

DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20250110004

引用格式: 崔雁娜, 黄雷, 王雨辰, 等. 不同养殖模式马口鱼肠道微生物群落比较[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(8): 31-38.

CUI YN, HUANG L, WANG YC, *et al.* Comparison of intestinal microbiota in different aquaculture modes of *Opsariichthys bidens* [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(8): 31-38. (in Chinese with English abstract).

## 不同养殖模式马口鱼肠道微生物群落比较

崔雁娜<sup>1</sup>, 黄雷<sup>1</sup>, 王雨辰<sup>1</sup>, 汪江琦<sup>1</sup>, 沈亚芳<sup>1</sup>, 黄爱霞<sup>1</sup>, 武雨鑫<sup>1</sup>,  
胡秋月<sup>1</sup>, 郭水荣<sup>2\*</sup>, 郝贵杰<sup>1\*</sup>

(1. 农业农村部淡水渔业健康养殖重点实验室, 浙江省鱼类健康与营养重点实验室,  
湖州市水产品品质提升与加工技术重点实验室, 浙江省淡水水产研究所, 湖州 313001;  
2. 杭州市农业技术推广中心, 杭州 310020)

**摘要:** **目的** 研究不同养殖模式对马口鱼肠道微生物群落的影响。**方法** 采取以 C(马口鱼单养)、D(马口鱼与小龙虾混养)、E(马口鱼与青虾混养)的马口鱼肠道微生物 DNA 为模板, 通过聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR), 采用 515F-907R 引物对 16S rRNA 基因进行扩增, 并用 Illumina HiSeq2500 测序平台测序, 同步测定了不同养殖模式的马口鱼生长性能。**结果** 从体重和肥满度来看, C>E>D; 从体长来看, C 与 E 无显著性差异, C 与 D、D 与 E 均有显著性差异, 也是 C>E>D; 从肝体指数来看, D 与 E 无显著性差异, C 与 D、C 与 E 均有显著性差异, C>E>D; 脏体指数、肝体指数的规律相同, C>D>E; 鱼虾混养模式比单一养鱼模式鱼类肠道菌群的多样性和丰富度均显著增加; 混养模式增加了马口鱼的肠道菌群组成多样性, 两种混养模式效果相同; 单养模式和两种混养模式马口鱼的指示类群不同, 两种混养模式马口鱼的共有指示类群为微杆菌属和普雷沃氏菌属。**结论** 单养模式马口鱼的体重和肥满度更高, 有利于提升食品加工的产量; 混养模式微生物多样性和丰富度更好, 马口鱼的抵抗力更强, 品质更好, 有利于提升食品加工的产品质量。本研究可对不同养殖模式马口鱼营养供应、代谢稳态和防疫免疫、食品加工等提供了理论支撑。

**关键词:** 马口鱼; 养殖模式; 肠道微生物; 生长性能

### Comparison of intestinal microbiota in different aquaculture modes of *Opsariichthys bidens*

CUI Yan-Na<sup>1</sup>, HUANG Lei<sup>1</sup>, WANG Yu-Chen<sup>1</sup>, WANG Jiang-Qi<sup>1</sup>, SHEN Ya-Fang<sup>1</sup>,  
HUANG Ai-Xia<sup>1</sup>, WU Yu-Xin<sup>1</sup>, HU Qiu-Yue<sup>1</sup>, GUO Shui-Rong<sup>2\*</sup>, HAO Gui-Jie<sup>1\*</sup>

收稿日期: 2025-01-10

基金项目: 湖州市科技特派员项目(2021KT40); 江西省渔业种业联合育种攻关项目(2023YYZYGG-08); 杭州市农业科技协作与创新攻关项目(202209SX08)

第一作者: 崔雁娜(1983—), 女, 硕士, 工程师, 主要研究方向为水产品质量安全与加工。E-mail: 384396455@qq.com

\*通信作者: 郭水荣(1966—), 男, 正高级工程师, 主要研究方向为水产养殖。E-mail: xsgr@163.com

郝贵杰(1979—), 女, 博士, 研究员, 主要研究方向为水产品质量安全与加工。E-mail: 391601350@qq.com

(1. Key Laboratory of Healthy Freshwater Aquaculture, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Huzhou Key Laboratory of Aquatic Product Quality Improvement and Processing Technology, Zhejiang Institute of Freshwater Fisheries, Huzhou 313001, China; 2. Hangzhou Agricultural Technology Extension Center, Hangzhou 310020, China)

**ABSTRACT: Objective** To study the effects of different aquaculture modes on the intestinal microbiota of *Opsariichthys bidens*. **Methods** The 16S rRNA gene was amplified by polymerase chain reaction (PCR) using 515F-907R primers using the intestinal microbial DNA of C (monoculture of *Opsariichthys bidens*), D (mixed culture of *Opsariichthys bidens* and crayfish), E (mixed culture of *Opsariichthys bidens* and *Macrobrachium nipponense*) as templates, and sequenced by Illumina Hiseq2500 sequencing platform. The growth performance of *Opsariichthys bidens* in different culture modes was simultaneously determined. **Results** From the perspective of weight and fatness, C>E>D, from the perspective of body length, there was no significant difference between C and E, and there were significant differences between C and D, D and E, which was also C>E>D; from the perspective of hepatosomatic index, there was no significant difference between D and E, but there were significant differences between C and D, C and E, C>E=D; the rule of viscera index and hepatosomatic index was the same, C>D>E; the mixed fish and shrimp farming model significantly increased the diversity and richness of intestinal microbiota in fish compared to the single fish farming model; the mixed farming mode increased the diversity of intestinal microbiota composition in *Opsariichthys bidens*, and 2 kinds of mixed farming modes had the same effect; the indicator groups for monoculture and 2 kinds of mixed breeding modes of *Opsariichthys bidens* were different, and the common indicator groups for both mixed breeding modes of *Opsariichthys bidens* were *Microbacteria* and *Prevotella*. **Conclusion** The comprehensive utilization and quality safety of agricultural products, as well as the single farming mode, result in higher body weight and fat content of *Opsariichthys bidens*, which is beneficial for increasing the yield of food processing; the mixed farming mode has better microbial diversity and richness, stronger resistance and better quality of *Opsariichthys bidens*, which is conducive to improving the product quality of food processing. This study can provide theoretical support for the nutritional supply, metabolic homeostasis, epidemic prevention and immunity, food processing, and other aspects of *Opsariichthys bidens* under different breeding modes.

