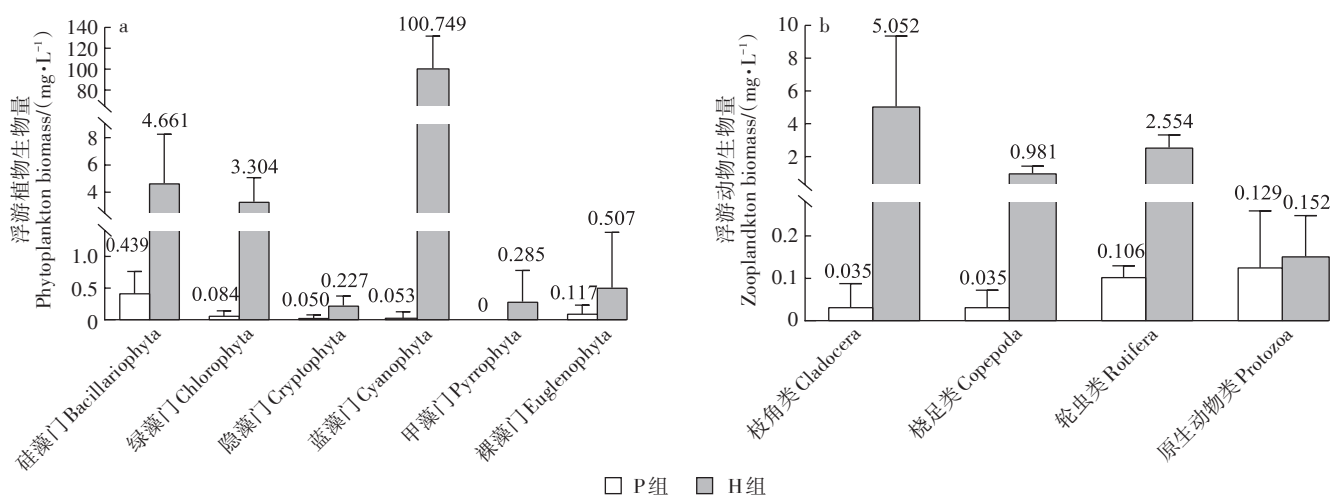


图1 不同养殖组浮游植物与浮游动物生物量

Figure 1 Phytoplankton and zooplankton biomass in different culture groups

为轮虫类中的裂痕龟纹轮虫(*Anuraeopsis fissa*)、暗小异尾轮虫(*Trichocerca pusilla*)、曲腿龟甲轮虫(*Keratella valga*),P组还包括原生动物中的乳头砂壳虫(*Diffugia mammillaris*)、钟虫属(*Vorticella*)、侠盗虫属(*Strobilidium*),H组还包括原生动物中的湖沼砂壳虫(*Diffugia limnetica Levander*)、淡水筒壳虫(*Tintinnidium*)、侠盗虫属。

2.2.3 浮游生物多样性

浮游植物群落特征中均匀度与多样性指数(Shannon指数与Simpson指数)均表现为P组高于H组,且存在极显著差异,另外H组与P组物种丰富度无显著差异。浮游动物群落特征中物种丰富度与Shannon指数表现为H组高于P组,且存在显著差异,而两组均匀度与Simpson指数无显著差异(表2)。其中H组浮游植物和浮游动物的物种丰富度与该组生物量结果趋势一致。

2.2.4 浮游生物与环境因子的关系

浮游植物与浮游动物门水平的冗余分析表明(图2):TP、COD和DO是浮游生物群落结构和种类数量变化的主要环境驱动因子;浮游植物蓝藻门与环境因子TP、COD、pH呈显著正相关,与DO呈显著负相关,绿藻门、硅藻门等与TP、COD、pH呈正相关,与DO呈负相关;浮游动物枝角类、轮虫类及桡足类生物量与TP、COD、pH呈显著正相关,与DO呈显著负相关。

2.3 不同养殖组对微生物的影响

两组共6个样本的平均有效序列为79 359条,高通量测序饱和度均达99%,样品覆盖度较好,测序结果可靠。H组检测到1 087个OTU,可分为25个门、53个纲、117个目、170个科、235个属;P组OTU数为893个,可分为25个门、48个纲、103个目、146个科、

