

加州鲈 + 河蟹箱塘联动养殖模式与河蟹单养模式下底泥微生物多样性研究

李 晨¹, 刘佳瑶², 王友成^{3*}

¹上海福岁乐生物科技有限公司, 上海

²鄂尔多斯市农牧技术推广中心, 内蒙古 鄂尔多斯

³上海睿婕水产养殖专业合作社, 上海

收稿日期: 2025年8月9日; 录用日期: 2025年8月29日; 发布日期: 2025年9月16日

摘 要

本研究通过16S rRNA基因高通量测序技术, 比较了箱塘联动生态养殖模式(加州鲈套养)与传统河蟹单养模式下池塘底泥细菌群落结构特征及季节动态差异。结果表明, 变形菌门为两种养殖模式的核心优势菌门, 但套养塘中拟杆菌门丰度显著升高, 硝化螺旋菌门相对减少。在纲水平上, γ -变形菌纲为绝对优势类群, 套养塘拟杆菌纲占比提升而芽单孢菌纲下降。Alpha多样性分析显示, 单养塘微生物丰富度(Chao1指数)在多数月份高于套养塘, 且两者均呈现“先升后降”的养殖周期性变化规律。套养模式虽能提升经济效益, 但底泥有机质积累导致拟杆菌门等兼性厌氧菌增殖, 可能削弱氮循环功能菌(硝化螺旋菌门)作用, 增加水体富营养化风险。研究提示, 需通过人工调控优化套养模式微生物结构, 平衡生态效益与经济效益, 为绿色水产养殖提供科学依据。

关键词

箱塘联动模式, 加州鲈, 河蟹, 微生物多样性

Comparative Study on Sediment Microbial Diversity between Integrated Largemouth Bass and Chinese Mitten Crab Culture and Monoculture of Chinese Mitten Crab

Chen Li¹, Jiayao Liu², Youcheng Wang^{3*}

¹Shanghai Fusuile Biotechnology Co., Ltd., Shanghai

²Ordos Agricultural and Animal Husbandry Promotion Center, Ordos Inner Mongolia

*通讯作者。

文章引用: 李晨, 刘佳瑶, 王友成. 加州鲈 + 河蟹箱塘联动养殖模式与河蟹单养模式下底泥微生物多样性研究[J]. 水产研究, 2025, 12(3): 180-187. DOI: 10.12677/ojfr.2025.123019

³Shanghai Ruijie Aquaculture Professional Cooperative, Shanghai

Received: Aug. 9th, 2025; accepted: Aug. 29th, 2025; published: Sep. 16th, 2025

Abstract

This study employed high-throughput 16S rRNA gene sequencing to compare the composition and seasonal dynamics of bacterial communities in pond sediments under two aquaculture models: an integrated “cage-in-pond” system co-culturing largemouth bass (*Micropterus salmoides*) with Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*), and a traditional monoculture of *E. sinensis*. Proteobacteria was the dominant phylum in both systems, while Bacteroidetes showed significantly higher abundance and Nitrospirae lower abundance in the integrated system. At the class level, Gammaproteobacteria remained dominant, with increased Bacteroidia and decreased Gemmatimonadetes in co-cultured ponds. Alpha diversity analysis showed that microbial richness (Chao1 index) was generally higher in the monoculture system during most months, and both systems exhibited a “rise-then-fall” trend throughout the culture cycle. Although the integrated model improves economic returns, organic matter accumulation in sediments may promote the growth of facultative anaerobes like Bacteroidetes, reduce nitrogen-cycling bacteria (Nitrospirae), and elevate the risk of eutrophication. These findings suggest that artificial regulation of microbial communities is needed to balance ecological health with economic benefits and to support sustainable aquaculture practices.