**KEY WORDS:** *Opsariichthys bidens*; aquaculture modes; intestinal microbiota; growth properties

## 0 引言

马口鱼 (*Opsariichthys bidens*) 隶属鲤形目 (Cypriniformes), 鲤科 (Cyprinidae), 马口鱼属 (*Opsariichthys*), 俗名花杈鱼、桃花鱼、山鳊等, 杂食偏肉食性淡水鱼类, 溪流中多见, 肉质鲜美, 营养价值高<sup>[1]</sup>。马口鱼可以产生非常好的经济效益, 市场价为 50~120 元/kg<sup>[2-3]</sup>。不同的养殖模式, 利润差别较大。例如翦晓红<sup>[4]</sup>采用土池微流水方式养殖马口鱼, 利润 5945 元/亩; 张乐乐等<sup>[5]</sup>在江西赣南地区池塘单养马口鱼, 产值达 17952 元/亩, 利润达 8810 元/亩; 吴燕琴等<sup>[6]</sup>采取马口鱼单养模式, 实现利润 9754 元/亩; 采取马口鱼搭养鲢、鳙和土鲫夏花的模式, 马口鱼实现利润 10406.6 元/亩; 采取马口鱼搭养鲢鱼和唇鲮夏花的模式, 马口鱼实现利润 8682.06 元/亩<sup>[7]</sup>; 王燕波等<sup>[8]</sup>采用砖砌水泥池、塑料膜铺底土池、一般土池、稻田轮养 4 种模式进行养殖, 最高产量 632 kg/亩, 净效益 14914 元/亩, 平均产量 214 kg/亩, 产值 15215 元/亩, 效益 3892 元/亩, 比当地同类养殖水域的养殖效益提高 1 倍以上; 林建忠<sup>[9]</sup>在丘陵山坳池塘养殖实验, 马口鱼产量达 506.1 kg/亩, 平均利润为

7788.8 元/亩。

马口鱼具有良好的生态效益, 是我国乃至世界鱼类物种多样性保护资源, 是贵州省黔东南州道雷公山自然保护区鱼类之一<sup>[10]</sup>。近年来, 由于过度捕捞、严重的水环境污染和河流筑坝, 马口鱼这种自然资源迅速下降, 影响了多地的自然水生态系统<sup>[11-13]</sup>。从多重生态维度来讲, 马口鱼具有优先保护的价值<sup>[14]</sup>。

然而, 关于马口鱼肠道微生物群落的研究还比较少。鱼类的肠道微生物群落在鱼类生长过程中的营养供应、代谢稳态和免疫防疫中都会起到重要的作用<sup>[15]</sup>。鱼类的肠道微生物群包括原生动物、真菌、酵母、病毒以及细菌和古菌<sup>[16]</sup>。细菌是鱼类肠道的主要微生物群<sup>[17]</sup>。关于鱼类不同养殖模式的研究, 马明星<sup>[18]</sup>比较了循环水和流水模式下许氏平鲈的肠道菌群差异性, 发现 Alpha 多样性指数间没有显著性差异, 具体菌群存在显著性差异; LUO 等<sup>[19]</sup>研究了尼罗罗非鱼和鳙鱼混养、鲤鱼和鳙鱼混养两种养殖模式中鳙鱼肠道菌群的差异, 尽管饲喂相同的饲料配方, 但鳙鱼在两种养殖模式下的肠道菌群  $\beta$  多样性具有显著差异; 严雪瑜等<sup>[20]</sup>研究了稻田和池塘两种模式下金边鲤与建鲤肠

道菌群差异分析,发现稻田养殖的金边鲤和建鲤肠道菌群多样性高于相应的池塘养殖模式;王金林等<sup>[21]</sup>对野生和养殖的异齿裂腹鱼肠道菌群进行了结构分析,发现野生和人工养殖两种模式下异齿裂腹鱼肠道菌群的丰富度和多样性差异不显著,但两种养殖模式的优势菌群不同;邓智明<sup>[22]</sup>进行了野生与养殖圆口铜鱼肠道微生物研究,发现无论是养殖、野生,还是不同的摄食强度圆口铜鱼肠道微生物的优势门均为变形菌门,养殖和野生的前、中肠优势菌不同,后肠优势菌相同。

综合上述,同一种鱼处于循环水和流水两种养殖模式,同一种鱼分别与两种不同鱼混养,同一种鱼在稻田和池塘两种不同养殖环境下,同一种野生和养殖鱼类的肠道微生物均有显著性差异,有的是肠道菌群多样性存在差异性,有的是优势菌群存在差异性。然而,对于同一种鱼类和不同的虾混养过程中,鱼的肠道微生物变化规律还少有报道。因此,本研究基于 16S rRNA 检测对不同养殖模式(小龙虾与马口鱼混养、青虾与马口鱼混养)的马口鱼体内肠道微生物群落进行了研究,以期对不同养殖模式马口鱼营养供应、代谢稳态和防疫免疫、食品加工等提供参考依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材料与试剂

2022 年 4 月底在浙江湖州某家庭农场放养马口鱼水花苗,放养密度 70000 尾/亩。放苗之前池塘已经清塘、晒干、消毒。2022 年 6 月底将养成后的马口鱼夏花分成 3 个塘,分别为马口鱼单养塘(C),马口鱼夏花放养密度为 7000 尾/亩;马口鱼和小龙虾混养塘(D),马口鱼夏花放养密度为 7000 尾/亩,小龙虾苗放养密度 60000 尾/亩;马口鱼和青虾混养塘(E),马口鱼夏花放养密度为 7000 尾/亩,青虾苗放养密度 60000 尾/亩。3 种养殖模式马口鱼的饲料均是万盛恒通的鱼膨化配合饲料,小龙虾和青虾使用的饲料均是万盛恒通的虾颗粒配合饲料。3 种养殖模式养殖过程全程不使用兽药。2023 年 1 月进行采样分析。