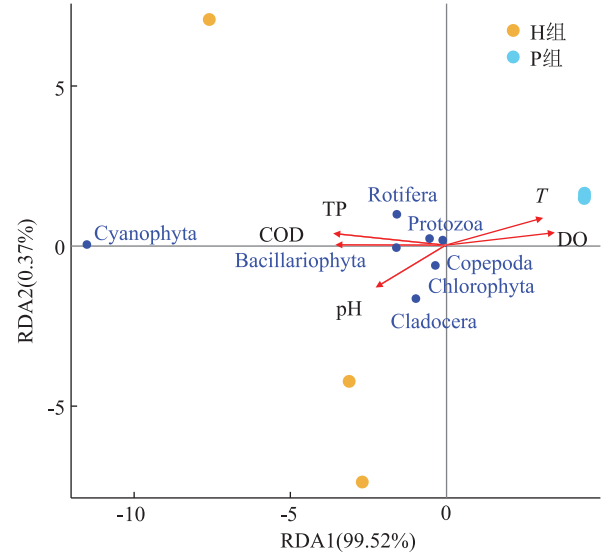


图2 不同养殖组浮游生物与环境因子的相关性

Figure 2 Correlation between plankton and environmental factors in different culture groups

191个属。两组间 α -多样性指数均无显著差异,H组有关群落丰富度的Chao指数与Ace指数高于P组,关于群落多样性的Shannon指数和Simpson指数两组相似(表3)。通过PCoA分析(Bray-Curtis距离,OTU水平)各样本间的 β -多样性发现:两组养殖水体菌群结构存在差异,且P组各样本间菌群结构相似度更高(图3)。

两组养殖水体菌群结构存在差异。门水平菌群结构(丰度均值排名前10)与丰度情况表明(表4):H组与P组优势菌主要由放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)构成,其中P组放线菌门(59.80%)和变形菌门(15.08%)丰度高于H组放线菌

表2 不同养殖组浮游植物与浮游动物群落特征

Table 2 Phytoplankton and zooplankton community characteristics in different culture groups

分类 Classification	组别 Group	丰富度 D	均匀度 J'	香农指数 H'	辛普森指数 Simpson
浮游植物 Phytoplankton	P组	1.21±0.22	0.80±0.03**	2.27±0.23**	0.86±0.03**
	H组	1.71±0.37	0.34±0.08**	1.19±0.32**	0.54±0.09**
浮游动物 Zooplankton	P组	1.95±0.37*	0.68±0.05	1.83±0.20*	0.77±0.04
	H组	2.65±0.52*	0.68±0.04	2.17±0.18*	0.79±0.04

表3 α -多样性分析

Table 3 α -diversity analysis

组别 Group	Sobs	Shannon	Simpson	Chao	Ace	覆盖度 Good's coverage
H组	1 087.33±450.56	5.59±0.82	0.93±0.01	1 252.98±386.81	1 335.19±414.19	0.99±<0.01
P组	893.00±106.66	5.66±0.67	0.94±0.03	1 046.13±72.29	1 153.97±77.23	0.99±<0.01

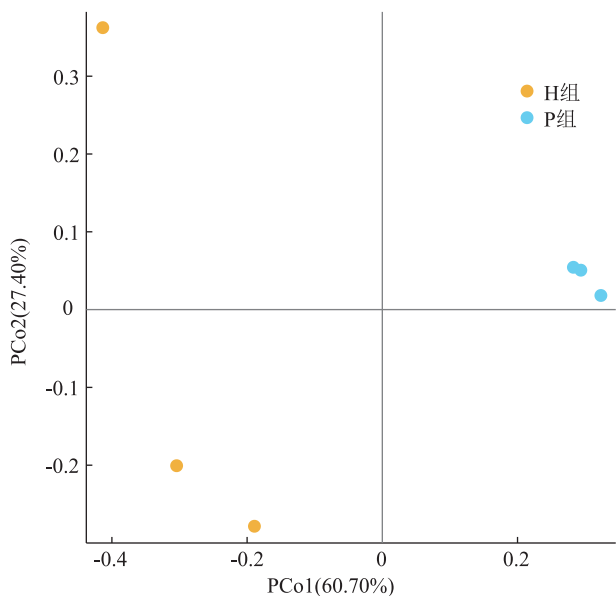


图3 PCoA分析(Bray-Curtis距离, OTU水平)

Figure 3 PCoA analysis(Bray-Curtis distance, OTU level)

门(25.43%)和变形菌门(9.54%);H组蓝细菌门(26.99%)和拟杆菌门(30.49%)丰度明显高于P组蓝细菌门(7.27%)和拟杆菌门(14.05%)。

