

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2026.02.006

李可心, 阳龙江, 薛洋, 等. 鲟鱼流水养殖系统微生物群落结构分析 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2026, 48(2): 62-75.

## 鲟鱼流水养殖系统微生物群落结构分析

李可心<sup>1</sup>, 阳龙江<sup>1</sup>, 薛洋<sup>2</sup>, 翟旭亮<sup>2</sup>, 何欢<sup>1</sup>,  
黎芷莘<sup>1</sup>, 李小甜<sup>1</sup>, 王相煊<sup>3</sup>, 何钊林<sup>3</sup>, 朱成科<sup>1</sup>

1. 西南大学 水产学院/淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室, 重庆 402460;  
2. 重庆市水产技术推广总站, 重庆 401120; 3. 四川大唐国际甘孜水电开发有限公司, 四川 康定 626001

**摘要:** 为探究鲟鱼不同季节养殖过程中体表和养殖环境微生物群落的结构及变化, 从微生物生态调控方面为鲟鱼流水养殖的水质管理、疾病防治及健康养殖提供参考, 以鲟鱼流水养殖系统为研究对象, 采用 Illumina Miseq 高通量测序方法对不同季节下水体、沉积物及体表细菌进行测序分析, 基于测序结果, 使用冗余分析 (Redundancy Analysis, RDA) 方法来分析环境因子与水体菌群和体表菌群的关系。结果显示, 不同季节水体、沉积物及鲟体表微生物均存在一定差异, 其中水体与沉积物的微生物结构更为接近, 主要由莫拉氏菌科 (Moraxellaceae)、梭杆菌科 (Fusobacteriaceae)、丛毛假单胞菌科 (Comamonadaceae) 等组成; 体表菌群不同季节优势菌群差异较大, 冬季优势菌群为丛毛假单胞菌科和莫拉氏菌科 (12.88%), 春季为草酸杆菌科 (14.66%) 和莫拉氏菌科 (11.10%), 夏季为颤螺菌科 (Oscillospiraceae, 9.96%) 和毛螺菌科 (Lachnospiraceae, 9.69%), 秋季优势菌群为肠杆菌科 (Enterobacteriaceae, 11.34%) 和莫拉氏菌科 (8.48%)。此外, 在不同季节养殖环境中都存在假单胞菌科 (Pseudomonadaceae)、气单胞菌科 (Aeromonadaceae) 和肠杆菌科等潜在致病菌, 且致病菌相对丰度出现明显的季节性变化。RDA 关联分析表明, 影响水体菌群的主要环境因子为 pH 值、总氮、温度和硝酸盐氮, 同时, 硝酸盐氮和温度对体表微生物结构也具有显著影响, 五日生化需氧量、总磷、酸碱度、溶氧、化学需氧量、亚硝酸盐氮和氨氮与菌群结构也有一定的相关性。

**关键词:** 鲟; 流水养殖; 体表; 沉积物; 水体; 菌群结构;

周年变化

中图分类号: S917.1; Q938.8

文献标识码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号: 1673-9868(2026)02-0062-14

## Analysis of Microbial Community Structure in Sturgeon Flowing Water Aquaculture System

收稿日期: 2025-03-11

基金项目: 科技部“科技助力经济 2020”重点专项 (SQ2020YFF0425122); 重庆市技术创新与应用发展专项 (cstc2020jcsx-lyjsAX0011);  
重庆市水产科技创新重点攻关项目 (CQFTIU2022-07, CQFTIU2024-12)。

作者简介: 李可心, 硕士研究生, 主要从事水产动物健康养殖研究。

通信作者: 朱成科, 教授。

LI Kexin<sup>1</sup>, YANG Longjiang<sup>1</sup>, XUE Yang<sup>2</sup>, ZHAI Xuliang<sup>2</sup>,  
HE Huan<sup>1</sup>, LI Zhixin<sup>1</sup>, LI Xiaotian<sup>1</sup>, WANG Xiangxuan<sup>3</sup>,  
HE Zhaolin<sup>3</sup>, ZHU Chengke<sup>1</sup>

1. College of Fisheries, Southwest University/Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development (Ministry of Education), Chongqing 402460, China;

2. Chongqing Fisheries Technology Extension Station, Chongqing 401120, China;

3. Sichuan Datang International Ganzi Hydropower Development Co., Ltd., Kangding Sichuan 626001, China

**Abstract:** To investigate the structure and variations of microbial communities on the body surface of sturgeons and in the aquaculture environment across different seasons, and to provide insights for water quality management, disease prevention, and healthy aquaculture practices in flowing water sturgeon farming from the perspective of microbial ecological regulation, this study focused on a flowing water sturgeon farming system. The Illumina Miseq high-throughput sequencing method was employed to analyze bacteria in water, sediment, and on the sturgeon body surface in different seasons. Based on the sequencing results, redundancy analysis (RDA) was used to examine the relationships between environmental factors and microbial communities in water and on the body surface. The findings revealed certain differences in microbial communities across seasons in water, sediment, and on the sturgeon body surface. The microbial communities structure of water and sediment were more similar, primarily composed of Moraxellaceae, Fusobacteriaceae, and Comamonadaceae. The dominant bacterial families on the body surface varied significantly across seasons; Comamonadaceae and Moraxellaceae (12.88%) in winter, Oxalobacteraceae (14.66%) and Moraxellaceae (11.10%) in spring, Oscillospiraceae (9.96%) and Lachnospiraceae (9.69%) in summer, and Enterobacteriaceae (11.34%) and Moraxellaceae (8.48%) in autumn. Additionally, potential pathogenic bacteria such as Pseudomonadaceae, Aeromonadaceae, and Enterobacteriaceae were present in the farming environment across all seasons, with their relative abundances showing distinct seasonal variations. RDA correlation analysis indicated that the main environmental factors influencing water microbial communities were pH, total nitrogen (TN), temperature, and nitrate nitrogen. Concurrently, canonical correspondence analysis revealed that nitrate nitrogen and temperature also had significant effects on the microbial structure on the body surface, while five-day biochemical oxygen demand (BOD<sub>5</sub>), total phosphorus (TP), pH, dissolved oxygen (DO), chemical oxygen demand (COD), nitrite nitrogen, and ammonia nitrogen showed some correlation with microbial community structure.

**Key words:** sturgeon; flowing water aquaculture; surface; sediment; water; microbial community structure; annual variation

鲟鱼隶属于硬骨鱼纲(Osteichthyes)、鲟形目(Acipenseriformes)、鲟科(Acipenseridae)、鲟属(*Acipenser*), 是地球上现存最古老的鱼类之一, 其鱼卵制成的鱼子酱享有“黑色黄金”的美誉<sup>[1-3]</sup>。鲟鱼个体庞大, 生长迅速, 肉质优良, 鲟鱼皮既可食用也可制作成优质皮革, 软骨可提炼硫酸软骨素, 具有极高的经济价值<sup>[4-5]</sup>。据《2024 中国渔业统计年鉴》数据统计显示, 2023 年我国鲟鱼产量达到 14.94 万 t, 创历史最高产量<sup>[6]</sup>。在全球鲟鱼养殖国家中, 我国产量已位居榜首, 且呈现逐年递增趋势。大力发展鲟鱼绿色养殖产业, 在创新冷水鱼养殖模式、引领和助推乡村振兴中起到带头作用。

目前鲟鱼养殖模式主要有流水养殖、微流水养殖、工厂化养殖等几种, 其中流水养殖充分利用天然流水资源, 具有集约化程度高、便于管理等优势, 成为鲟鱼养殖的主要方式<sup>[2]</sup>。但该模式在养殖过程中存在较高频率的水体交换, 直接或者间接影响鱼类的生存环境、免疫功能和疾病发生。近年来, 由于鲟鱼养殖产业设施化、规模化和集约化程度不断提升, 养殖密度加大, 致使鲟鱼养殖过程中疾病频发, 其中细菌性疾病是造成生产上鲟鱼暴发性死亡的主要原因, 造成巨大经济损失的同时还严重阻碍了鲟鱼产业的绿色健康可持续发展<sup>[7]</sup>。其中肠杆菌科(Enterobacteriaceae)<sup>[8-10]</sup>及弧菌科(Vibrionaceae)<sup>[11-12]</sup>已有鲟鱼感染致病的案例。同样在水体和沉积物中, 微生物也是水域生态系统的重要组成部分, 其微生物群落组成与水质状况关系紧密<sup>[13-14]</sup>, 鲟鱼体表也有一定的微生物集中, 由体表黏液中的共生细菌和机会性细菌种群组成<sup>[15]</sup>, 可直接影响鱼体健康, 是鱼体天然免疫的重要组成部分<sup>[16-18]</sup>。体表菌群对鱼类健康的敏感性表明, 菌群也可以作为鱼类的微生物标记物, 用于评估养殖鱼类的质量<sup>[13, 19]</sup>。当前, 关于鲟鱼体表微生物群落结构的季节性变化研究尚显匮乏<sup>[20-21]</sup>, 因此, 认识水体、沉积物和水产动物体表中微生物的结构组成, 有助于掌握养殖水域生态规律, 为构建鱼类健康养殖防控体系提供理论依据。