Keywords

Integrated Cage-in-Pond System, Largemouth Bass, Chinese Mitten Crab, Microbial Diversity

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

水产养殖中，微生物群落是养殖生态系统的重要组成部分，在维持生态系统稳定性和保障养殖效益方面发挥作用[1][2]。中华绒螯蟹是中国水产养殖的重要经济产品，其养殖产量、品质的波动对水产养殖产业会带来不可估量的影响[3][4]。目前微生物群落结构和多样性是微生物生态学和环境科学研究的热点内容对目标环境微生物群落的种群结构和多样性进行分析并研究其动态变化，可以为优化群落结构提供有效的方法[5][6]。为探究箱塘联动生态养殖模式下池塘底泥细菌群落结构特征及季节变动，并比较与传统河蟹单养模式群落结构差异。本研究通过利用 16S rRNA 基因高通量测序技术，比较河蟹单养和鲈鱼套养模式下池塘底泥微生物多样性差异，分析不同养殖模式下环境微生物的变化差异，在实际养殖中及时通过人工调控提高有益菌优势地位，保持水质健康，以期中华绒螯蟹养殖模式探索提供理论基础，实现绿色环保的生态养殖模式。

2. 材料方法

2.1. 试验池塘及网箱设置

选取加州鲈 + 河蟹箱塘联动养殖模式 14 号塘，以河蟹单养模式 7 号塘作为实验比较组，采样时间设置在 3 月、4 月、5 月、7 月、8 月、11 月，即河蟹养殖周期的前、中、后期。分别利用抓斗式采泥器

在池塘对角线两侧离岸 1.5 m 及池塘中心位置采集底泥样品, 将样品分别置于无菌样品袋中。底泥样品放于-80℃冰箱保存备用。在整个研究过程中, 共收集了 12 个池塘底泥样本, 样品编号为 7_Mar、7_Apr、7_May、7_Jul、7_Aug、7_Nov、14_Mar、14_Apr、14_May、14_Jul、14_Aug、14_Nov。

2.2. 底泥样品 DNA 提取、扩增和测序

使用 Fast DNA[®] SPIN Kit for Soil 试剂盒(MP Biomedicals, U.S.)提取养殖底泥样品中微生物群落基因组 DNA, 具体步骤参考说明书。采用 1.5%琼脂糖凝胶检测其 DNA 的完整性, 采用 NanoDrop1000 紫外可见分光光度计检测其 DNA 的浓度和纯度。16S rRNA 基因 V3-V4 区扩增引物为: F (5'-ACTCCTACGG-GAGGCAGCA-3')和 R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。然后使用 TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒(Illumina)进行文库构建, 构建好的文库采用 Illumina 平台(派森诺, 上海)对群落 DNA 片段进行双端(Paired-end)测序。

2.3. 数据处理与分析

2.3.1. 序列处理

通过质量初筛的原始序列按照 index 和 Barcode 信息, 进行文库和样本划分, 并去除 barcode 序列。按照 QIIME2 dada2 分析流程或 Vsearch 软件的分析流程进行序列去噪或 OTU 聚类。根据 ASV/OTU 在不同样本中的分布, 评估每个样本的 Alpha 多样性水平, 并通过稀疏曲线反映测序深度是否合适。在物种分类学组成层面, 通过各种非监督、监督的排序、聚类和建模手段, 结合相应统计学检验方法, 进一步衡量不同样本(组)间的物种丰度组成差异, 并尝试寻找标志物种。

基于上海派森诺基因云平台(<https://www.genesccloud.cn>)对所有样品的全部 effective tags 进行聚类, 以 97%的一致性将序列聚类成 OTUs。根据 OTUs 聚类结果对每个 OTU 的代表序列做物种注释, 得到对应的物种信息。使用 Qiime 软件计算 Alpha 多样性指数, 包括 Chao1、Shannon 和 Coverage 指数, 分别表征微生物群落的丰富度、多样性和覆盖度)计算, 得到底泥样品物种信息。