选取活力好、无外伤,平行样品大小相近的 C(平均体重为 25.1 g±0.1 g)、D(平均体重为 24.8 g±0.1 g)、E 的马口鱼(平均体重为 25.0 g±0.1 g)各 25 尾,对取样工具消毒后,分别取样后测体重、体长、肠重、肝重,并将马口鱼肠道放置于-80 °C 保存待测肠道微生物。

E.Z.N.A. Soil DNA Kit DNA 抽提试剂盒(美国 Omega 公司);FastPfu Polymerase(北京全式金生物技术有限公司)。

### 1.2 仪器与设备

ABI GeneAmp® 9700 型聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)仪(美国 ABI 公司);QuantiFluor™-ST

蓝色荧光定量系统(美国 Promega 公司);SECURA125-1CN/SQP 十万分之一分析天平(德国 Sartorius 科学仪器有限公司)。

## 1.3 实验方法

### 1.3.1 生长性能的测定

取 C、D、E 马口鱼样品各 25 尾,测量其体重、体长,解剖后取内脏和肝脏,称重,计算各组肥满度(condition factor, CF)、肝体指数(hepatopancreas somatic indices, HSI)、脏体指数(visceral sensitivity index, VSI)。各指标按照公式(1)~(3)计算:

$$CF/\% = W/L^3 \times 100\% \quad (1)$$

$$HSI/\% = W_{\text{肝}}/W \times 100\% \quad (2)$$

$$VSI/\% = W_{\text{内脏}}/W \times 100\% \quad (3)$$

式中:  $W_{\text{肝}}$  表示肝脏重, g;  $W_{\text{内脏}}$  表示内脏重, g;  $W$  表示对应的体重, g;  $L$  表示体长, cm。

### 1.3.2 肠道微生物的检测

以 C、D、E 马口鱼的肠道微生物 DNA 为模板,通过 PCR,采用 515F-907R 引物对 16S rRNA 基因进行扩增,并用 Illumina Hiseq2500 测序平台测序获得原始数据。所选引物 515F 和 907R 的序列分别为: 515F (GTGCCAGCMGCCGCGG)、907R (CCGTC AATTCMTT TRAGTTT)。PCR 正式实验采用 2×Phanta Max Master Mix, 20 μL 反应体系: 2×Phanta Max Master Mix 10 μL, 引物 515F 和 907R 各 0.8 μL, DNA 模板 10 ng, 补 ddH<sub>2</sub>O 至 20 μL。扩增条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 53 °C 30 s, 72 °C 45 s, 29 个循环; 72 °C 延伸 10 min。

将同一样本的 PCR 产物混合后切胶回收, Tris\_HCl 洗脱; 2% 琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果进行检测定量,按相应比例混合。采用 Hieff NGS®Ultima Pro DNA Library Prep Kit 试剂盒文库构建,在 Novaseq 6000 PE250 平台进行高通量测序。

## 1.4 数据处理

首先需要根据 barcode 得到所有样品的有效序列;对序列进行质控;用 Usearch 11.0 软件和 gold 数据库去除嵌合体,对高通量测序数据进行分析。用 SPSS 19.0 软件分析其他数据的显著性差异。数据的表现形式为平均值±标准偏差。

## 2 结果与分析

### 2.1 马口鱼生长性能测定结果

从体重来看,3 种养殖模式均有显著性差异, C>E>D; 肥满度也有显著性差异,也是 C>E>D; 从体长来看, C 与 E 无显著性差异, C 与 D、D 与 E 均有显著性差异,也是 C>E>D; 从肝体指数来看, D 与 E 无显著性差异, C 与 D、C 与 E 均有显著性差异, C>E>D; 脏体指数与肝体指数的规律相同, C>D>E。具体差异数值见表 1。

表 1 马口鱼不同养殖模式生长性能( $n \geq 3$ )Table 1 Growth performance of different culture patterns of *Opsariichthys bidens* ( $n \geq 3$ )

组别	体重/g	体长/cm	肥满度	肝体指数	脏体指数
C	29.33±7.79 <sup>a</sup>	13.84±1.18 <sup>a</sup>	1.09±0.10 <sup>a</sup>	2.82±0.76 <sup>a</sup>	7.46±4.61 <sup>a</sup>
D	16.77±4.37 <sup>b</sup>	12.70±0.87 <sup>b</sup>	0.80±0.08 <sup>b</sup>	1.66±0.36 <sup>b</sup>	4.22±1.41 <sup>b</sup>
E	23.16±6.88 <sup>c</sup>	13.83±1.37 <sup>a</sup>	0.85±0.07 <sup>c</sup>	1.66±0.39 <sup>b</sup>	4.07±1.39 <sup>b</sup>

注: 同一行数据的上标中含有不同字母表示有显著性差异( $P < 0.05$ )。

## 2.2 马口鱼肠道微生物测序质量分析

对 C、D、E 3 种养殖末端的马口鱼肠道微生物 16S rRNA 基因测序数据进行双端拼接、质控以及嵌合体过滤后, 共获得有效序列 1367623 条。主要序列长度集中在 361~380 bp, 占比达 99.5%。3 组样品的覆盖度均达到 0.999 以上, 表明检测的样本量具有代表性。物种累计曲线(图 1)可以看出抽样充分。

## 2.3 马口鱼肠道微生物多样性分析

马口鱼微生物菌群  $\alpha$  多样性分析采用两种分析方法—Kruskal-Wallis 函数分析和 Anova 函数分析, 两者均显示: 3 种养殖模式的总体 ace 指数、chao1 指数、shannon 指数、simpson 指数均有显著性差异( $P < 0.05$ )(图 2), 且 D、E 的  $\alpha$  多样性显著高于 C, D 与 E 之间无显著性差异。

其中 ace 指数是一种通过已知物种估计未知物种丰富度的指标, 一般来说, ace 指数越高, 表示物种丰富度越大;

chao1 指数是在 ace 指数基础上发展起来的, 与 ace 指数类似, chao1 指数越高, 物种丰富度越大; shannon 指数是用于衡量生物群落物种多样性的一种指标, 它综合了物种丰富度和物种均匀度两个方面, shannon 指数越高, 表示物种多样性越高; simpson 指数也是衡量生物群落多样性的一种指标, 与 shannon 指数相似, 但更加注重物种均匀度的影响, 其值越小表示物种多样性越高。