本研究采集不同季节养殖环境及鱼体样本, 基于高通量测序技术解析养殖鲟鱼多生境(体表、水体及沉积物)微生物组的结构特征与多样性分布, 探究其与养殖环境理化因子的互作机制; 对养殖过程中因环境改变而引发的机会致病菌进行季节性研究, 以期阐明流水养殖鲟鱼菌群周年变化规律, 找寻影响菌群结构的关键因子, 分析环境因子对环境菌群的调控作用, 为不同季节鲟鱼健康养殖及养殖环境调控、不同环境下鲟鱼体表微生物生理学提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料及样品采集

单个养殖池长 24 m, 宽 4.5 m, 水深 1.5 m, 养殖池内水体平均每 3 h 交换一次。2022 年 1 月, 每个池内投入 6 000 尾西杂鲟(西伯利亚鲟 *Acipenser baerii* ♀ × 施氏鲟 *A. schrenckii* ♂) 鱼苗, 每尾鱼全长为  $(39.44 \pm 0.49)$  cm, 质量为  $(176.54 \pm 6.76)$  g。试验用鱼购于重庆市彭水某鲟养殖基地, 试验期间以 3% 左右的日粮水平进行投喂。

分别于 2022 年 2 月、5 月、8 月和 11 月对水体、沉积物与鲟鱼表面菌群进行采样。按水流方向设置进水渠、一级养殖池、二级养殖池, 每个池塘设 3 个平行养殖池(图 1)。利用采水器采集水体中下层水样, 纱布滤除水体中较大的颗粒性杂质后分别获得水体样本 W0、W1、W2; 采集一级养殖池底管道出水(排水 S1)与二级养殖池底管道出水(排水 S2), 使用 5  $\mu\text{m}$  孔径的滤膜将不可溶解的颗粒杂质滤去后沉积物样本。用装有 0.22  $\mu\text{m}$  微孔滤膜的真空抽滤装置对水体及沉积物样本进行抽滤, 取出滤膜置于灭菌离心管中, 每组样本 3 个平行, -80  $^{\circ}\text{C}$  保存待测。体表样本的采集取每级养殖池 3 个平行位点鲟鱼各 3 尾, 经麻醉后, 在无菌状态下用 0.9% 的灭菌生理盐水反复冲洗鲟鱼体表, 收集生理盐水, 用装有 0.22  $\mu\text{m}$  微孔滤膜的真空抽滤装置进行抽滤, 取出滤膜于灭菌离心管中(F1)。取一根无菌拭子, 从鲟鱼头背部开始向后翻滚, 分别擦拭背部、侧面、腹部, 重复以上步骤 3 次, 每次取完分别放入离心管

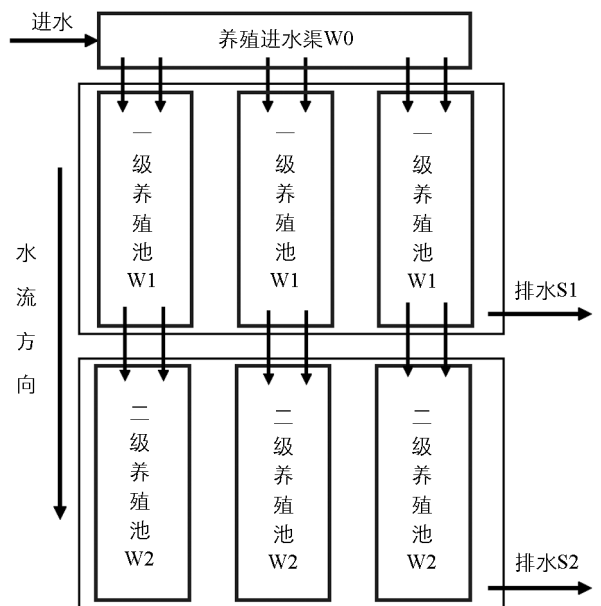


图 1 鲟养殖池示意图

中(F2), 采集完样品均于一80 °C 保存备测。

## 1.2 水质指标测定

水质测定方法见表 1。

表 1 水质指标测定方法

序号	水质指标	执行标准
1	溶解氧(DO)	荧光萃取法
2	水温(temp)	温度计法(HJ/T 64—2001)
3	pH 值	电极法(HJ 1147—2020)
4	悬浮物质(SS)	重量法(HJ 1263—2022)
5	总氮(TN)	碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(HJ 636—2012)
6	总磷(TP)	钼酸铵分光光度法(HJ 712—2014)
7	氨氮(ammonia)	纳氏试剂分光光度法(HJ 535—2009)
8	亚硝酸盐(nitrite)	重氮偶氮分光光度法(HJ/T 64.3—2001)
9	硝酸盐氮(nitrate)	紫外分光光度法(HJ/T 346—2007)
10	高锰酸盐指数(CODMn)	酸性高锰酸钾法(HJ/T 399—2007)
11	五日生化需氧量(BOD5)	稀释与接种法(HJ 505—2009)

## 1.3 基因组 DNA 提取及测序文库构建

根据 DNA 提取试剂盒(FastDNA<sup>®</sup> SPIN Kit)(MP Biomedicals, 美国)说明书进行总 DNA 抽提, DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop 2000 进行检测。利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量; 采用 341F (3'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3') 引物对 V3~V4 片段进行 PCR 扩增, 产物经回收、纯化后进行处理, 应用 Illumina MiSeq 平台完成高通量测序。