2.3.2. 统计分析

所有数据处理采用 Excel 2010 软件, 并使用 Adobe Illustrator 软件进行绘图。

3. 结果

3.1. 测序基本信息

对不同月份(3、4、5、7、8、11 月)纯蟹塘(7#)和鲈鱼套养蟹塘(14#)两个塘采集到的底泥共计 12 个样本进行测序分析, 共得到 883,525 条序列, 每个样本的有效序列量在 54,159~96,829 条(表 1), 99.7%的序列长度都落在 401 bp~500 bp 内(图 1), 符合测序长度要求。经过物种注释与分析, 12 个底泥沉积物中的微生物涉及 54 个门、152 个纲、343 个目、589 个科、1196 个属和 3221 个种, 各样本注释情况如图 2 所示。进一步通过 97%相似度的 OTU 进行稀释性曲线分析(图 3), 结果发现各样本曲线趋于平缓, 说明测序结果已足够反映当前样本所包含的多样性。

3.2. 微生物群落结构分析

在门类水平下的微生物物种组成情况如图 4 所示, 在 12 个样品中, 丰度最高的微生物均为变形菌门(Proteobacteria)。河蟹单养 7 号塘中, 主要优势菌群为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)等。套养鲈鱼 14 号塘中, 主要优势菌群为变形菌门