属水平菌群结构(丰度均值排名前10)与物种的丰度情况表明(表5):H组黄杆菌属(*Flavobacterium*, 22.59%)、微囊藻属(*Microcystis_PCC-7914*, 8.31%)与浮游丝菌(*Planktothrix_NIVA-CYA_15*, 6.47%)的丰度高于P组黄杆菌属(1.75%)、微囊藻属(1.00%)和浮游丝菌(0.09%);P组丰度高于H组的属类主要有水纶菌属(*Candidatus_Aquiluna*)、*hgcI_clade*与*CL500-29_marine_group*等。

指示物种分析表明,两组养殖水体指示物种存在显著差异($P < 0.05$)。P组的指示类群主要为放线菌门中酸微菌纲(*Acidimicrobiia*)与微球菌科(*Microbacteriaceae*)的物种;H组指示类群主要来自蓝细菌门的微囊藻属、鱼腥藻属(*Anabaena*)以及拟杆菌门的黄杆菌属等(图4)。

门水平的Pearson相关性(相对丰度前10的菌群)与冗余分析表明(图5):环境因子对两组养殖水体细菌群落分布存在影响,其中DO与放线菌门物种分布呈显著正相关,与蓝细菌门、厚壁菌门呈显著负相关;COD、TP和TN均与放线菌门呈显著负相关;TP、TN、COD以及Chl-a与蓝细菌门、厚壁菌门、浮霉菌门呈显著正相关。两组放线菌门的丰度与DO呈显著正相关,与TP、COD、pH呈显著负相关;蓝细菌

表4 门水平物种的丰度(%)

Table 4 Abundance of species at the phylum level(%)		
门 Phylum	H组	P组
放线菌门 Actinobacteria	25.43	59.80
拟杆菌门 Bacteroidetes	30.49	14.05
蓝细菌门 Cyanobacteria	26.99	7.27
变形菌门 Proteobacteria	9.54	15.08
浮霉菌门 Planctomycetes	2.69	0.49
疣状菌门 Verrucomicrobia	0.99	1.31
厚壁菌门 Firmicutes	1.15	0.45
绿弯菌门 Chloroflexi	0.95	0.16
骸骨菌门 Patescibacteria	0.65	0.19
酸杆菌门 Acidobacteria	0.07	0.16
未分类 Unclassified	0.48	0.57
其他 Others	0.56	0.47

表5 属水平物种的丰度(%)

Table 5 Abundance of species at the genus level(%)		
属 Genus	H组	P组
栖河菌属 <i>Fluviicola</i>	0.62	1.75
沉积物杆状菌属 <i>Sediminibacterium</i>	0.90	1.53
栖湖菌属 <i>Limnohabitans</i>	0.96	2.67
多核杆菌 <i>Polynucleobacter</i>	1.45	3.74
浮游丝菌 <i>Planktothrix_NIVA-CYA_15</i>	6.47	0.09
微囊藻属 <i>Microcystis_PCC-7914</i>	8.31	1.00
<i>CL500-29_marine_group</i>	2.90	6.94
水纶菌属 <i>Candidatus_Aquiluna</i>	4.02	15.15
黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i>	22.59	1.75
<i>hgcI_clade</i>	12.38	14.27
未分类 Unclassified	24.71	35.18
其他 Others	14.68	15.93

门、拟杆菌门及浮霉菌门的丰度与TP、COD、pH呈显著正相关(图6)。

3 讨论

罗氏沼虾养殖池塘水域面积小、水体流动性差、自净能力弱,加之养殖密度高、外源投入生物量大,特别是在养殖高峰期,养殖水体富营养化严重。针对当前罗氏沼虾高密度集约化养殖现状,如何有效消减养殖水体氮磷,确保养殖尾水达标排放,成为当前罗氏沼虾养殖产业面对的迫切问题。沉水植物是水生生态系统中重要的初级生产者,由于其个体大、生长周期长、吸取和储存营养物质的能力强,保持一定覆盖度的沉水植物种群可减少浮游生物的数量,提高水生生态系统的稳定性;同时沉水植物为水生甲壳类提供植