从图 2 来看, D、E 的物种丰富度和多样性都显著高于 C。

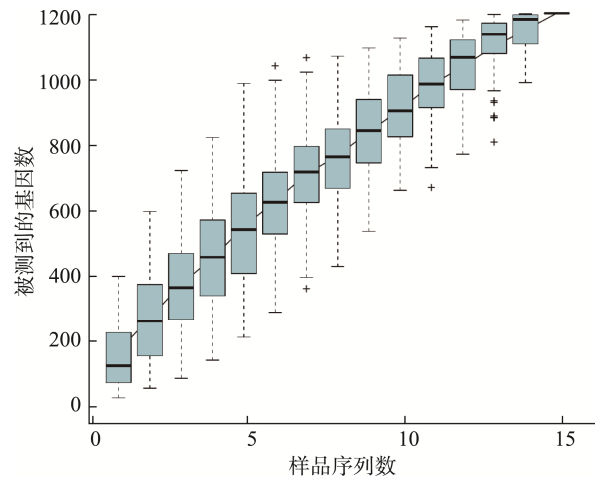
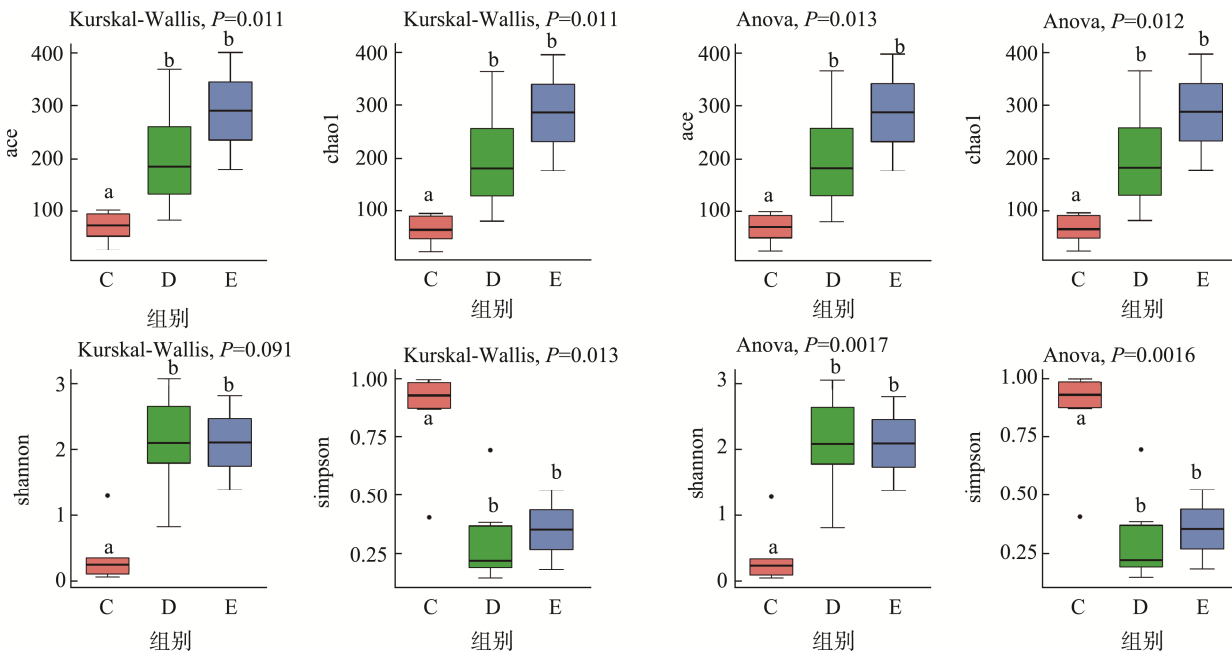


图 1 C、D、E 马口鱼肠道菌群的物种累计曲线  
Fig.1 C, D, E species accumulation curves of intestinal microflora of *Opsariichthys bidens*



注: 不同小写字母表示具有显著性差异( $P < 0.05$ )。

图 2 马口鱼微生物菌群  $\alpha$  多样性分析

Fig.2  $\alpha$ -diversity of microflora in *Opsariichthys bidens*

### 2.4 3 种养殖模式的马口鱼菌群组成分析

对 3 种养殖模式的马口鱼肠道菌群进行了菌群组成分析(图 3)。

在门水平, C 模式下的肠道菌群主要包括硬壁菌门(84.40%)、变形菌门(13.60%)、拟杆菌门(<1.00%); D 模式下的肠道菌群主要包括硬壁菌门(10.10%)、变形菌门(62.90%)、拟杆菌属(13.40%)、放线菌属(8.20%)、蓝细菌(1.65%)等; E 模式下的肠道菌群主要包括硬壁菌门(35.60%)、变形菌门 48.80%、拟杆菌门 8.78%、放线菌门 4.61%、其他 1.32%。