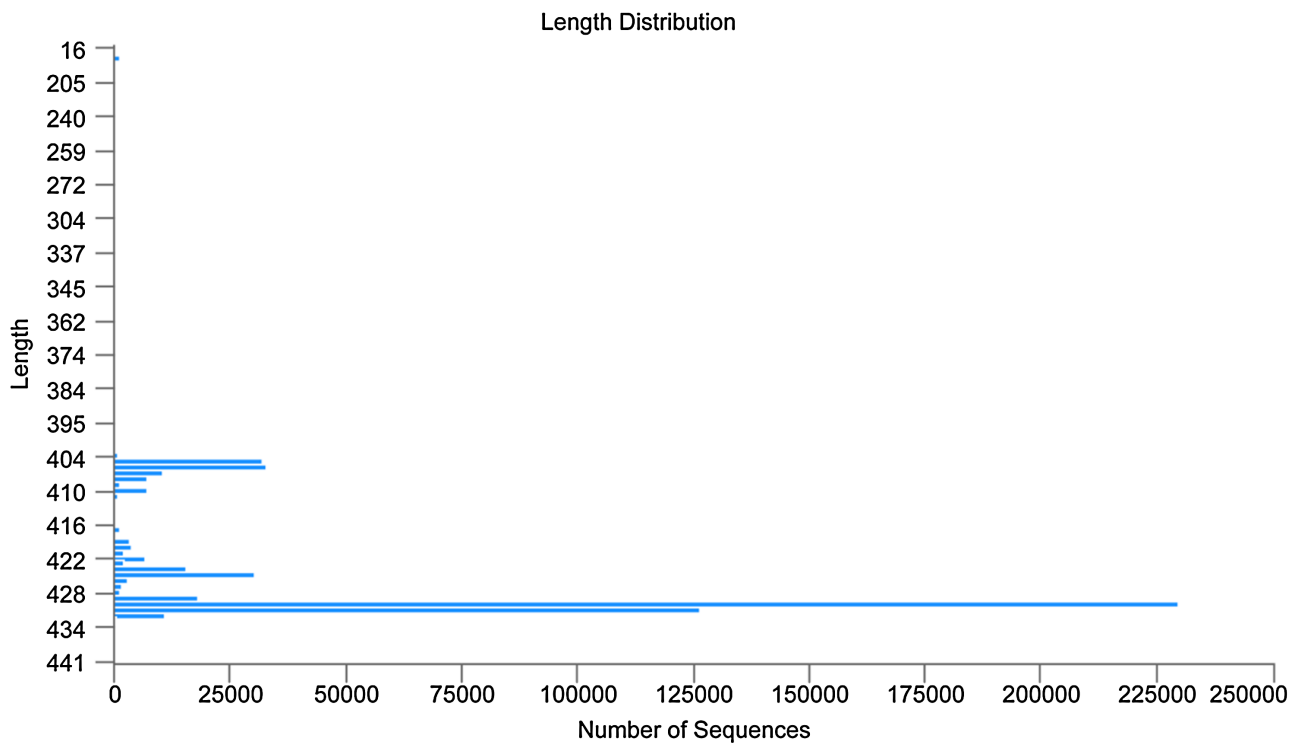


Figure 1. Length distribution of sequencing reads
图 1. 测序序列长度分布

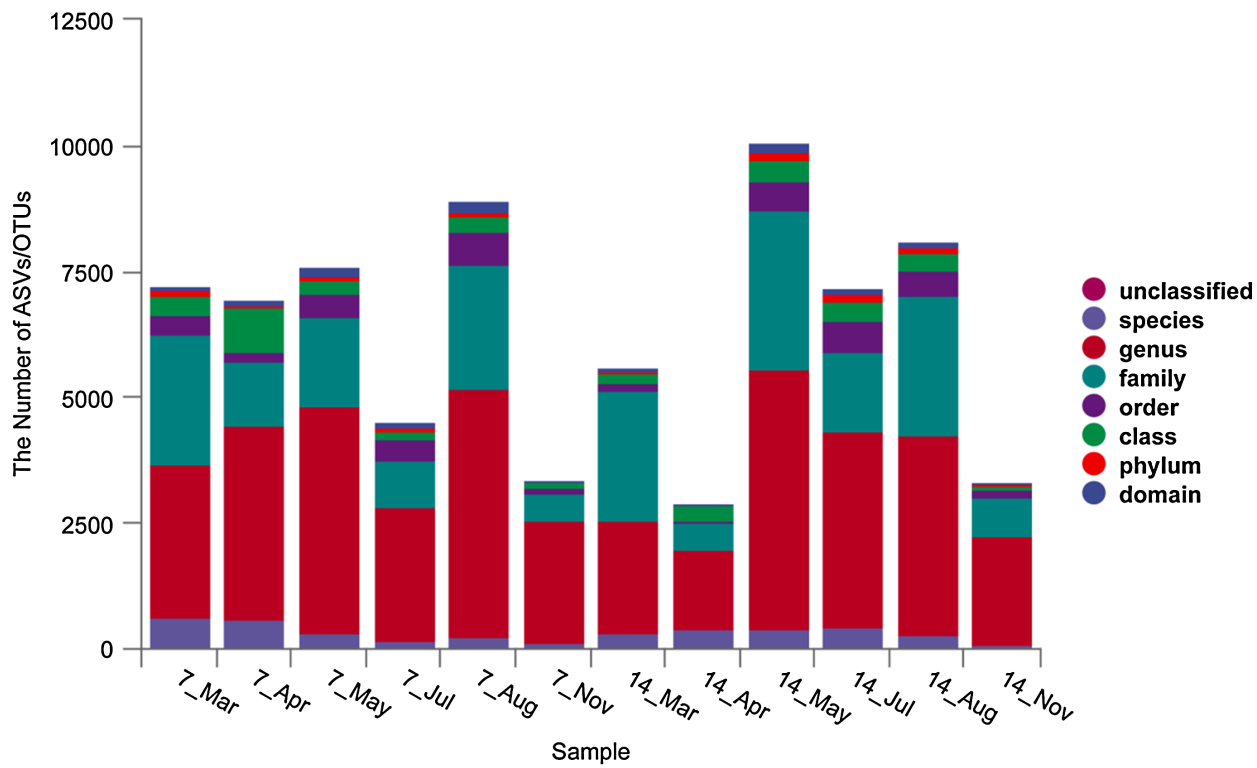


Figure 2. Taxonomic annotation of species
图 2. 物种分类学注释

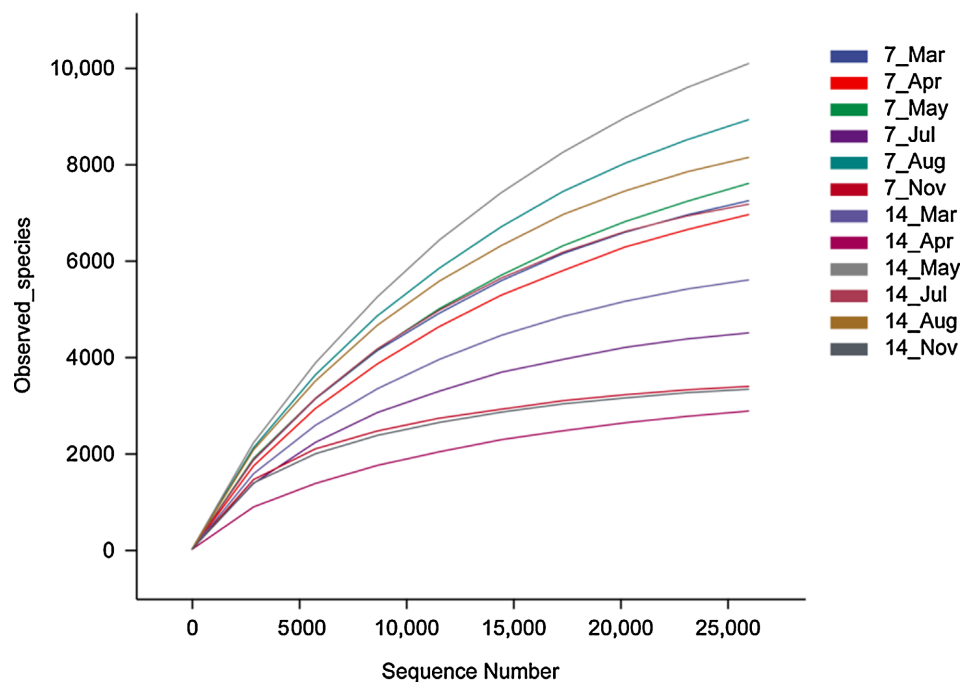


Figure 3. Rarefaction curves
图 3. 稀释曲线

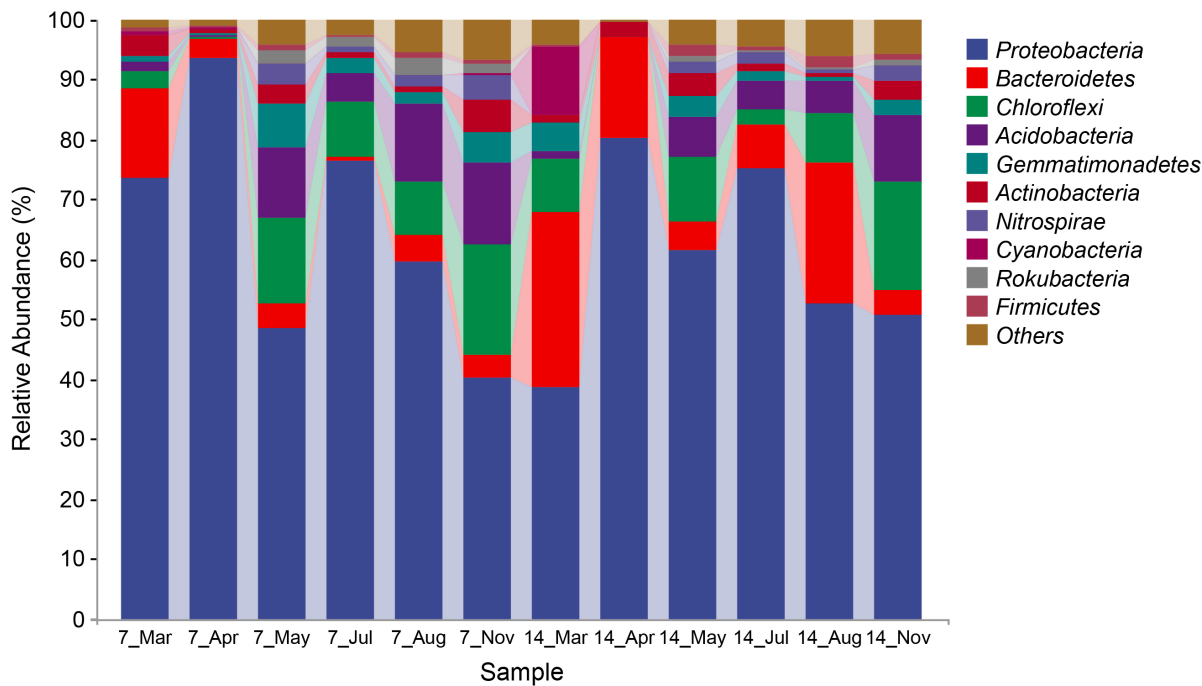


Figure 4. Microbial community composition at the phylum level
图 4. 在门类水平下的微生物物种组成