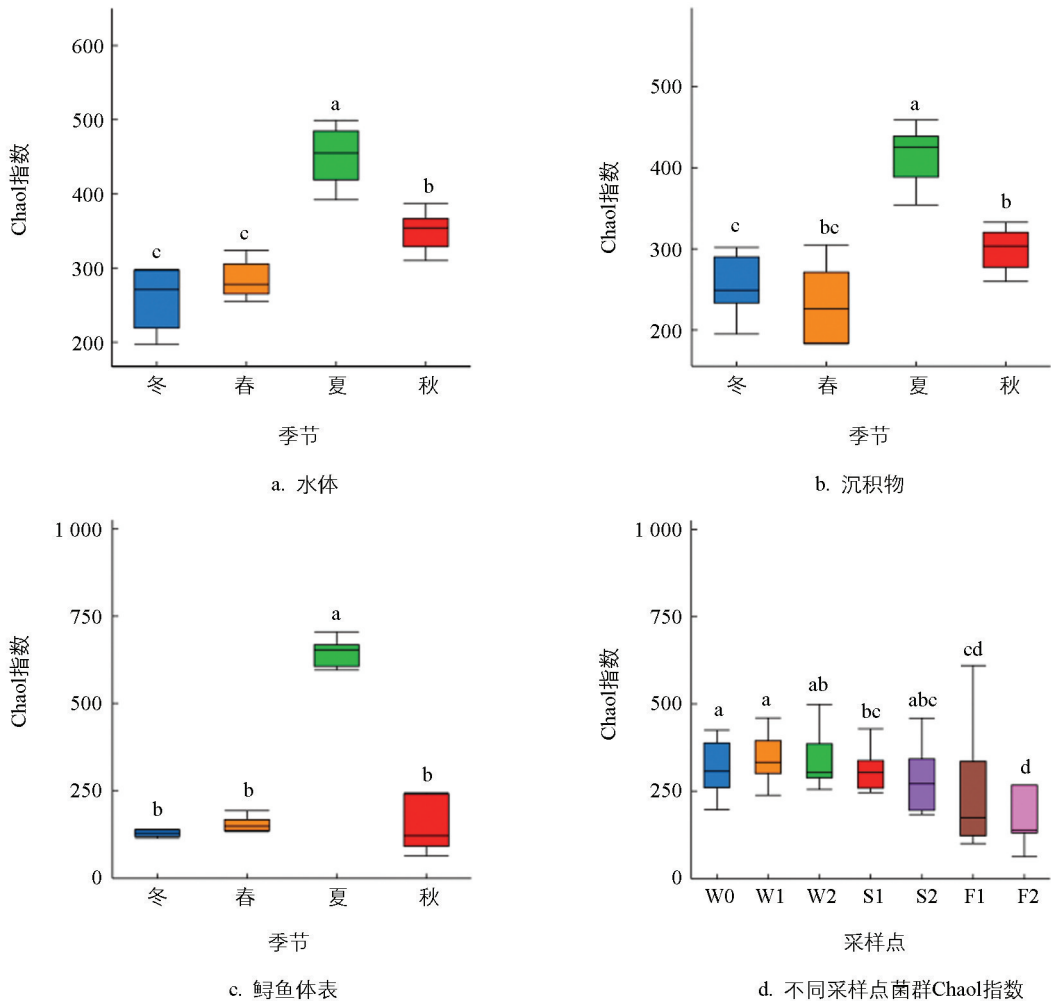
## 1.4 数据处理及生物信息学分析

对测序所得原始序列进行拼接、过滤, 得到有效序列, 然后基于有效数据进行分类单元 (operational taxonomic unit, OTUs) 聚类 and 物种分类分析, 利用 Mothur 软件计算 Alpha 多样性指数; 使用 IBM SPSS Statistics 25 进行正态分布检验、单因素方差分析和单变量一般线性模型拟合。为避免样品间测序深度的影响, 采用 phyloseq 对 OTU 进行抽平处理, 采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 探究环境因子与水体、体表微生物群落组成变化的关联性, 并通过蒙特卡罗检验法对分析结果的统计学显著性进行验证。

# 2 结果与分析

## 2.1 16S rRNA 基因测序结果

本研究共采集到水体样品共 36 个、沉积物样品共 24 个、鲟鱼体表样品共 24 个。水体样品测序共获得 3 442 426 对 Reads, 每个样品平均产生 95 251 条 Clean Reads, 共得到 21 门、34 纲、80 目、163 科、333 属、403 种微生物。沉积物样品测序共获得 2 265 521 对 Reads, 每个样品平均产生 94 040 条 Clean Reads, 共得到 20 门、37 纲、86 目、164 科、337 属、401 种细菌。鲟鱼体表样品测序共获得 3 314 936 对 Reads, 每个样品平均产生 137 690 条 Clean Reads, 共得到 21 门、38 纲、94 目、191 科、368 属、441 种细菌。基于测序数据, 对微生物群落进行 Alpha 和 Beta 多样性分析。Chao1 指数分析结果显示 (图 2), 水体及沉积物菌群在不同季节具有显著差异 ( $p < 0.05$ ), 采样点对沉积物细菌群落存在显著的影响。春、秋、冬季之间鲟鱼体表菌群无显著差异, 夏季与其他季节之间均呈现显著性差异。采样点因素进行单因素方差分析结果表明, Chao1 指数在养殖池之间存在差异性。



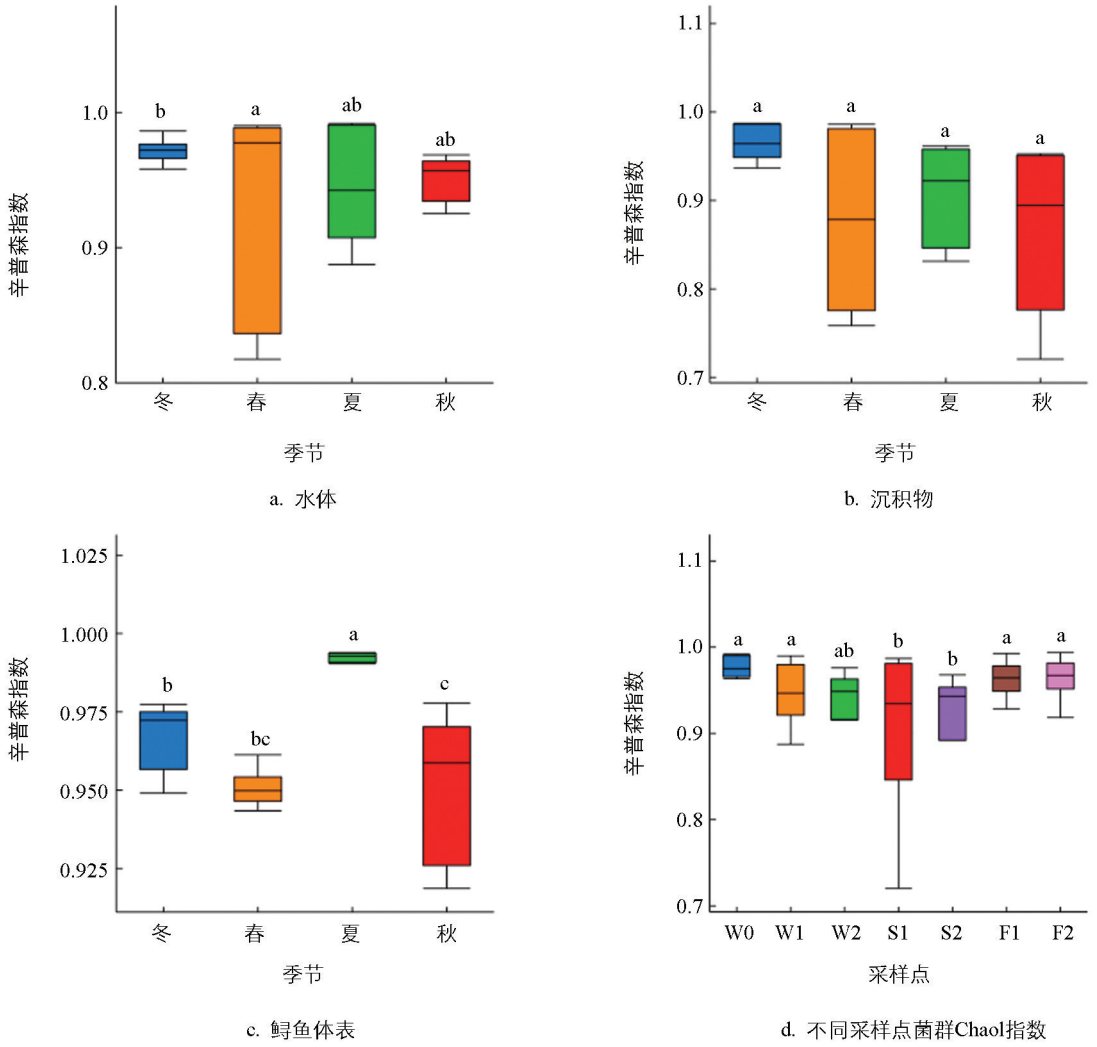
图中不同组别之间小写字母不同, 表示差异显著 ( $p < 0.05$ )。

图 2 水体、沉积物、鲟鱼体表和不同采样点菌群 Chaol 指数

Simpson 指数分析显示, 不同季节和采样点对水体菌群结构丰富度和均匀度具有交互作用, 其变化是由二者共同作用的结果; 而沉积物和鲟鱼体表菌群丰富度和均匀度主要受季节性变化影响, 但不同季节沉积物菌群间无显著性差异; 不同采样点在总体水平上存在显著性影响 ( $p < 0.05$ ) (图 3)。

分别对水体(W)、沉积物(S)和鲟鱼体表(F)来源样品进行主成分分析。PCA 分析结果显示水体菌群与沉积物菌群重叠, 鲟鱼体表菌群与其部分重叠, 说明鲟鱼养殖池塘水体菌群主要来源于沉积物菌群, 而鲟鱼体表菌群仅有小部分来源于水环境, 大部分均是由自身生长活动形成的(图 4)。同时, 对不同样本进行 permanova 检验, PC1 和 PC2 对样品的贡献率分别为 67.58% 和 9.30%, 利用 PCA 分析可以将样品中有效细菌和其他具有相似性的细菌区分开 ( $R^2 = 0.15$ ,  $p < 0.01$ )。对各样本间添加 95% 置信椭圆显示, 水体菌群样本被沉积物样本包含在内, 说明水体菌群与沉积物菌群相似度较高; 鲟鱼体表样本与水体和沉积物样本存在交叉关系, 但仍有部分细菌在 PC2 上距离水体和沉积物菌群较远, 即鲟鱼体表菌群具有特殊性, 部分菌群来源于水体环境, 部分菌群来源于自身的生长繁殖。

同样对水体、沉积物和鲟鱼体表样 OTU 进行基因系统发育树的 weighted unifracc 非度量多维标定法分析(Non-Metric Multi-Dimensional Scaling, NMDS), 结果显示 permanova 检验  $R^2 = 0.16$ 、 $p < 0.01$ , stress=0.125 2, NMDS 分析对水体、沉积物和鲟鱼体表细菌同样具有一定的区分度。与 PCA 分析结果类似, 沉积物细菌样本包含水体细菌样本, 而鲟鱼体表细菌样本与水体和沉积物细菌样本存在较大部分的重叠, 说明鲟鱼体表菌群很大程度来源于环境菌群(图 5)。