可见, 硬壁菌门、变形菌门和拟杆菌门是 3 种养殖模式马口鱼肠道菌群的共有菌群。D 和 E 两种模式共有菌群相对丰度达 90%以上。

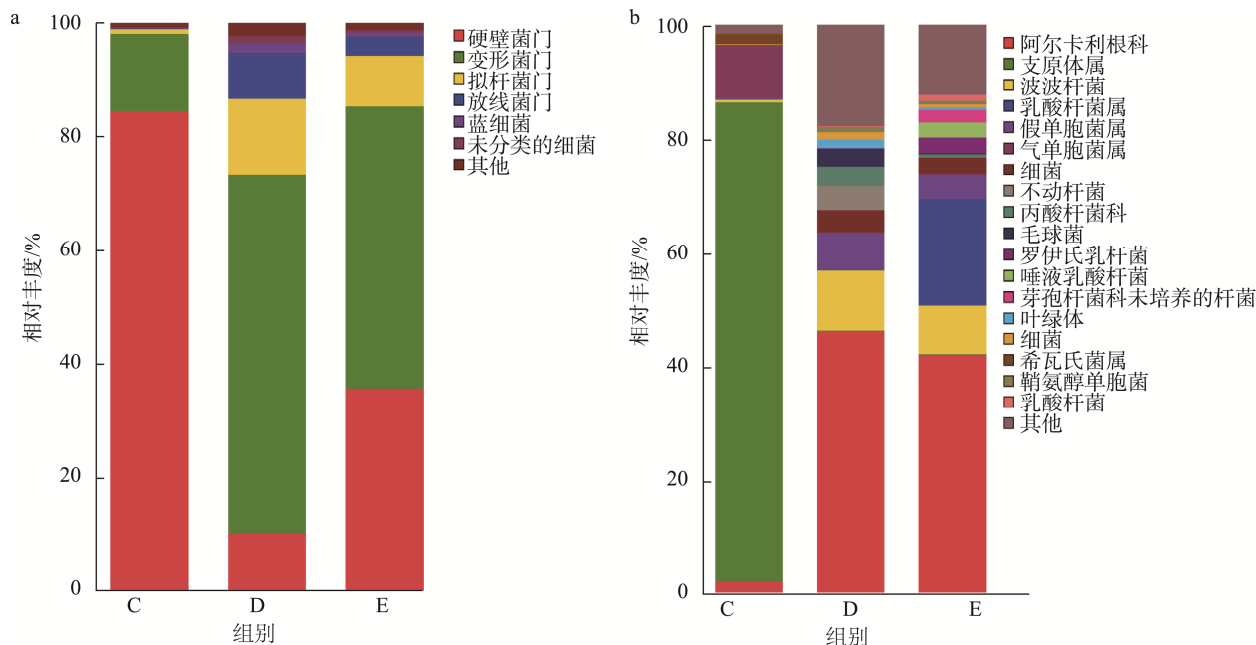
在属水平, C 模式下的肠道菌群主要包括阿尔卡利根科(1.82%)、支原体属(84.40%)、气单胞菌属(9.56%)、希瓦氏菌属(1.75%)等; D 模式下的肠道菌群主要包括阿尔卡利根科(46.10%)、波波杆菌(10.70%)、假单胞菌属(6.62%)、未分类的细菌(3.84%)、不动杆菌(4.16%)、丙酸杆菌科(3.56%)、毛球菌(3.25%)等; E 模式下的肠道菌群主要包括阿尔卡利根科(41.90%)、波波杆菌(8.68%)、乳酸杆菌(18.70%)、假单胞菌属(4.32%)、未分类的细菌(2.99%)、罗伊氏乳杆菌(2.70%)、唾液乳酸杆菌(2.70%)、芽孢杆菌科未培养的杆菌(2.12%)、鞘氨醇单胞菌(1.01%)、乳酸杆菌属(1.01%)等。可见, 3 种养

殖模式共有菌群是阿尔卡利根科。D、E 两种模式相同菌群的丰度达 50%以上。

### 2.5 不同养殖模式下马口鱼肠道指示类群

利用不同线性判别分析筛选了 3 种养殖模式下马口鱼肠道中的细菌主要指示类群。

C 模式下的指示类群为金抗菌属; D 模式的指示类群为双杆菌目, 嗜酸杆菌纲, Aminicenantales, 戈登氏属, 红球菌属, 诺卡氏科, 棒状杆菌目, 微杆菌属, 谷氨酸杆菌属, 丙酸杆菌属、科、目, 链球菌科, 放线菌纲, 未分类的细菌属、科、目、纲, 普雷沃氏菌属、科, 文肯菌科, Blvii28\_wastewater\_sludge, 威廉·惠特曼尼科, Lentimicrobium, Pedobacte, 鞘氨醇杆菌科、目, 拟杆菌纲、目、属、科; E 模式的指示类群为未分类的杆菌属、科、目, 维氏菌属纲, 未分类的酸性微生物属、科、目、纲, Iamia, Iamiaceae, Microtrichales, Microtrichales, Microtrichales, Flaviflexus, Tomitella, Corynebacteriales\_f\_Corynebacteriales\_Incertae\_Sedis, 尤泽比氏菌属、科、目, 间孢囊菌科属, 微杆菌属, 微球藻属、科, 小单胞菌属、科、目, PeM15 属、科、目, 裂孢菌属, 链球菌目, 柯林斯菌属, Enorma, CHKCI002, Eggerthellaceae, 未分类的 OPB41 属、科、目, 白毛杆菌纲, 放线菌目, 康乃斯氏杆菌属, 红杆菌科、目, 嗜热油菌纲, Dysgonomonadaceae, 发酵单胞菌属, 普雷沃氏菌属, WCHB1\_32, Flavitalea, Ohtaekwangia, Microscillaceae, 寒冷微菌属, Myroides, Ulvibacter(图 4)。



注: a. 3 种养殖模式马口鱼门水平下细菌相对丰度; b. 3 种养殖模式马口鱼种水平下细菌相对丰度。

图 3 3 种养殖模式马口鱼细菌相对丰度

Fig.3 Relative abundance of bacteria of 3 kinds of farming models of *Opsariichthys bidens*