(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)等。在养殖各时期,套养塘中拟杆菌门(Bacteroidetes)丰度高于单养池塘。本研究中,鲈鱼套养塘中拟杆菌门和酸杆菌门含量与河蟹单养塘相比有所上升,硝化螺旋

菌门和芽单胞菌门含量有所下降。拟杆菌门是溶解性有机物的主要消费者, 养殖环境中残留饵料及养殖动物粪便在水体中未被及时分解并沉积在水体及底泥中时, 会造成养殖池塘底部拟杆菌门细菌含量增加。硝化螺旋菌门有益于土壤中氮肥的利用, 能有效预防水富营养化。因此, 基于门水平对两种养殖模式环境微生物分析结果显示, 河蟹单养池塘环境优于鲈鱼套养池塘环境, 因此在实际养殖过程中应该注意维持套养池的养殖环境、预防疾病的发生。

从纲水平分析池塘底泥的组成和丰度, 如图 5。河蟹单养 7 号塘底泥中优势物种为 γ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、 δ -变形菌纲 (Deltaproteobacteria)、拟杆菌纲 (Bacteroidia)、厌氧绳菌纲 (Anaerolineae)、 α -变形菌纲 (Alphaproteobacteria)、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)、Subgroup_6、放线菌纲 (Actinobacteria), 此外还有少量酸杆菌纲 (Acidobacteriia) 和生光光细菌纲 (Oxyphotobacteria) 等。除 7_Jul 外, 其余 11 组第一优势物种为 γ -变形菌纲, 并在两种养殖模式下丰度均呈现出先升后降的趋势, 在 4 月达到峰值。套养塘中拟杆菌纲丰度高于单养池塘, 套养塘芽单胞菌纲丰度小于单养塘, 与门水平一致。