图中不同组别之间小写字母不同, 表示差异显著 ( $p < 0.05$ )。

图 3 水体、沉积物、鲟鱼体表和不同采样点菌群 Simpson 指数

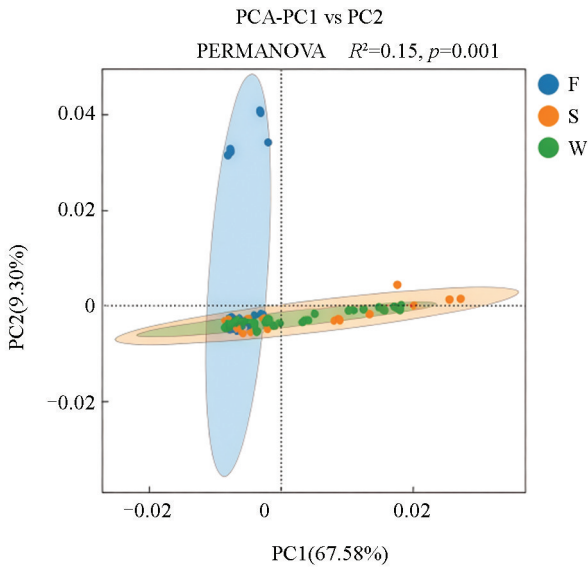


图 4 鲟鱼养殖池塘不同样本间主成分分析

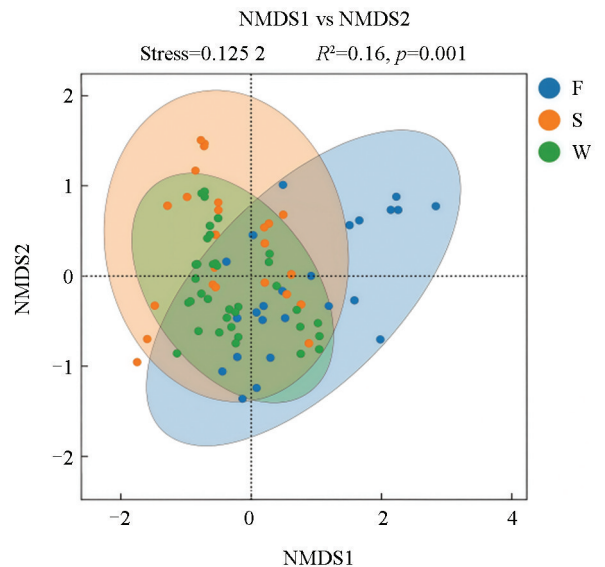


图 5 鲟鱼养殖池塘不同样本间 NMDS 分析

## 2.2 基于科学水平的细菌群落结构

水体中冬季优势菌科为隶属于变形菌门(Proteobacteria)的莫拉氏菌科(Moraxellaceae, 37.73%)及厚壁菌门(Firmicutes)的链球菌科(Streptococcaceae, 8.55%)。各采样点相比,莫拉氏菌科随水流方向相对丰度呈下降趋势(W0: 46.11%; W2: 22.34%)。春季水体中优势菌科是梭杆菌门(Fusobacteria)的梭杆菌科(Fusobacteriaceae, 16.93%)及变形菌门的丛毛单胞菌科(Comamonadaceae, 19.04%)。作为冬季第一优势菌群的莫拉氏菌科在春季相对丰度显著低于冬季( $p < 0.01$ )。变形菌门的螺状菌科(Spirosomaceae)也在采样点中表现出较高的相对丰度。常被认为是潜在致病菌的气单胞菌科(Aeromonadaceae, 2.24%)成为优势菌科。夏季优势菌科为丛毛单胞菌科(26.12%)及梭杆菌科,总体上,进水渠与养殖池塘中丛毛单胞菌科相对丰度呈现下降趋势。将其相对丰度进行对比,发现 W1、W2 水体中梭杆菌科相对丰度显著高于 W0 ( $p < 0.01$ ),说明养殖活动对其有正面的影响。莫拉氏菌科相对丰度持续出现下降,说明温度升高可能对其生长繁殖产生抑制作用。与春季相比,气单胞菌科仍属于夏季的优势菌群,对鲟鱼生长具有潜在威胁。秋季优势菌科为丛毛单胞菌科(26.35%)及梭杆菌科(19.53%)。与春夏季节相似,秋季水体气单胞菌科同样表现出较高的相对丰度,可达到 1.32%(图 6)。

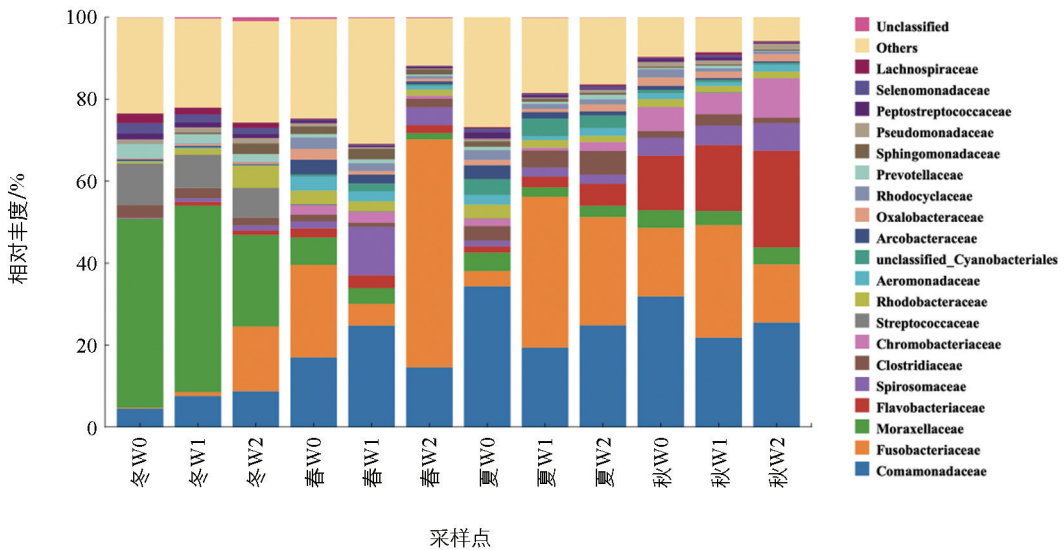


图 6 各流水养殖池塘水体菌群在科水平上优势菌群相对丰度

沉积物菌群优势菌科与水体菌群菌科大致相似,冬季优势菌科为莫拉氏菌科(17.99%)、柄杆菌科(Caulobacteraceae)和丛毛单胞菌科。春季优势菌种为梭杆菌科(31.40%)、纤毛菌科(Leptotrichiaceae, 11.92%)。W2 中梭杆菌科相对丰度高达 60.14%,高于对应养殖池塘水体中梭杆菌科相对丰度,说明沉积物中更适合其生长。与水体相同,春季沉积物中同样检测出气单胞菌科(2.24%)的细菌,而且与水体中气单胞菌科不同;与 W1 相比,沉积物中气单胞菌相对丰度在 W2(2.95%)中表现出升高,说明沉积物中气单胞菌科细菌生长繁殖更为迅速。夏季优势菌科为梭杆菌科(31.80%)、丛毛单胞菌科(15.46%),与夏季水体优势菌群变化趋势相同,黄杆菌科(Flavobacteriaceae)在养殖池塘内呈上升趋势,说明该菌适应养殖活动而进行生长繁殖,而从毛单胞菌科相对丰度变化趋势与水体优势菌群相反。秋季优势菌科为梭杆菌科(30.57%),黄杆菌科(45.38%)是 W2 中的第一优势菌科,在沉积物中的变化趋势与春夏季节相同(图 7),说明黄杆菌科适合在较高营养盐浓度的沉积物中生活,且秋季环境下适合黄杆菌科生长繁殖。秋季气单胞菌科(1.42%)细菌相对丰度上升至第五优势菌科,气单胞菌在养殖池塘内表现为上升趋势,即秋季高温季节沉积物中气单胞菌科细菌易出现大量繁殖。