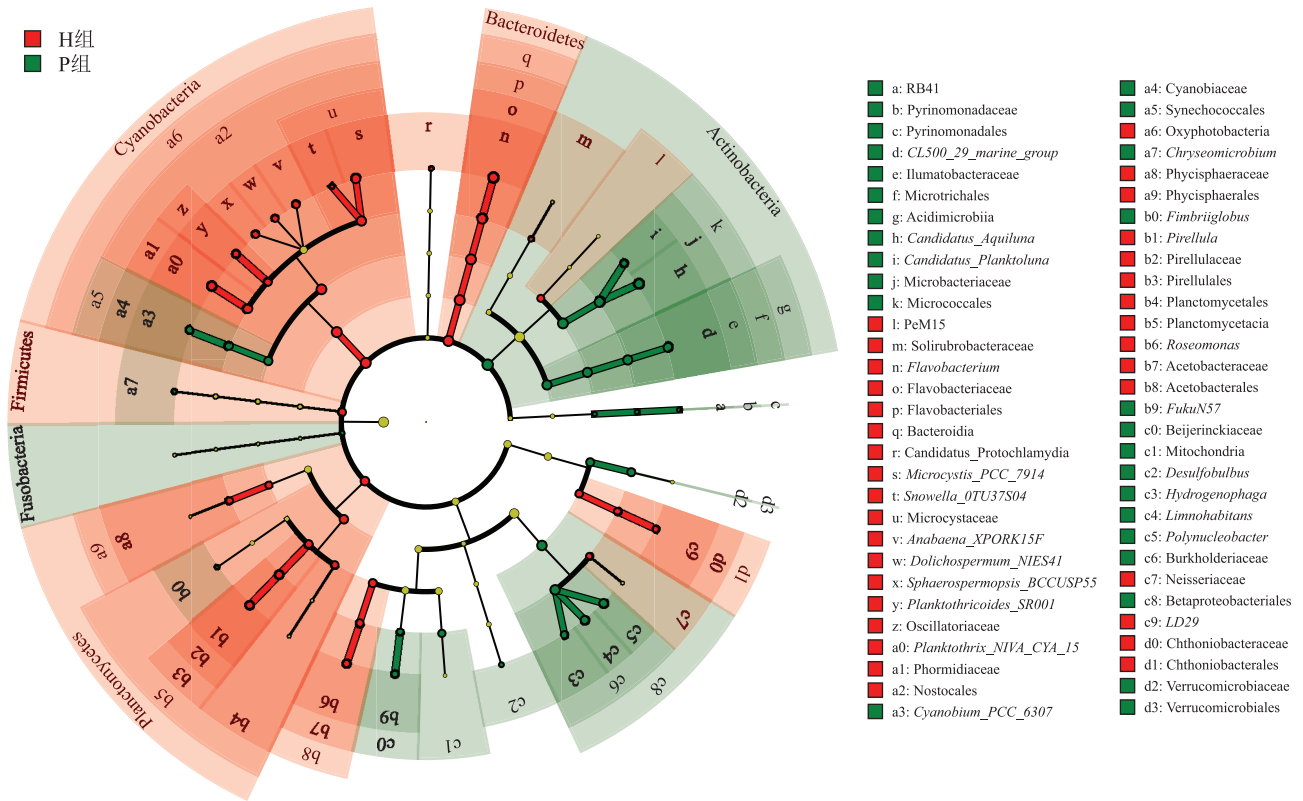


图4 指示物种分析(LDA Score>3)

Figure 4 Indicator species analysis(LDA Score>3)

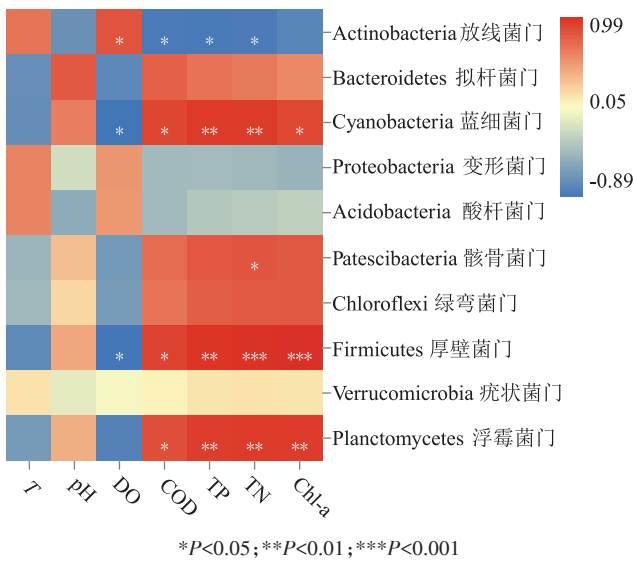


图5 环境因子与物种的 Pearson 相关性热图

Figure 5 Heatmap of Pearson correlations between environmental factors and species