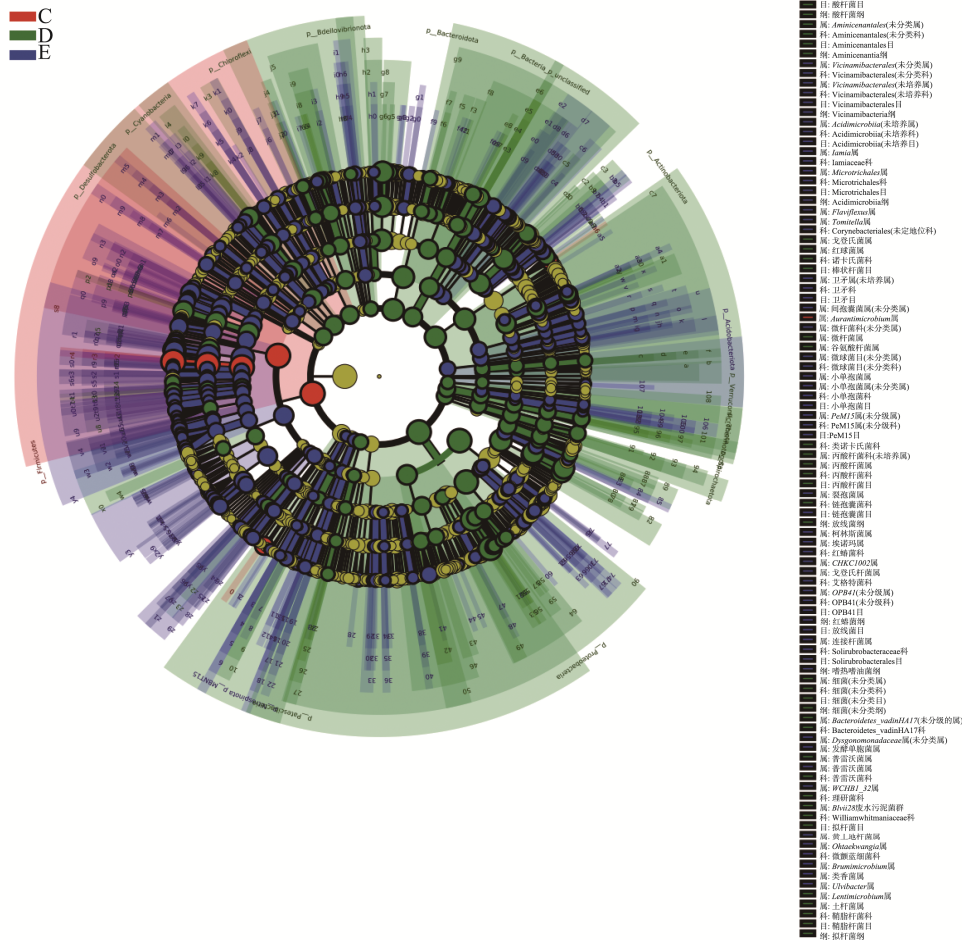


图 4 马口鱼肠道细菌群落的线性判别分析  
 Fig.4 Linear discriminant analysis of bacterial intestinal communities of *Opsariichthys bidens*

### 3 讨论

#### 3.1 不同养殖模式下马口鱼生长性能差异

影响马口鱼生长性能的因素很多，其中食物的可得性为其中之一<sup>[23]</sup>，但本研究的马口鱼养殖密度比较低，显然不存在这样的问题。实验证明，低放养密度对鱼的体重、体长、CF、HSI、VSI 无显著影响<sup>[24]</sup>。从体重和 CF 来看，C>E>D，且有显著性差异。这说明单养马口鱼的出肉率更高<sup>[25]</sup>，有利于提升食品加工的产量。且可推断是因为混养模式造成虾为了躲避敌人，活动量增大，导致体重降低<sup>[26]</sup>。

#### 3.2 不同养殖模式马口鱼肠道微生物多样性差异

前人研究证明：与单独养虾相比，鱼虾混养模式中后期弧菌数量显著低于单独养虾模式<sup>[27]</sup>；稻鱼共作模式和池塘单养模式在黄颡鱼肠道微生物方面无显著差异，但稻鱼共作模式下，黄颡鱼拥有更丰富的肠道微生物多样性<sup>[28]</sup>；不同地区鱼类养殖的水质细菌群落多样性不存在显著差异，

但 ace 指数与 Chao1 指数均表现为混养鱼类池塘水质>单养池塘( $P<0.01$ )<sup>[29]</sup>；与稻虾共作模式相比，稻虾鱼共作模式降低了水体中的微生物多样性<sup>[30]</sup>。

本研究发现马口鱼肠道微生物多样性与马口鱼虾养殖环境变化规律基本相同：马口鱼虾混养模式比马口鱼单养模式鱼类肠道菌群的多样性和丰富度均有显著增加。

#### 3.3 不同养殖模式马口鱼肠道菌群组成差异

在门水平，D 和 E 两种模式共有菌群相对丰度达 90% 以上且包含了 C 模式，说明了混养模式增加了马口鱼的肠道菌群组成多样性，两种混养模式效果相同。有研究表明，硬壁菌门和变形菌门是淡水鱼最常见的菌门，且同一品种的鱼在不同的环境中肠道微生物优势菌门不会变化<sup>[31]</sup>，这与本研究结论相同。

在种水平，3 种养殖模式共有菌群是阿尔卡利根科。D、E 两种模式相同菌群的丰度达 50% 以上。和门水平变化规律相似，但共有菌群发生了变化，且 D、E 两种模式的相同菌群丰度明显减少，可推断，在门水平下，对 3 种养殖模式的菌群组成进行比较更为合适。

### 3.4 不同养殖模式下马口鱼肠道指示类群差异

C 模式仅有一种指示菌属—金抗菌属, 且与混养模式不同。两种混养模式(D 和 E)的指示菌很多, 共发现两种相同的指示菌属, 分别为微杆菌属和普雷沃氏菌属。金抗菌属较少见文献报道; 微杆菌属是一类重要的产蛋白酶菌属<sup>[32]</sup>, 是在鲫鱼多地养殖池塘底泥中出现的共同菌属, 被认为是益生菌<sup>[33]</sup>; 普雷沃氏菌属属于拟杆菌门, 是瘤胃中降解植物纤维素的主要微生物<sup>[34]</sup>。通过已有文献可推断, 两种混养模式马口鱼共有指示类群均为有益微生物。有研究证明: 有益微生物会影响鱼体内消化酶的活性, 从而提高鱼对营养物质的吸收和生长<sup>[35]</sup>, 会改善鱼体中的脂肪和蛋白质含量<sup>[36]</sup>。