鲟鱼体表菌群优势菌科在不同季节差异较大,冬季优势菌科为丛毛单胞菌科(14.90%)和莫拉氏菌科

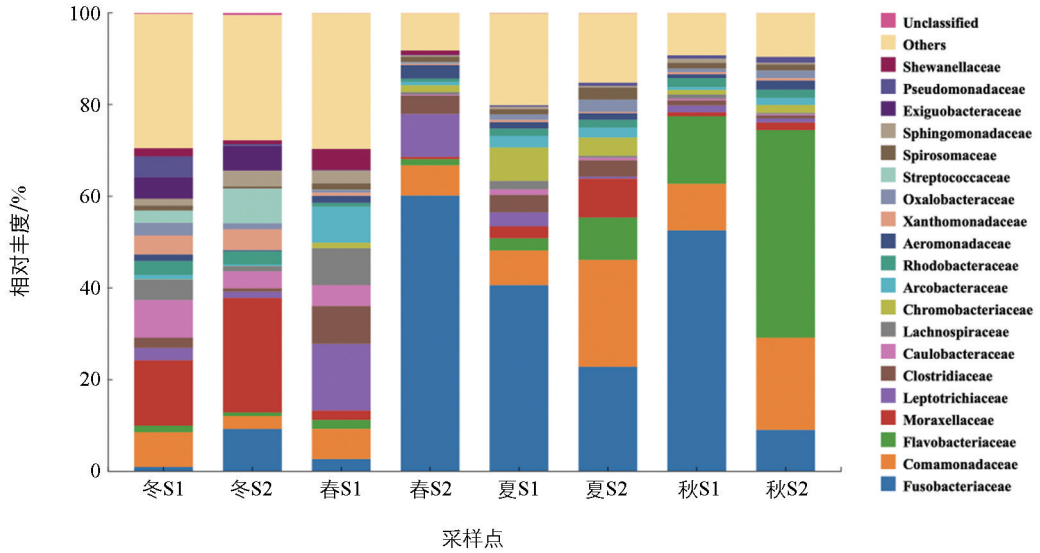


图 7 各流水养殖池塘沉积物菌群在科水平上优势菌群相对丰度

(12.88%), 与水体不同, 鲟鱼体表莫拉氏菌科细菌呈上升趋势, 可能是由于水体中细菌附着导致。威克斯氏菌科(Weeksellaceae, 5.48%)隶属于拟杆菌门(Bacteroidetes), 位于鲟鱼体表优势菌科第 3 位, 该菌在沉积物前二十菌科中未出现, 说明其更倾向于在鲟鱼体表进行生长活动。梭杆菌在鲟鱼体表呈下降趋势, 在鲟鱼体表生长受到压制。在鲟鱼体表前二十菌科中检测到气单胞菌科(1.22%)细菌, 但在冬季水体和沉积物中都不属于前二十菌科, 说明潜在致病菌在冬季也存在于养殖动物的环境中。春季为变形菌门的草酸杆菌科(Oxalobacteraceae, 14.66%)和莫拉氏菌科(11.10%), 与春季水体和沉积物梭杆菌科细菌不同, 鲟鱼体表梭杆菌门相对丰度呈下降趋势, 可能是鲟鱼运动过程中将梭杆菌科细菌散发到环境中。与冬季相比, 鲟鱼气单胞菌科细菌上升到鲟鱼体表的第 4 优势菌群, W2 气单胞菌科细菌相对丰度高达 15.34%, 推测春季鲟鱼已感染气单胞菌科细菌。夏季优势菌科为厚壁菌门的颤螺菌科(Oscillospiraceae, 9.96%)和厚壁菌门的毛螺菌科(Lachnospiraceae, 9.69%), 颤螺菌科在水体和沉积物前二十菌科中均发现, 为鲟鱼体表特有的特征菌群。秋季优势菌种为肠杆菌科(11.34%)和莫拉氏菌科(8.48%)。此外, 在不同的季节, 养殖环境中都存在假单胞菌科(Pseudomonadaceae)、气单胞菌科和肠杆菌科等潜在致病菌, 且致病菌相对丰度出现明显的季节性变化(图 8)。

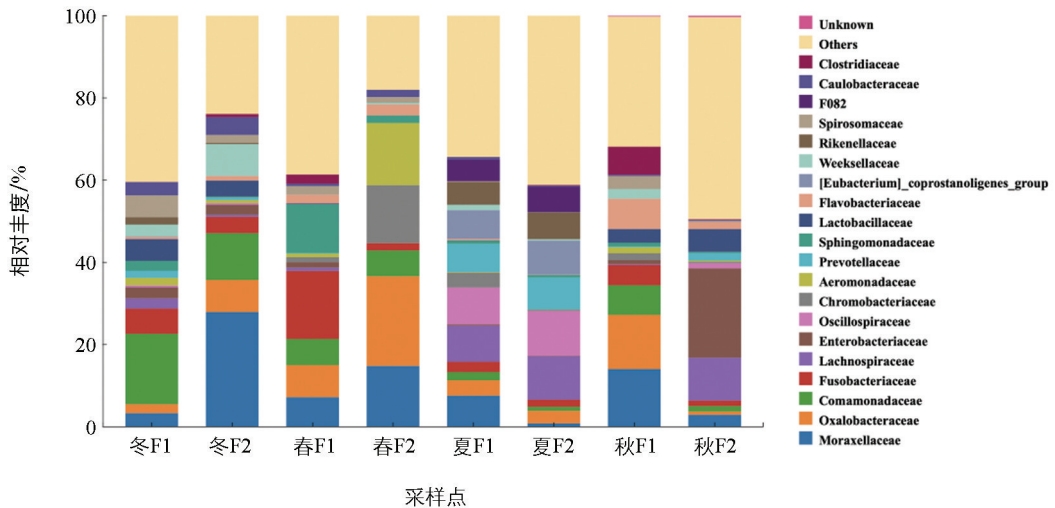


图 8 各流水养殖池塘鲟鱼体表菌群在科水平上优势菌群相对丰度

### 2.3 环境因子对菌群分布的影响

各采样点不同季节水环境因子变化见表 2, 养殖水体 pH 值为 7.96~9.31, 溶解氧为 5.56~10.04 mg/L, 均在鲟鱼可以生存的范围。

表 2 各采样点不同季节水环境因子变化

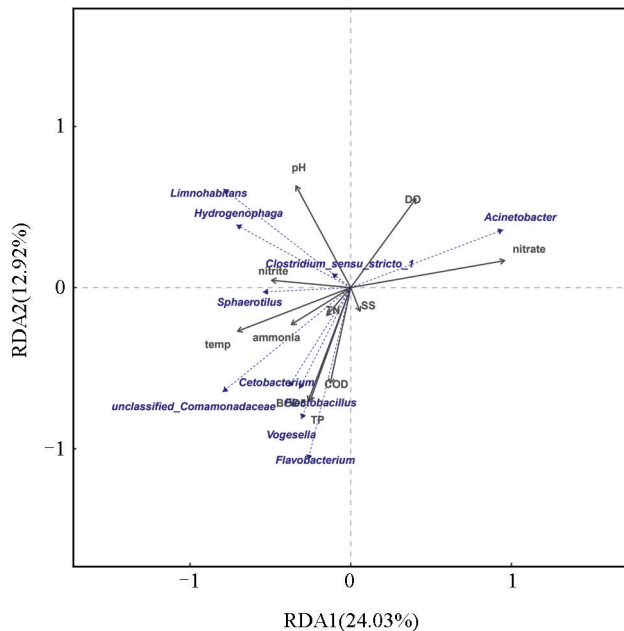
mg · L<sup>-1</sup>

组别	pH 值	溶解氧	氨氮	硝酸盐氮	亚硝酸盐	总氮	总磷	高锰酸盐指数	五日生化需氧量
W0	8.71±0.63a	9.41±0.51a	0.34±0.18b	0.16±0.24a	0.01±0.01a	1.14±0.77a	0.07±0.04b	0.51±0.36a	0.98±0.59b
W1	8.71±0.35a	7.85±1.04b	0.61±0.23ab	0.14±0.18a	0.02±0.01a	1.36±0.63a	0.17±0.09ab	1.54±1.41a	1.82±0.71b
W2	8.59±0.39a	6.57±1.11b	0.81±0.21a	0.14±0.12a	0.02±0.01a	1.87±0.30a	0.26±0.09a	2.55±1.66a	3.62±1.54a