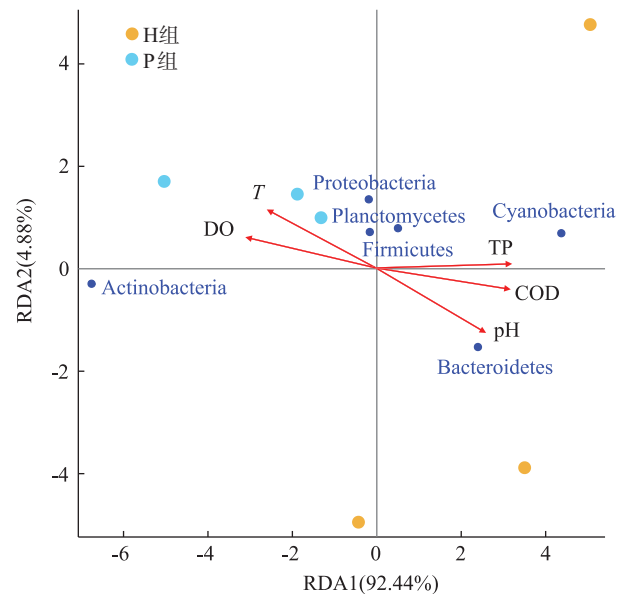


图6 门水平菌群结构与环境因子相关性

Figure 6 Correlations between phylum-level bacterial community structure and environmental factors

物性饵料与栖息掩蔽场所,不占有养殖空间,成本低,是当前水生甲壳类生态化养殖的原位净化主要方式^[7]。本研究分析了沉水植物对罗氏沼虾养殖系统的水质调控效应,为罗氏沼虾健康养殖与尾水达标排

放提供了借鉴与参考。

3.1 沉水植物原位净化对水质的影响

罗氏沼虾养殖周期过程中大量外源投入品被养

殖对象摄食后,经过浮游生物与微生物作用以无机氮和无机磷形式进入水体,进而提高水体的氮磷含量,随着养殖周期的延长,水体氮磷含量逐渐积累,导致水体富营养化严重^[8]。本实验P组水体中DO高于H组,而TP、TN、COD和Chl-a均显著低于H组,与两组营养物质的代谢吸收差异有关。P组沉水植物通过根茎直接吸收水中氮磷等营养物质,降低了TP、TN与Chl-a浓度^[9];通过叶片的光合作用增加水体溶解氧,通过化感作用破坏浮游植物光合系统,减少藻细胞数量,抑制了藻类生长^[10],养殖水体达到《池塘养殖尾水排放标准》(DB 32/4043—2021)中一级排放标准。而H组在无沉水植物的情况下,耗氧多,COD和Chl-a含量更高,且TP、TN负荷导致水体呈富营养化^[11]。

3.2 沉水植物原位净化对浮游生物群落结构的影响

浮游植物是水生生态系统生物资源的基础,其群落特征反映了水体生态环境状况^[12]。P组浮游植物均匀度、多样性指数均大于H组,反映了P组浮游植物群落更稳定。而H组浮游植物生物量均高于P组,其中H组蓝藻门最多,显著高于P组,蓝藻门中微囊藻属占据种群绝对优势。蓝藻大量繁殖会危害水体,严重时可在水面漂浮积聚一层绿色的藻席,阻碍其他藻类光合作用,导致水体COD升高,虾类持续性缺氧甚至死亡^[13]。微囊藻释放的微囊藻毒素(Microcystin, MC)可抑制竞争藻类生长^[14],抵御浮游动物摄食,减少浮游动物寿命与生殖率,严重破坏群落稳定性;大量藻毒素累积会影响虾类肝细胞造成线粒体功能异常,肝胰腺、性腺等组织损伤^[15]。浮游动物种群变化与浮游植物种群的波动密切相关^[16]。H组浮游动物生物量高于P组,这与H组浮游植物生物量显著高于P组的结果相一致。浮游动物作为水体食物链的重要组成部分,能够直接牧食浮游植物,调控虾塘中藻类数量与细菌丰度,降低其生物量^[17],减轻水环境压力。

3.3 沉水植物原位净化对水体菌群结构的影响

微生物直接参与养殖系统营养物质的分解代谢,对养殖水环境的稳定性至关重要^[18]。两组养殖水体优势菌主要由放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、变形菌门构成,它们在很多养殖水环境中常占据优势地位,如在凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)^[19]、中华绒螯蟹^[20]等养殖环境中。虽然两组的优势菌门相似,但相对丰度不同,菌群结构差异显著。其中放线菌门在P组中处于绝对优势地位,拟杆菌门在H组丰度更高。放线菌门广泛分布于淡水与海洋生态