## 4 结 论

本研究比较了不同养殖模式下马口鱼的生长性能、微生物多样性、肠道菌群组成及指示类群的差异。结果表明, 从体重和 CF 来看, C(马口鱼单养)>E(马口鱼与青虾混养)>D(马口鱼与小龙虾混养); 鱼虾混养模式比单一养鱼模式鱼类肠道菌群的多样性和丰富度都有显著增加; 混养模式增加了马口鱼的肠道菌群组成多样性, 两种混养模式效果相同; 单养模式和两种混养模式马口鱼的指示类群不同, 两种混养模式马口鱼的共有指示类群为微杆菌属和普雷沃氏菌属。由于实验时间和精力所限, 本研究未能深入研究马口鱼肠道菌群和马口鱼肉品质的直接关联性, 建议后续可以开展相关方面的研究。

### 参考文献

- [1] DING J, TANG DJ, ZHANG YB, *et al.* Transcriptomes of testes at different developmental stages in the *Opsariichthys bidens* predict key genes for testis development and spermatogenesis [J]. *Marine Biotechnology*, 2023, 25: 123–139.
- [2] 郑春静, 童鑫良, 张克鑫, 等. 河水土池人工养殖马口鱼试验[J]. *科学养鱼*, 2019(10): 33–34.  
ZHENG CJ, TONG XL, ZHANG KX, *et al.* The experiment of artificial culture of *Opsariichthys bidens* in the water and soil pool of the river [J]. *Scientific Fish Culture*, 2019(10): 33–34.
- [3] 张君. 马口鱼的人工繁育技术试验总结[J]. *河南水产*, 2015(4): 15, 19.  
ZHANG J. Summary of the experiment on artificial breeding technology of *Opsariichthys bidens* [J]. *Henan Fisheries*, 2015(4): 15, 19.
- [4] 翦晓红. 马口鱼土池微流水人工养殖试验[J]. *渔业致富指南*, 2020(17): 39–41.  
JIAN XH. Micro-flow aquaculture experiment in *Opsariichthys bidens* pond [J]. *Guide to Fishery Wealth*, 2020(17): 39–41.
- [5] 张乐乐, 刘斌, 曾庆祥, 等. 马口鱼池塘高效养殖试验[J]. *江西水产科技*, 2021(3): 24–25.  
ZHANG LL, LIU B, ZENG QX, *et al.* Experiment on high-efficiency culture of *Opsariichthys bidens* in ponds [J]. *Jiangxi Aquatic Science and Technology*, 2021(3): 24–25.

- [6] 吴燕琴, 黄富友, 陆君, 等. 马口鱼池塘养殖技术探讨[J]. *水产养殖*, 2021, 42(1): 46–48.  
WU YQ, HUANG FY, LU J, *et al.* Study on pond culture technology of *Opsariichthys bidens* [J]. *Aquaculture*, 2021, 42(1): 46–48.
- [7] 陈度煌, 仲崇虎, 薛凌展, 等. 马口鱼室内工厂化养殖试验[J]. *河北渔业*, 2021(10): 12–13, 40.  
CHEN DH, ZHONG CH, XUE LZ, *et al.* Indoor factory farming experiment of *Opsariichthys bidens* [J]. *Hebei Fisheries*, 2021(10): 12–13, 40.
- [8] 王燕波, 邵利琴, 屠银华, 等. 不同水体马口鱼养殖效果分析[J]. *科学养鱼*, 2021(9): 43–44.  
WANG YB, SHAO LQ, TU YH, *et al.* Analysis of the effect of *Opsariichthys bidens* culture in different water bodies [J]. *Scientific Fish Culture*, 2021(9): 43–44.
- [9] 林建忠. 马口鱼丘陵山坳池塘养殖试验[J]. *中国水产*, 2023, 11: 72–73.  
LIN JZ. Pond aquaculture experiment on *Opsariichthys bidens* in hilly mountain [J]. *China Aquaculture*, 2023, 11: 72–73.
- [10] 陈继军, 张旋, 谢镇国, 等. 贵州雷公山国家级自然保护区鱼类物种多样性及其资源保护[J]. *动物学杂志*, 2009, 44(3): 57–62.  
CHEN JJ, ZHANG X, XIE ZG, *et al.* Fish species diversity and resource conservation in Leigongshan National Nature Reserve, Guizhou [J]. *Journal of Zoology*, 2009, 44(3): 57–62.
- [11] LIU H, GUAN B, XU J, *et al.* Genetic manipulation of sex ratio for the large-scale breeding of YY super-male and XY all-male yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco* (Richardson)) [J]. *Marine Biotechnology*, 2013, 15: 321–328.
- [12] LIU S, XU P, LIU XG, *et al.* Production of neo-male mandarin fish *Siniperca chuatsi* by masculinization with orally administered 17  $\alpha$ -methyltestosterone [J]. *Aquaculture*, 2021, 530: 735904.
- [13] MLALILA N, MAHIKA C, KALOMBO L, *et al.* Human food safety and environmental hazards associated with the use of methyltestosterone and other steroids in production of all-male tilapia [J]. *Environmental Science & Pollution Research*, 2015, 22: 4922–4931.
- [14] LIU SW, LUO WC, GE LY, *et al.* An evaluation method for the priority protection of fishes based on multiple ecological dimensions [J]. *Journal of Freshwater Ecology*, 2023, 38(1): 2144956–2414972.
- [15] EGERTON S, CULLOTY S, WHOOLEY J, *et al.* The gut microbiota of marine fish [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 873.
- [16] MERRIFIELD DL, RODILES A. “The fish microbiome and its interactions with mucosal tissues”, in mucosal health in aquaculture, ed. E. Peatman (San Diego, CA: Academic Press) [Z]. 2015.
- [17] ROMBOUT JH, ABELLI L, PICCHIETTI S, *et al.* Teleost intestinal immunology [J]. *Fish Shellfish Immunol*, 2011, 31: 616–626.
- [18] 马明星. 不同养殖密度与模式下许氏平鲷肠道菌群多样性研究[D]. 大连: 大连海洋大学, 2023.  
MA MX. Study on the diversity of intestinal flora of *Sebastes schlegelii* under different breeding densities and modes [D]. Dalian: Dalian Ocean University, 2023.
- [19] LUO MK, AN R, FU J, *et al.* Comparative analysis of the gut microbiota in bighead carp under different culture patterns [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2021, 132: 1357–1369.
- [20] 严雪瑜, 叶香尘, 韦玲静, 等. 稻田和池塘两种模式下金边鲤与建鲤肠道菌群差异分析[J]. *水产科学*, 2020, 39(4): 509–516.