注: 同列数据后小写字母不同表示差异显著( $p < 0.05$ )。

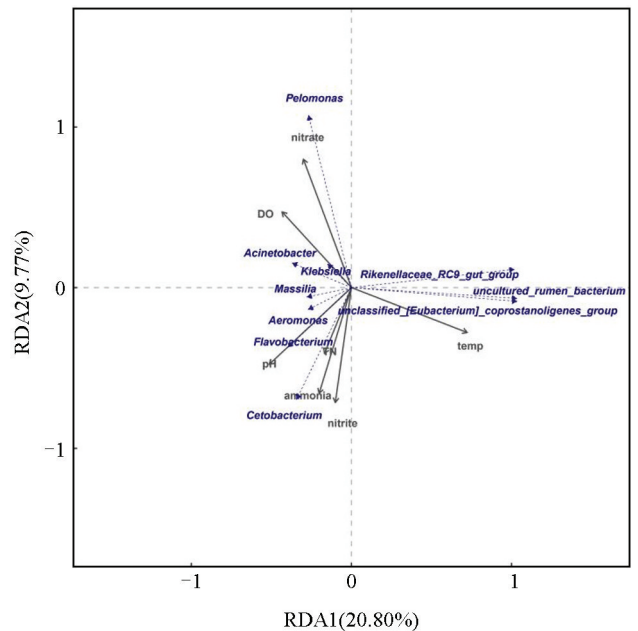
在不同季节, 选择了菌属水平相对丰度前 10 位的菌属进行水体及体表菌群与环境因子之间的关系分析。属水平上的水体菌群与环境因子之间的 RDA 结果表明, 横轴能解释的物种变量为 24.03%, 纵轴能解释的物种变量为 12.92%(图 9)。水体的硝酸盐氮对水体菌群分布的影响较大。蒙特卡洛置换检验结果表明, 温度、pH 值、总氮、总磷、生化需氧量与水体菌群结构变化呈极显著负相关( $p < 0.01$ ), 氨氮和亚硝酸盐与水体菌群结构变化呈显著负相关( $p < 0.05$ ), 溶氧、硝酸盐氮与水体菌群结构变化呈极显著正相关( $p < 0.01$ ), 总氮和悬浮物含量与水体菌群结构相似性较低。

不同季节属水平下的鲟鱼体表菌群相对丰度与环境因子之间的 RDA 结果表明, 横轴能解释的物种变量为 20.80%, 纵轴能解释的物种变量为 9.77%(图 10)。环境因子硝酸盐氮及温度对不同季节下鲟鱼体表菌群分布的影响较大。蒙特卡洛置换检验表明, 环境因子硝酸盐氮对鲟鱼体表菌群的影响最大。温度和总磷对鲟鱼体表菌群结构呈显著负相关( $p < 0.05$ ), 总氮、五日生化需氧量和悬浮物含量与鲟鱼体表菌群结构未显示出明显的相关性, 其他环境因子均与鲟鱼体表菌群结构呈极显著正相关( $p < 0.01$ )。



DO: 溶解氧; temp: 水温; SS: 悬浮物质; TN: 总氮; TP: 总磷; ammonia: 氨氮; nitrite: 亚硝酸盐; nitrate: 硝酸盐氮; COD<sub>Mn</sub>: 高锰酸盐指数; BOD<sub>5</sub>: 五日生化需氧量。

图 9 不同季节水体菌群相对丰度与环境因子之间的 RDA 分析



DO: 溶解氧; temp: 水温; SS: 悬浮物质; TN: 总氮; TP: 总磷; ammonia: 氨氮; nitrite: 亚硝酸盐; nitrate: 硝酸盐氮; COD<sub>Mn</sub>: 高锰酸盐指数; BOD<sub>5</sub>: 五日生化需氧量。

图 10 不同季节鲟鱼体表菌群相对丰度与环境因子之间的 RDA 分析

## 3 讨论与结论

### 3.1 讨论

#### 3.1.1 鲟鱼养殖池塘微生物结构调控

微生物作为养殖池塘生态系统的生产者 and 分解者,对维系生态系统平衡具有重要作用<sup>[22]</sup>。相关报道显示,沉积物菌群是水体菌群的主要来源,水体菌群结构一定程度上受到沉积物菌群的影响<sup>[23]</sup>。本研究中,水体菌群结构与沉积物菌群结构更为相似,且可与鱼类体表菌群分开来,与上述研究结果相同。鲟鱼体表菌群是抵御外界病原微生物入侵的第一道屏障,体表黏液为微生物提供了生长环境,鱼类体表黏液根据自身需要建立特定菌群,存在一些特殊的微生物,并在特定发育时期保持相对稳定,这些因素可能使体表菌群与环境菌群表现出一定的差异性<sup>[24-25]</sup>。许多研究表明,环境微生物与养殖动物疾病的发生有关<sup>[26]</sup>,养殖环境微生物多样性的降低,致病菌或机会致病菌丰富度增加,均会增加水产动物疾病的发生概率<sup>[27]</sup>。

莫拉氏菌科细菌包括不动杆菌属和莫拉氏菌属,本研究中主要为不动杆菌属,不动杆菌属中包括一些潜在病原菌,如寄鱼不动杆菌(*Acinetobacter piscicola*)<sup>[28]</sup>、鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)等<sup>[29]</sup>。本研究莫拉氏菌科细菌在水体之间呈下降趋势,但在沉积物中为上升趋势,造成这样的原因可能是水体中莫拉氏菌科细菌黏附于沉积物中,总体来看莫拉氏菌科主要来自水源。气单胞菌科细菌是鱼类的常见致病菌之一,主要包括嗜水气单胞菌(*Aeromonas hydrophila*)、温和气单胞菌(*Aeromonas sobria*)、维氏气单胞菌(*Aeromonas veronii*)等,其中温和气单胞菌<sup>[30]</sup>、维氏气单胞菌<sup>[12]</sup>和点状气单胞菌(*Aeromonas punctata*)<sup>[31]</sup>感染鲟鱼的案例已有相关研究。本研究中水体和沉积物中均检测到气单胞菌科细菌存在,且常年相对丰度常达 1% 以上,此时养殖生物已有感染细菌致病风险。对各季节不同样本中气单胞菌科细菌相对丰度进行比较,发现春季气单胞菌相对丰度为四季中最高,此季节为细菌大量繁殖的时期。假单胞菌科细菌同样是鱼类的常见致病菌之一,在鲟鱼上已有感染荧光假单胞菌(*Pseudomonas fluorescens*)<sup>[32]</sup>和恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)<sup>[33]</sup>的案例。本研究中沉积物和鲟鱼体表前二十菌科中均检测出假单胞菌科细菌,相对丰度较气单胞菌科细菌较低,但当鲟鱼体质过弱时仍具有被感染的风险。肠杆菌科细菌在鲟鱼体表菌群中起重要作用。研究显示,肠杆菌科细菌并不是所有细菌对寄主都是致病的,但其下属的埃希氏菌属(*Escherichia*)、爱德华氏菌属(*Edwardsiella*)<sup>[9]</sup>、柠檬酸杆菌属(*Citrobacter*)、志贺氏菌属(*Shigella*)<sup>[10]</sup>、耶尔森氏菌属(*Yersinia*)<sup>[34]</sup>都是能导致水产动物细菌性疾病的致病菌。因此,在秋季有必要加强对肠杆菌科潜在致病菌的预防,以免造成较大的经济损失。

#### 3.1.2 池塘中环境体表微生物的差异

在生态环境中,细菌群落由少数优势类群和大量稀有种组成,其中优势种群分布广泛,个体总量多,其在细菌群落中的相对丰度往往较大,是进行生物化学循环的主要参与者<sup>[35]</sup>。在门的水平上,虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)体表以变形菌门和拟杆菌门为主<sup>[36]</sup>;小头裸裂尻鱼(*Schizopygopsis microcephalus*)体表优势菌门为放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门<sup>[37]</sup>。本研究发现,鲟鱼体表的优势菌群为厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门等,与上述研究的结论存在一些差异,推测可能是不同组织来源以及不同种类的微生物菌群由于宿主及养殖模式的不同,导致优势菌群的构成出现变化。同时,随着季节变化,鲟鱼体表优势菌群产生动态变化,说明鲟鱼体表菌群结构不仅受到环境的影响,还受到温度变化及自身日常代谢的影响。

在门水平上对水体及沉积物菌群进行研究,本研究发现水体及沉积物中优势菌门表现出较高的相似性,优势菌门均为变形菌门、梭杆菌门、拟杆菌门、厚壁菌门等,辽宁长海刺参(*Apostichopus japonicus*)养殖水体<sup>[38]</sup>及凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)异养、自养型生物絮团<sup>[39]</sup>优势菌门均由变形菌门和拟