系统中,在水生生物循环分解与矿化过程中发挥关键作用^[21],是维持菌群结构稳定的重要组成。高丰度放线菌门反映了生态养殖组菌群分解代谢能力强,水环境稳定。在养殖水体中拟杆菌门多为专性厌氧菌,养殖过程中残饵及养殖对象代谢产物的沉积,可能导致水中拟杆菌门的含量增加,并改变其他细菌丰度^[22-23]。拟杆菌门指示类群黄杆菌属(*Flavobacterium*)是浮游细菌的重要组成部分,容易引起急性、亚急性和慢性感染,主要造成水生动物鳃、皮肤损伤和深部坏死性溃疡^[24],是水生动物细菌性病害中常见的病原菌^[25]。罗氏沼虾传统养殖组黄杆菌丰度较高反映了养殖水环境较差,容易滋生病原菌,导致养殖对象免疫力下降甚至死亡。

3.4 水环境因子与浮游生物和微生物的相互关系

水环境因子是驱动浮游生物种群变化的关键因子。其中TP、COD显著影响浮游生物种类组成与数量,且主要呈正相关关系^[26]。TP、COD、DO、pH是两组浮游生物与微生物种群结构变化的主要环境驱动因子。H组TP含量显著高于P组,浮游植物蓝藻门以及浮游动物枝角类和轮虫类都为优势种群,与TP呈显著正相关。TP是促使藻类大量繁殖的主要营养盐来源,能够调控浮游植物群落结构,在一定的浓度范围内,浮游植物会随着磷浓度升高而增殖,提高初级生产力的同时促进浮游动物生长繁殖^[27]。另外环境因子变化使细菌种类及丰度出现差异性,影响微生物群落结构的稳定^[28]。磷等营养盐的增加,会使水体呈现不同的营养状态^[29],本研究结果表明H组水体趋于营养化,较P组菌群结构稳定性差。放线菌门的丰度与DO呈显著正相关,与TP、COD、pH呈显著负相关;蓝细菌门、拟杆菌门及浮霉菌门的丰度与TP、COD、pH呈显著正相关,其中蓝细菌门与拟杆菌门在H组占据优势地位,与其他菌类竞争生长发育所需营养,影响菌群组成与分布^[30]。大量浮游生物耗氧导致水体COD升高,造成好氧菌放线菌门丰度明显下降,而拟杆菌门大多数厌氧菌类无氧呼吸生成乙酸、异戊酸等副产品,容易改变水环境pH,引起生物细胞膜电位变化,从而阻碍微生物对营养物质的吸收,抑制微生物代谢过程中酶活性^[31]。生态养殖通过种植沉水植物进行原位净化,优化水环境,对改善养殖水体浮游生物与微生物群落结构具有积极作用。

4 结论

利用沉水植物开展罗氏沼虾养殖水环境的原位

净化可以有效消减养殖水体氮磷营养盐与化学需氧量,增加水体溶解氧;降低水体浮游植物与浮游动物的生物量,改变优势种群;提高微生物群落结构稳定性与生物多样性,进一步改善养殖水环境。

种植沉水植物能够显著改善罗氏沼虾养殖水环境,但种养与管护繁琐,养殖户缺乏积极主动性。因此下一步需要重点关注沉水植物对罗氏沼虾产量、规格以及品质的影响,此外与其他水生植物(漂浮植物)和滤食性鱼类相结合,构建立体生态养殖模式,在改善养殖水环境基础上,提高水体综合利用率。

参考文献:

- [1] 谢辉亮,徐钢春,王裕玉,等. “流水养殖槽-虾-蟹”串联式循环水养殖模式净化效能的研究[J]. 大连海洋大学学报, 2021, 36(1): 118-126. XIE H L, XU G C, WANG Y Y, et al. Purification efficiency in an “in-pond raceway recirculating (IPRS)-shrimp-crab” tandem system aquaculture model[J]. *Journal of Dalian Fisheries University*, 2021, 36(1): 118-126.
- [2] 徐荣,朱凌云,王守红,等. 基于‘罗氏沼虾’养殖尾水灌溉条件下稻田养分利用效能提升技术研究[J]. 中国农学通报, 2020, 36(23): 142-150. XU R, ZHU L Y, WANG S H, et al. The enhancement of nutrient utility efficiency in paddy field based on tail water irrigation of ‘*Macrobrachium rosenbergii*’ aquaculture[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020, 36(23): 142-150.
- [3] 吕林兰,董学兴,赵卫红,等. 罗氏沼虾不同养殖模式对水体浮游生物的影响[J]. 水产学报, 2018, 42(10): 1589-1595. LÜ L L, DONG X X, ZHAO W H, et al. Effects of different cultural patterns of *Macrobrachium rosenbergii* on plankton[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2018, 42(10): 1589-1595.
- [4] 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. ZHAO Y J, GUO H P, ZHANG D M. Effects of different culture patterns on the intestinal microbiota of *Litopenaeus vannamei*[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2021, 45(2): 221-234.
- [5] 胡鸿钧,李尧英,魏印心,等. 中国淡水藻类[M]. 上海:上海科学技术出版社, 1980. HU H J, LI R Y, WEI Y X, et al. Freshwater algae in China[M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 1980.
- [6] 周凤霞,陈剑虹. 淡水微生物图谱[M]. 二版. 北京:化学工业出版社, 2010. ZHOU F X, CHEN J H. Freshwater microbiome atlas[M]. 2nd Edition. Beijing: Chemical Industry Press, 2010.
- [7] 钱珍余,陈梅. 不同沉水植物及其组合对水质的净化效果[J]. 安徽农业科学, 2019, 40(6): 73-80. QIAN Z Y, CHEN M. Purification effect of different submerged macrophytes and their combinations on water quality[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2019, 40(6): 73-80.
- [8] 兰艳,俞锦辰,刘怡琳,等. 河蟹池塘生态养殖对水环境的影响[J]. 水产科技情报, 2021, 48(3): 166-172. LAN Y, YU J C, LIU Y L, et al. Effect of ecological culture of Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis* on water quality during adult culture stage[J]. *Fisheries Science & Technology Information*, 2021, 48(3): 166-172.
- [9] 金树权,周金波,包薇红,等. 5种沉水植物的氮、磷吸收和水质净化能力比较[J]. 环境科学, 2017, 38(1): 156-161. JIN S Q, ZHOU J B, BAO W H, et al. Comparison of nitrogen and phosphorus uptake and water purification ability of five submerged macrophytes[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(1): 156-161.
- [10] CHORUS I, FASTNNER J, WELKER M. Cyanobacteria and cyanotoxins in a changing environment: Concepts, controversies, challenges [J]. *Water*, 2021, 13(18): 2463.
- [11] 郑晓红. 地表水中总磷和总氮对藻类生长的影响以及藻类生长对pH值和溶解氧含量的影响[J]. 仪器仪表与分析监测, 2012(3): 43-45. ZHENG X H. The influence analysis of total phosphorus on algae growing and algae growing on pH and dissolved oxygen in surface water[J]. *Instrumentation and Analytical Monitoring*, 2012(3): 43-45.
- [12] ZHANG C, ZHU Z X, SPOLJAR M et al. Ecosystem models indicate zooplankton biomass response to nutrient input and climate warming is related to lake size[J]. *Ecological Modelling*, 2022, 464.
- [13] 谷序文,龚路军,刘全礼,等. 淡水养殖过程中蓝藻水华的危害及控制[J]. 渔业致富指南, 2011(13): 75-76. GU X W, GONG L J, LIU Q L, et al. Harm and control of *Cyanobacteria* bloom in freshwater culture[J]. *Fishery Guide to be Rich*, 2011(13): 75-76.
- [14] LI D P, KANG X, CHU L L, et al. Algicidal mechanism of *Raoultella ornithinolytica* against *Microcystis aeruginosa*: Antioxidant response, photosynthetic system damage and microcystin degradation[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 287: 117644.
- [15] 黄海塘,雷腊梅,彭亮,等. 微囊藻和拟柱孢藻对亚热带大型枝角类同形溞(*Daphnia similoides*)生长与繁殖的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2015, 21(2): 366-371. HUANG H T, LEI L M, PENG L, et al. Effect of microcystis aeruginosa and cylindropermopsis raciborskii on the growth and reproduction of *Daphnia similoides* (large sub-tropical cladoceran) [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2015, 21(2): 366-371.
- [16] 王文侠,陈非洲,谷孝鸿. 南京市5座中型水库浮游动物群落结构及其与环境因子的关系[J]. 湖泊科学, 2017, 29(1): 216-223. WANG W X, CHEN F Z, GU X H. Community structures of zooplankton and its relation to environmental factors in five medium reservoirs in Nanjing City[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2017, 29(1): 216-223.
- [17] 李欢,张修峰,刘正文. 浮游动物调控对浮游藻类的影响[J]. 生态科学, 2014, 33(1): 20-24. LI H, ZHANG X F, LIU Z W. The effects of zooplankton removal on planktonic algae[J]. *Ecological Science*, 2014, 33(1): 20-24.
- [18] 裘琼芬,张德民,叶仙森,等. 象山港网箱养殖对近海沉积物细菌群落的影响[J]. 生态学报, 2013, 33(2): 483-491. QIU Q F, ZHANG D M, YE X S, et al. The bacterial community of coastal sediments influenced by cage culture in Xiangshan Bay, Zhejiang, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, 33(2): 483-491.
- [19] 张哲,杨章武,葛辉,等. 凡纳滨对虾育苗水体中三种生物絮团的菌群多样性及Tax4Fun基因功能预测分析[J]. 水生生物学报, 2019, 43(4): 786-796. ZHANG Z, YANG Z W, GE H, et al. Impacts of *Litopenaeus vannamei* on microbial diversity of three biofloc and predictive analysis of tax4fun gene function during hatchery period in wa-