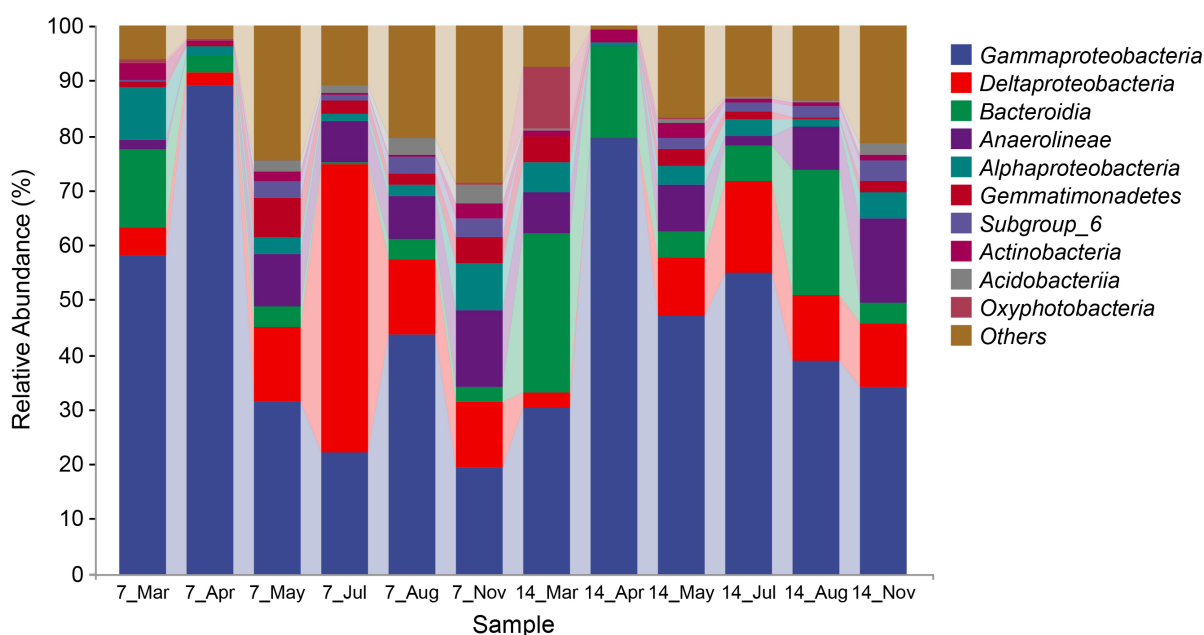


Figure 5. Microbial community composition at the class level

图 5. 在纲类水平下的微生物物种组成

3.3. 微生物群落 α -多样性分析

根据两种养殖模式下池塘沉积物微生物群落高通量测序结果, 计算各样品 α -多样性指数, 结果如表 1 所示。Chao1 指数用来反映微生物群落物种丰富度, 指数越大说明物种总数越多; Shannon 和 Simpson 指数用来评价微生物群落多样性。本实验 Chao1 指数的变化范围在 3397.61~12545.7, 指数最大的 3 个样品依次是 14_May、7_Aug、7_May, 所含物种数量最大; 而指数最低的 3 个样品是 14_Apr、14_Nov、7_Nov, 群落丰富度低。在养殖周期中, 两种养殖模式下底泥中微生物丰富度均呈现出先升后降的趋势, 单养塘 8 月微生物群落丰度最高, 套养塘 5 月和 8 月丰富度较高; 除 5 月和 7 月外, 河蟹单养塘丰富度高于鲈鱼套养塘。Shannon 指数和 Simpson 指数在 14_May、7_Aug、14_Aug 的值较高, 表明微生物多样性较高, 种群丰富并且分配均匀。两种养殖模式下底泥中微生物群落多样性也呈现出先升后降的趋势, 分别在 5 月和 8 月指数较高, 与丰富度指数趋势一致, 物种数量越多的养殖时间点群落结构越复杂、均

一性越高。

Table 1. Summary of sequencing reads and Alpha diversity indices of microbial communities
表 1. 样品序列数统计及微生物群落 Alpha 多样性指数表

样品	序列	Observed Species 指数	Chaol 指数	覆盖度	Shannon 指数	Simpson 指数
7_Mar	87180	7241	8318.83	0.909821	11.5784	0.998452
7_Apr	78951	6945.4	8296.87	0.903409	11.1178	0.99592
7_May	107858	7599.8	9440.21	0.884982	11.7481	0.999079
7_Jul	62620	4497	4800.96	0.961993	9.70707	0.976087
7_Aug	107868	8917.2	10646.5	0.873105	12.2834	0.999428
7_Nov	75643	3384.6	3640.94	0.976822	10.7562	0.998766
14_Mar	86874	5592.7	6160.66	0.94207	10.9392	0.997936
14_Apr	75164	2874.2	3397.61	0.965052	8.1447	0.970231
14_May	118469	10087.2	12545.7	0.839168	12.5297	0.999525
14_Jul	90955	7166.4	7758.88	0.928294	11.6259	0.998596
14_Aug	92320	8137.8	9067.3	0.907415	12.0902	0.999203
14_Nov	71389	3326.6	3540.93	0.977214	10.5637	0.998245