杆菌门组成; 鲟鳇网箱养殖水体菌门以变形菌门、放线菌门和拟杆菌门等为主<sup>[40]</sup>, 与本次研究结果类似。变形菌门作为第一优势菌门, 主要原因是变形菌门在原核生物分子生物学分类或表型分类中占据了绝对的数量优势<sup>[41]</sup>, 具有利用碳源、去除氮与磷、降解有机物等作用<sup>[42-43]</sup>。拟杆菌作为次优势菌门, 是浮游细菌的重要组成部分, 其可产生能够降解生物大分子的胞外水解酶, 同时, 拟杆菌门还能发酵碳水化合物及分解纤维细胞壁的多糖<sup>[44]</sup>, 这些有机物也是水体碳循环的重要组成部分, 在物质循环中具有极其重要的作用<sup>[45]</sup>。本研究发现养殖水体随受外界环境因素影响呈现动态变化。冬季厚壁菌门细菌在 3 个池塘中均占有一定比例, 3 月份开始比例均减少, 环境温度越低, 水体中厚壁菌门细菌相对丰度越大。这可能是因为厚壁菌门下的芽孢杆菌纲大部分微生物, 能够形成抗逆性极强的芽孢, 从而产生极强的环境适应性<sup>[46]</sup>。同时, 隶属于厚壁菌门的枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)可以有效降低养殖水体中的硝酸盐和亚硝酸盐含量, 能有效改善鲟鱼养殖水体水质, 提高机体消化酶和非特异性免疫酶活性<sup>[47]</sup>, 从而促进鲟鱼生长发育, 提高免疫力, 推测此菌与冬季水体中亚硝酸盐含量较低存在一定关联。

### 3.1.3 微生物群落与环境因子的关系

水质变化会影响水体微生物的群落组成<sup>[48-49]</sup>。针对不同养殖水体, 环境因子对微生物群落和功能结构的影响也不尽相同。举例来说, 在凡纳滨对虾的大棚养殖池塘中, 溶解氧、pH 值、高锰酸盐指数和总氮是对微生物群落结构有显著影响的几个环境因子, 其中 pH 值的影响最为突出<sup>[50]</sup>。然而, 另有研究指出, 在凡纳滨对虾的养殖水体环境中, 氨氮、高锰酸盐指数和总氮对微生物群落结构的影响较为显著, 且氨氮的影响最为显著<sup>[51]</sup>。这表明, 即便是对于同一种养殖对象, 影响微生物群落结构的环境因子也可能存在差异。同样有研究表明, 总氮和总磷是水体微生物群落结构的主要影响因子<sup>[40, 52]</sup>。金笑等<sup>[53]</sup>研究鄱阳湖不同区域的沉积物, 探讨细菌群落结构与功能的变化及其与环境因子之间的关联, 结果指出, TN 浓度对细菌分布的影响最为显著, 而 pH 值则显著地影响微生物代谢的多样性。此外, 陆洋等<sup>[54]</sup>的研究揭示了总磷、总氮、硝酸盐氮和氨氮等因素对养殖池塘水体细菌群落分布的影响。邱楚雯等<sup>[14]</sup>的研究进一步发现, 总悬浮物、总磷以及总酸等水质因子能够影响细菌群落的构成。在本研究中, 温度、总磷、硝酸盐氮对养殖水体细菌群落影响最为显著。由此可见, 环境因子均有可能影响水质, 参与到水体的物质循环。与张旭等<sup>[55]</sup>研究结果相似, 本研究发现, 总氮和氨氮对微生物群落结构和功能组成变化的影响并不显著, 但仍有研究结果认为该因素为水体中微生物群落结构的主要影响因素<sup>[56]</sup>。

氮源是微生物生长的重要营养因子, 微生物在生长繁殖过程中会主动吸收外界营养盐来补充能量及合成自身物质; 其中硝化细菌能够进行硝化作用, 将氨氮和亚硝酸盐转化为硝酸盐氮; 反硝化细菌能够进行反硝化作用, 将硝酸盐氮转化为氮气逸出水体环境<sup>[57-59]</sup>。本研究中, 硝酸盐氮对水体及体表菌群影响均较大, 而总氮和氨氮对菌群结构影响较小, 说明在菌群生长繁殖过程中会吸收水体中的氮源物质, 此时随着菌群数量的增加, 水体氨氮和亚硝酸盐氮含量会减少。水体和沉积物中菌群与水体中硝酸盐氮含量呈显著正相关, 鲟鱼体表菌群与水体中硝酸盐氮呈显著负相关, 说明水体和沉积物中菌群进行硝化作用将水体中的氨氮和亚硝酸盐氮转化为硝酸盐氮, 从而导致水体中硝酸盐氮含量上升<sup>[60]</sup>。鲟鱼体表菌群主要用于抵御外界潜在致病菌的侵袭, 不进行硝化作用或者硝化效率极低, 所以产生的硝酸盐氮较少。

## 3.2 结论

鲟鱼流水养殖水体菌群结构多样性季节性变化明显, 组间差异分析结果显示沉积物是水体菌群的主要来源, 鲟鱼体表菌群大部分来源于环境菌群, 其他部分菌群是鲟鱼自身生理活动的结果。流水养殖系统中均存在假单胞菌科、气单胞菌科和肠杆菌科等潜在致病菌, 且致病菌相对丰度出现明显的季节性变化。影响养殖水体和鲟鱼体表菌群结构的主要环境因子为温度和硝酸盐氮, 而五日生化需氧量、总磷、酸碱度、溶氧、化学需氧量、亚硝酸盐氮和氨氮对菌群结构也有一定的相关性。

## 参考文献:

- [1] 唐征县, 阳龙江, 贺蝶, 等. 重庆山区 4 种鲟仔、稚、幼鱼生长特性对比研究 [J]. 水产科学, 2024, 43(3): 453-460.
- [2] 唐征县, 薛洋, 杨成年, 等. 重庆市鲟鱼养殖现状及可持续发展建议 [J]. 中国水产, 2021(11): 68-70.
- [3] BEMIS W E, FINDEIS E K, GRANDE L. An Overview of Acipenseriformes [J]. Environmental Biology of Fishes, 1997, 48(1): 25-71.
- [4] BEMIS W E, KYNARD B. Sturgeon Rivers: An Introduction to Acipenseriform Biogeography and Life History [J]. Environmental Biology of Fishes, 1997, 48(1): 167-183.
- [5] 王巍, 宋海亮, 朱华, 等. 鲟鱼育种及新品种选育研究进展 [J]. 中山大学学报(自然科学版中英文), 2025, 64(1): 93-105.
- [6] 农业农村部渔业渔政管理局, 全国水产技术推广总站, 中国水产学会. 2024 中国渔业统计年鉴 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2024.
- [7] 商宝娣, 陶莎, 杨星, 等. 鲟源嗜麦芽窄食单胞菌的分离鉴定及药敏特性分析 [J]. 水产科学, 2020, 39(5): 694-701.
- [8] 任朝颖, 高宣, 贺蝶, 等. 杂交鲟源鲁氏耶尔森菌的分离鉴定及致病性和药敏特性分析 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2024, 46(11): 54-66.
- [9] 孔杰, 李小义, 周洲, 等. 鲟源迟钝爱德华氏菌的分离鉴定与药敏特性研究 [J]. 水产科学, 2018, 37(2): 187-192.
- [10] 张明洋, 胡安东, 程振涛, 等. 杂交鲟类志贺单胞菌的分离鉴定及耐药性分析 [J]. 中国畜牧兽医, 2019, 46(1): 264-270.
- [11] 彭小倩, 任朝颖, 邓雪玥, 等. 杂交鲟源温和气单胞菌的分离鉴定及生物学特性的研究 [J]. 淡水渔业, 2023, 53(3): 62-70.
- [12] 杨成年, 李芳, 朱成科, 等. 杂交鲟出血病病原的分离鉴定与组织病理学观察 [J]. 浙江农业学报, 2021, 33(12): 2275-2285.
- [13] 张艳敏, 杨国坤, 李克克, 等. 鱼类黏膜层微生物研究进展 [J]. 水产学报, 2022, 46(6): 1117-1127.
- [14] 邱楚雯, 施永海, 王韩信, 等. 暗纹东方鲈不同养殖模式下的微生物群落结构 [J]. 水产学报, 2021, 45(2): 209-220.
- [15] MINNITI G, HAGEN L H, PORCELLATO D, et al. The Skin-Mucus Microbial Community of Farmed Atlantic Salmon (*Salmo salar*) [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 2043.
- [16] GUARDIOLA F A, CUESTA A, ARIZCUN M, et al. Comparative Skin Mucus and Serum Humoral Defence Mechanisms in the Teleost Gilthead Seabream (*Sparus aurata*) [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2014, 36(2): 545-551.
- [17] BENHAMED S, GUARDIOLA F A, MARS M, et al. Pathogen Bacteria Adhesion to Skin Mucus of Fishes [J]. Veterinary Microbiology, 2014, 171(1-2): 1-12.
- [18] CÁMARA-RUIZ M, CERESO I M, GUARDIOLA F A, et al. Alteration of the Immune Response and the Microbiota of the Skin during a Natural Infection by *Vibrio Harveyi* in European Seabass (*Dicentrarchus labrax*) [J]. Microorganisms, 2021, 9(5): 964.
- [19] TAPIA-PANIAGUA S T, CEBALLOS-FRANCISCO D, BALEBONA M C, et al. Mucus Glycosylation, Immunity and Bacterial Microbiota Associated to the Skin of Experimentally Ulcerated Gilthead Seabream (*Sparus aurata*) [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2018, 75: 381-390.
- [20] ROSS A A, RODRIGUES HOFFMANN A, NEUFELD J D. The Skin Microbiome of Vertebrates [J]. Microbiome, 2019, 7(1): 79.
- [21] GOMEZ J A, PRIMM T P. A Slimy Business: The Future of Fish Skin Microbiome Studies [J]. Microbial Ecology, 2021, 82(2): 275-287.
- [22] 李博. 草鱼混养生态系统细菌生产力和群落结构的实验研究 [D]. 青岛: 中国海洋大学, 2013.
- [23] LI J W, CHEN S W, WU P, et al. Insights into the Relationship between Intestinal Microbiota of the Aquaculture Worm *Sipunculus Nudus* and Surrounding Sediments [J]. Fishes, 2023, 8(1): 32.