- YAN XY, YE XC, WEI LJ, *et al.* Analysis of the difference in intestinal flora between phnompnh carp and Jian carp under two modes of paddy field and pond [J]. *Aquatic Science*, 2020, 39(4): 509–516.
- [21] 王金林, 王且鲁, 王万良, 等. 野生和养殖的异齿裂腹鱼肠道菌群结构分析[J]. *水产科学*, 2020, 39(4): 585–590.
- WANG JL, WANG QL, WANG WL, *et al.* Analysis of intestinal flora structure of wild and cultured *Schizothorax ocellatus* [J]. *Aquatic Science*, 2020, 39(4): 585–590.
- [22] 邓智明. 野生与养殖圆口铜鱼肠道微生物研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2018.
- DENG ZM. Study on intestinal microorganisms of wild and cultured *Coreius guichenoti* [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2018.
- [23] COOK DG, JAKSONS P, JERRETT A. Investigating food limitations in wild fisheries: The attendance and growth responses of fish at an anthropogenic feeding station within a temperate estuary [J]. *Journal of Fish Biology*, 2020, 2: 465–478.
- [24] 李倩, 孙丽慧, 姜建湖, 等. 放养密度对 IPRA 养殖太湖鲌生长、抗氧化酶及肠道微生物群落的影响[J]. *水生生物学报*, 2023, 47(3): 479–487.
- LI Q, SUN LH, JIANG JH, *et al.* Effects of stocking density on growth, antioxidant enzymes and intestinal microbial community of IPRA-cultured *Megalobrama amblycephala* [J]. *Aquatic Biology*, 2023, 47(3): 479–487.
- [25] 王庆春, 陶易凡, 李岩, 等. 不同大口黑鲈群体形态性状与体重和出肉率的相关性及通径分析[J]. *中国水产科学*, 2023, 30(5): 617–629.
- WANG QC, TAO YF, LI Y, *et al.* Effects of morphological traits on body weight and fillet yield of largemouth bass (*Micropterus salmoides*) [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2023, 30(5): 617–629.
- [26] 胡西洲, 刘亚琴, 刘睿, 等. 江汉平原不同养殖模式下克氏原螯虾肌肉中脂肪特征分析与评价[J]. *食品安全质量检测学报*, 2024, 15(13): 99–106.
- HU XZ, LIU YQ, LIU J, *et al.* Analysis and evaluation of fatty in the muscle of *Procambarus clarkia* under different farming modes in Jianghan Plain [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2024, 15(13): 99–106.
- [27] 孔谦. 凡纳滨对虾鱼鲮鱼混养中精养池的理化生物因子的研究[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2010.
- KONG Q. Physicochemical and biological factors in polyculture ponds of *Litopenaeus vannamei* and *Mugil cephalus* [D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University, 2010.
- [28] 朱昊俊, 强俊, 徐钢春. 哈尼梯田稻-渔共作模式下杂交黄颡鱼肠道微生物研究[J]. *水生生物学报*, 2021, 45(6): 1232–1243.
- ZHU HJ, QIANG J, XU GC. Study on the intestinal microflora of hybrid yellow catfish under rice-fishing co-culture mode in Hani terraced fields [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2021, 45(6): 1232–1243.
- [29] 钟可儿, 王静宇, 黄江峰, 等. 江西养殖水体细菌群落结构及其与环境因子的关系[J]. *大连海洋大学学报*, 2024, 39(4): 675–683.
- ZHONG KER, WANG JY, HUANG JF, *et al.* Bacterial community structure and its relationship with environmental factors in Jiangxi aquaculture water [J]. *Journal of Dalian Ocean University*, 2024, 39(4): 675–683.
- [30] 赵黎明, 吕瑛, 李旭东. 鲢鳙引入对于稻虾综合种养水体微生物多样性的影响研究[J]. *河南水产*, 2020(4): 19–21.
- ZHAO LM, LV Y, LI XD. Study on the effect of the introduction of silver carp and bighead carp on the microbial diversity of rice-shrimp integrated aquaculture water [J]. *Henan Fisheries*, 2020(4): 19–21.
- [31] 徐佳莹, 李演, 谢芝玲. 三种淡水鱼类在中国南北两个地区的肠道菌群差异比较[J]. *激光生物学报*, 2020(1): 68–74.
- XU JY, LI Y, XIE ZL. Comparison of gut microbiota of three freshwater fishes in northern and southern China [J]. *Acta Laser Biology Sinica*, 2020(1): 68–74.
- [32] KASANA RC, YADAV SK. Isolation of a *Psychrotrophic Exiguobacterium* sp. SKPB5(MTCC7803) and characterization of its alkaline protease [J]. *Current Microbiology*, 2007, 54(3): 224–229.
- [33] 朱卫, 郭丽芸, 唐忠林, 等. 鲫鱼养殖池塘底泥菌群结构及常见可培养菌分析[J]. *科学技术与工程*, 2019, 19(4): 259–263.
- ZHU W, GUO LY, TANG ZL, *et al.* Analysis of microbial community structure and common culturable bacteria in sediment of crucian carp culture pond [J]. *Science and Technology and Engineering*, 2019, 19(4): 259–263.
- [34] 张笑颖, 邹洁建, 肖嘉杰, 等. 四种救护陆龟粪便菌群组成分析[J]. *野生动物学报*, 2022, 43(4): 1048–1058.
- ZHANG XY, ZOU JJ, XIAO JJ, *et al.* Analysis of fecal flora composition of four rescue turtles [J]. *Wildlife Journal*, 2022, 43(4): 1048–1058.
- [35] REMY N, FREDRICK JS, Paul M. Exploring the impact of probiotics on the gut ecosystem and morpho-histology in fish: Current knowledge of Tilapia [J]. *Asian Journal of Fisheries and Aquatic Research*, 2023(3): 1–5.
- [36] RINGØ E, HARIKRISHNAN R, SOLTANI M, *et al.* The effect of gut microbiota and probiotics on metabolism in fish and shrimp [Z]. 2022.

(责任编辑: 于梦娇 蔡世佳)