4. 讨论

微生物群落结构分析结果表明，变形菌门是养殖池塘中的优势菌门，其丰度明显高于其他优势菌丰度，变形菌门中的微生物具有一定的脱氮功能，有利于氮的去除，在养殖初期占据主导地位，随养殖过程推进逐渐减弱。拟杆菌门也是两个水体中的优势菌门，拟杆菌门的微生物与 DNA、脂类和蛋白质等有机物质的转换密切相关，这些有机物质的吸收和利用共同参与水体环境中碳循环。研究发现，蟹塘套养鲈鱼导致拟杆菌门和酸杆菌门含量有所上升，硝化螺旋菌门和芽单胞菌门含量有所下降，可能是由于套养鲈鱼后养殖环境中残留饵料及养殖动物粪便增加且未得到及时分解，沉积在底泥中，营造出适合拟杆菌门和酸杆菌门细菌的生长环境，可能因此影响池塘环境[7] [8]。

蟹塘中套养鲈鱼，使得池塘中拥有更多的营养级，能量流动更充分，能够一定程度上稳定水体环境，但同时结果表明鲈鱼套养塘养殖环境底泥微生物群落丰富度和多样性略低于河蟹单养塘，这可能影响池塘生态系统的稳定，存在潜在风险[9] [10]。从经济角度来看，套养鲈鱼的养殖模式能够带来额外的经济效益，为养殖户带来增产增收，但在实际养殖过程中应该注意维持套养池的养殖环境、预防疾病的发生[11][12]。随着养殖模式的不断创新，河蟹池塘套养已成为趋势，未来针对套养品种的选择，需要综合考虑生态和经济效益，还需要进行更多的研究。

基金项目

1) 上海市科委“科技创新行动计划”农业领域项目中华绒螯蟹绿色低碳生产技术示范应用(23N61900600); 2) 上海市中华绒螯蟹产业技术体系(沪农科产字 2025 第 4 号)。

参考文献

[1] 徐慧敏, 陈曦, 孟顺龙, 等. 鱼菜共生系统中的微生物群落研究进展与展望[J]. 渔业科学进展, 2025, 46(2): 15-26.

-
- [2] 李奎. 稻蟹共作-池塘养殖复合生态系统营养循环及生态评价研究[D]: [硕士学位论文]. 上海: 上海海洋大学, 2022.
- [3] 华清红, 赵雨轩, 肖霖, 等. 不同水草种类的中华绒螯蟹养殖池塘水质质量评价[J]. 南方水产科学, 2025, 21(1): 131-139.
- [4] 朱凌翔, 张冬冬, 唐美君, 等. 野生和池塘培育中华绒螯蟹大眼幼体的养殖性能和生化组成的比较研究[J]. 淡水渔业, 2025, 55(3): 71-79.
- [5] 刘美琦, 叶旭婷, 杨璐, 等. 荷-鱼共养与常规池塘养殖模式下环境微生物群落比较研究[J]. 南方水产科学, 2025, 21(1): 140-152.
- [6] 李敏. 宁夏几种养殖系统水体中浮游植物-微生物群落结构研究[D]: [硕士学位论文]. 上海: 上海海洋大学, 2023.
- [7] 陶志英, 袁嘉欣, 谢世红, 等. 淡水池塘嵌入式集装槽循环水养殖系统水质及微生物群落分析[J]. 渔业现代化, 2025, 52(2): 46-57.
- [8] 冯杰, 姚德兴, 陆惠忠. 四种家鱼亲鱼塘套养“中科 3 号”异育银鲫试验总结[J]. 科学养鱼, 2014(11): 82-83.
- [9] 龙晓文, 吴仁福, 麻楠, 等. 蟹塘套养与温室养殖的中华鳖雌体营养组成的比较研究[J]. 淡水渔业, 2018, 48(5): 106-112.
- [10] 陆植府, 蔡建红, 蒙少武. 加州鲈鱼鱼苗池塘培育技术[J]. 农业工程技术, 2025, 45(9): 123-124.
- [11] 张奇斌, 孙翰昌, 胡广地, 等. 重庆市鲈鱼和鳊鱼产业发展现状与对策研究[J]. 中国渔业经济, 2025, 43(3): 93-101.
- [12] 胡秀梅, 张友春, 卢宁, 等. 生态环境因子对鲈鱼绿色健康养殖的影响研究[J]. 优质农产品, 2025(5): 107-109.