- [24] STEPHENS W Z, BURNS A R, STAGAMAN K, et al. The Composition of the Zebrafish Intestinal Microbial Community Varies across Development [J]. The ISME Journal, 2016, 10(3): 644-654.
- [25] MCMURTRIE J, ALATHARI S, CHAPUT D L, et al. Relationships between Pond Water and Tilapia Skin Microbiomes in Aquaculture Ponds in Malawi [J]. Aquaculture, 2022, 558: 738367.
- [26] XIONG J B, DAI W F, QIU Q F, et al. Response of Host-Bacterial Colonization in Shrimp to Developmental Stage, Environment and Disease [J]. Molecular Ecology, 2018, 27(18): 3686-3699.
- [27] 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.
- [28] 罗士炎, 刘洋, 张志灯, 等. 澳洲墨瑞鳕源寄鱼不动杆菌的致病性及药敏特性研究 [J]. 中国预防兽医学报, 2020, 42(7): 728-732.
- [29] 夏露. 鱼源鲍曼不动杆菌的分离与鉴定 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2009.
- [30] 肖艳翼, 王斌, 夏永涛, 等. 鲟病原性温和气单胞菌的分离鉴定及药敏试验 [J]. 南方农业学报, 2015, 46(10): 1909-1914.
- [31] 田甜, 张德志, 杜合军, 等. 中华鲟主要细菌性疾病及其临床诊断与防控 [J]. 水产科学, 2018, 37(6): 800-805.
- [32] 胡安东, 张明洋, 张安青, 等. 鲟源荧光假单胞菌的分离鉴定及药敏特性分析 [J]. 畜牧与兽医, 2019, 51(7): 107-111.
- [33] 杨圆圆, 杨移斌, 曹海鹏, 等. 杂交鲟源恶臭假单胞菌的分离鉴定及药敏特性研究 [J]. 浙江农业学报, 2017, 29(12): 1978-1985.
- [34] 曹师琪, 耿毅, 余泽辉, 等. 杂交鲟鲁氏耶尔森氏菌的分离鉴定及感染的病理损伤 [J]. 华南农业大学学报, 2018, 39(4): 13-19.
- [35] 王利肖. 亚热带淡水河流巴河细菌群落格局及其演替机制研究 [D]. 武汉: 华中科技大学, 2021.
- [36] LOWREY L, WOODHAMS D C, TACCHI L, et al. Topographical Mapping of the Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Microbiome Reveals a Diverse Bacterial Community with Antifungal Properties in the Skin [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, 81(19): 6915-6925.
- [37] 郝佳慧, 蔡伟杰, 李柯懋, 等. 高通量测序分析小头裸裂尻鱼皮肤和肠道的微生物多样性 [J]. 微生物学报, 2023, 63(1): 233-250.
- [38] 谭八梅, 王萃, 裴泓霖, 等. 不同季节刺参养殖池塘水体菌群结构与功能特征研究 [J]. 渔业科学进展, 2021, 42(3): 77-88.
- [39] 高远, 李莹, 董登攀, 等. 凡纳滨对虾养殖系统中异养和自养型生物絮团的微生物特性及其与养殖水环境的关系 [J]. 中国水产科学, 2022, 29(6): 864-873.
- [40] 黄薇, 周华书, 刘兰英, 等. 鲟鳇鱼网箱养殖环境微生物菌群结构及潜在病原菌分析 [J]. 水生生物学报, 2021, 45(6): 1255-1263.
- [41] GUPTA R S. The Phylogeny of Proteobacteria: Relationships to Other Eubacterial Phyla and Eukaryotes [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2000, 24(4): 367-402.
- [42] 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.
- [43] KLASE G, LEE S, LIANG S, et al. The Microbiome and Antibiotic Resistance in Integrated Fishfarm Water: Implications of Environmental Public Health [J]. Science of the Total Environment, 2019, 649: 1491-1501.
- [44] 黄俊杰, 陆雅海. 土壤拟杆菌与梭菌分解多糖类有机物质的研究进展与展望 [J]. 微生物学通报, 2022, 49(3): 1147-1157.
- [45] 施云芬, 郑蕾, 马慧, 等. 脉冲水解酸化-A/O 生物反应器处理石化废水的中试研究及微生物群落结构解析 [J]. 科技导报, 2017, 35(23): 39-45.

- [46] 宋兆齐, 王莉, 刘秀花, 等. 云南和西藏四处热泉中的厚壁菌门多样性 [J]. 生物技术, 2015, 25(5): 481-486, 436.
- [47] 董春光, 杨爱国, 孙秀俊, 等. 枯草芽孢杆菌 (*Bacillus subtilis*) 在刺参养殖中的益生作用 [J]. 渔业科学进展, 2015, 36(3): 109-115.
- [48] 陈黛慈, 王继华, 关健飞, 等. 再生水灌溉对土壤理化性质和可培养微生物群落的影响 [J]. 生态学杂志, 2014, 33(5): 1304-1311.
- [49] 龚雪, 王继华, 关健飞, 等. 再生水灌溉对土壤化学性质及可培养微生物的影响 [J]. 环境科学, 2014, 35(9): 3572-3579.
- [50] 谢芹. 凡纳滨对虾和罗氏沼虾亲虾养殖塘水质及微生物群落多样性的研究 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.
- [51] ZHANG H, SUN Z L, LIU B, et al. Dynamic Changes of Microbial Communities in *Litopenaeus Vannamei* Cultures and the Effects of Environmental Factors [J]. *Aquaculture*, 2016, 455: 97-108.
- [52] 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.
- [53] 金笑, 寇文伯, 于昊天, 等. 鄱阳湖不同区域沉积物细菌群落结构、功能变化及其与环境因子的关系 [J]. 环境科学研究, 2017, 30(4): 529-536.
- [54] 陆洋, 郁二蒙, 谢骏, 等. 添加芽孢杆菌对池塘中理化因子和细菌群落结构的影响分析 [J]. 水产学报, 2020, 44(1): 130-141.
- [55] 张旭, 周丽, 蔡敏, 等. 基于宏基因组学的中华绒螯蟹养殖池塘水体微生物群落结构和功能组成分析 [J]. 渔业科学进展, 2024, 45(4): 112-124.
- [56] 张皓. 养殖环境微生物群落的动态变化及与水环境的互作 [D]. 苏州: 苏州大学, 2015.
- [57] VAN HUYNH V, NGO M T T, ITAYAMA T, et al. Dynamic of Microbial Community in Simultaneous Nitrification and Denitrification Process: A Review [J]. *Bioresource Technology Reports*, 2023, 22: 101415.
- [58] 李萌, 刘如玲, 陈进进, 等. 高盐条件下 pH 对同步短程硝化反硝化脱氮性能及微生物群落的影响 [J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2023, 53(4): 67-76.
- [59] 樊笑, 胡子涵, 刘国, 等. 异养硝化-好氧反硝化菌的分离及脱氮特性 [J]. 环境科学与技术, 2022, 45(11): 1-9.
- [60] KIM K S, AHN K H, SEO G T. Behaviors of Nitrite and Nitrate in Biological Nitrification of Recycled Water from Anaerobic Digester [J]. *Journal of Korean Society of Water Science and Technology*, 2014, 22(6): 99-110.

责任编辑 王新娟

杨光明