- ter[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2019, 43(4):786-796.
- [20] 许郑超, 邓燕飞, 周军, 等. 中华绒螯蟹养殖池塘菌群结构和功能特征[J]. 生态学杂志, 2021, 40(7):2223-2233. XU Z C, DENG Y F, ZHOU J, et al. Structural and functional characteristics of microbial communities in aquaculture ponds of Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis* L.[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2021, 40(7):2223-2233.
- [21] STACH E M, BULL A T. Estimating and comparing the diversity of marine actinobacteria[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2005, 87(1):3-9.
- [22] COTTRELL M T, KIRCHMAN D L. Natural assemblages of marine proteobacteria and members of the *Cytophaga-Flavobacter* cluster consuming low- and high-molecular-weight dissolved organic matter [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(4):1692-1697.
- [23] ROSSELLO M R, THAMDRUP B, SCHAFFER H, et al. The response of the microbial community of marine sediments to organic carbon input under anaerobic conditions[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 1999, 22(2):237-248.
- [24] SALIH K, HASAN C T, JOCHE B, et al. Genomic diversity in flavobacterial pathogens of aquatic origin[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2020, 142:104053.
- [25] SEMPLE S L, BOLS N C, LUMSDEN J S, et al. Understanding the pathogenesis of *Flavobacterium psychrophilum* using the rainbow trout monocyte/macrophage-like cell line, RTS11, as an infection model[J]. *Microbial Pathogenesis*, 2020, 139:103910.
- [26] 张国庆, 杨雨玲, 唐爱国, 等. 新安江流域(屯溪段)浮游植物群落结构及其与环境因子的关系[J]. 生态学杂志, 2020, 39(2):527-540. ZHANG G Q, YANG Y L, TANG A G, et al. Phytoplankton community structure and its relationship with environmental factors in Xin'anjiang River Basin(Tunxi section)[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, 39(2):527-540.
- [27] PINTO C, RICARDO, PINEL A, et al. Crustacean zooplankton in lakes and reservoirs of temperate and tropical regions: Variation with trophic status[J]. *Canadian Journal of Fisheries & Aquatic Sciences*, 2005, 62(2):348-361.
- [28] 倪蒙, 高强, 原居林, 等. 不同盐度罗氏沼虾育苗水体水质及微生物群落结构研究[J]. 江西农业大学学报, 2019, 41(5):976-985. NI M, GAO Q, YUAN J L, et al. Effect of salinity on the water quality and microbial community structure of the water for young *Macrobrachium rosenbergii* rearing[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2019, 41(5):976-985.
- [29] HAUKKA K, KOLMONEN E, HYDER R, et al. Effect of nutrient loading on bacterioplankton community composition in lake mesocosms[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 51(2):137-146.
- [30] 鲁晓红, 牛留业, 张冬民, 等. 有益菌与致病菌相互抑制作用的观察[J]. 中国微生态学杂志, 2000, 12(3):144-145. LU X H, NIU L Y, ZHANG D M, et al. Observation of mutual inhibition between beneficial bacteria and pathogenic bacteria[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2000, 12(3):144-145.
- [31] 叶凝芳, 何晶晶, 吕凡, 等. 厌氧发酵过程pH对微生物多样性和产物分布的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13(2):238-242. YE N F, HE P J, LÜ F, et al. Effect of pH on microbial diversity and product distribution during anaerobic fermentation of vegetable waste [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2007, 13(2):238-242.

(责任编辑:李丹)