

张洪洲, 吴丽萍, 刘晓静, 等. 不同类型水产养殖池塘水质特征与微生物群落[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(6): 1218-1230.
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2026.06.014

不同类型水产养殖池塘水质特征与微生物群落

张洪洲¹, 吴丽萍¹, 刘晓静², 闻学政², 王 岩², 刘海琴², 张志勇²

(1. 天津城建大学环境与市政工程学院, 天津 300384; 2. 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所/农业农村部长江下游平原农业环境重点实验室, 江苏 南京 210014)

摘要: 水产养殖池塘的水质和微生物群落特性是影响养殖系统健康与生产力的关键因素。本研究选取中华绒螯蟹单养塘、青虾单养塘、中华绒螯蟹与青虾混养塘 3 种典型养殖池塘为研究对象, 采集水样进行水质指标检测, 并结合高通量测序技术深入解析各池塘水体中细菌群落的组成及其结构特征。研究结果显示, 不同养殖模式池塘水质理化性质存在一定差异, 其中青虾单养塘水体铵态氮含量显著低于另外 2 种养殖模式池塘, 具有较高的氮转化效率。微生物代谢产物和类腐殖酸在 3 种养殖池塘水体中显著富集。同时, 中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物群落 α 多样性高于单养塘。*hgcI*_clade 属是中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘水体中优势菌属, *norank_o_Chloroplast* 属是青虾单养塘水体中优势菌属。高锰酸盐指数(COD_{Mn})、铵态氮含量、总氮含量、亚硝态氮含量和硝态氮含量等环境因子显著影响池塘水体中微生物群落的组成与分布。本研究结果可为推动中国水产养殖业实现健康、高效及可持续发展提供重要依据。

关键词: 养殖池塘; 水质特征; 微生物群落; 环境因子

中图分类号: S917.1 文献标识码: A 文章编号: 1000-4440(2026)06-1218-13

Water quality characteristics and microbial communities in different types of aquaculture ponds

ZHANG Hongzhou¹, WU Liping¹, LIU Xiaojing², WEN Xuezheng², WANG Yan², LIU Haiqin², ZHANG Zhiyong²

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Tianjin Chengjian University, Tianjin 300384, China; 2. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Agro-Environment in Downstream of Yangtze Plain, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Nanjing 210014, China)

Abstract: The water quality and microbial community characteristics of aquaculture ponds are key factors influencing the health and productivity of the aquaculture system. This study selected three typical aquaculture pond types as research objects: monoculture ponds of Chinese mitten crabs, monoculture ponds of oriental river prawns, and polyculture ponds of oriental river prawns and Chinese mitten crabs. Water samples were collected for water quality index detection, and high-throughput sequencing technology was used to deeply analyze the composition and structural characteristics of the bacterial

communities in the water of each pond. The research results showed that there were certain differences in the physicochemical properties of the water quality of different types of aquaculture ponds. Specifically, the ammonium nitrogen content in the monoculture ponds of oriental river prawns was significantly lower than that in the other two pond types, indicating a higher nitrogen conversion efficiency. Microbial metabolites and humic acid-like sub-

收稿日期: 2025-06-19

基金项目: 江苏省农业科技自主创新基金项目[CX(23)3106]; 江苏省重点研发计划项目(D21YFD17008)

作者简介: 张洪洲(1998-), 男, 山东德州人, 硕士研究生, 主要从事水产养殖尾水治理相关研究。(E-mail) 790216296@qq.com

通讯作者: 刘晓静, (E-mail) lxj8923@163.com

stances were significantly enriched in the water of the three aquaculture pond types. At the same time, the α -diversity of microbial communities in the water of the polyculture ponds of oriental river prawns and Chinese mitten crabs was higher than that in the water of the monoculture ponds. The *hgcI*-clade was the dominant bacterial genus in the monoculture ponds of Chinese mitten crabs and the polyculture ponds of oriental river prawns and Chinese mitten crabs, and *norank_o_Chloroplast* was the dominant bacterial genus in the monoculture ponds of oriental river prawns. The environmental factors such as permanganate index (COD_{Mn}), ammonium nitrogen content, total nitrogen content, nitrite nitrogen content, and nitrate nitrogen content significantly affected the composition and distribution of microbial communities in the ponds. The results of this study can provide an important basis for promoting the healthy, efficient, and sustainable development of China's aquaculture industry.

Key words: aquaculture ponds; water quality characteristics; microbial communities; environmental factors

水产养殖是全球粮食系统中发展最快的产业之一,其总产量已超越传统捕捞渔业,成为保障全球水产品供给与粮食安全的支柱产业^[1-3]。亚太地区水产养殖业发展迅猛,其中中国水产养殖规模及水产品产量均位居区域首位^[4]。但这种高速发展主要依赖高氮磷投入(如饲料和肥料)的集约化生产模式,给环境带来沉重负担^[5-6]。养殖过程中产生的大量有机、无机废物是导致水体污染和生态失衡的根源,同时也让养殖动物更易暴发疾病^[7-8]。为控制疾病,水产养殖中会长期或过量使用抗生素,这种做法不仅会破坏池塘生态环境,还会直接改变池塘水体和底泥中微生物群落结构^[7]。池塘生态失衡不仅不利于养殖生物的健康生长,还会使环境中的残留污染物通过食物链传递,进一步威胁水产品安全与人类健康^[8]。

池塘生态系统的稳定很大程度上依赖于水质管控。而养殖池塘水质并非由单一条件决定,而是受养殖品种^[9-11]、养殖管理措施^[12-13]以及外部环境^[14]等多重因素共同调控。在各类影响因子中,养殖品种作为关键的內源性因素,对养殖池塘水质的差异化作用已得到大量研究结果证实。如王丽等^[9]研究发现,草鱼养殖池塘检测到的水质指标优于罗非鱼和松浦镜鲤的养殖池塘。徐嘉波等^[10]对暗纹东方鲀、罗氏沼虾和中华绒螯蟹养殖池塘的水质进行对比监测,发现中华绒螯蟹养殖池塘的水质最佳。吴会民等^[11]的研究结果表明,青虾养殖池塘水质优于翘嘴红鲌养殖池塘水质。在养殖管理方面,饲料投喂不当和养殖密度过高是导致水质恶化的核心驱动因素。不合理的投喂会导致饲料在水体中过度残留分解而产生一系列有毒有害物质并加速水体富营养化^[12],而过高的养殖密度则会造成水中生物代谢废物急剧攀升,超过水体固有的自净负荷,从而直接

引发水质的严重下降^[13]。此外,水温等外部环境因子对水质的影响也不容小觑。低温环境会抑制水体微生物的生理活性,削弱其对污染物的分解与净化效能,进而降低水体自净速率;适宜温度可有效促进微生物代谢活动,强化铵态氮、亚硝酸盐等有害物质的分解转化,维持水环境稳定^[14]。但持续极端高温则会造成水体溶氧量不足,微生物群落结构失衡,加速残饵与排泄物腐败耗氧,导致有毒物质累积,反而使池塘水质下降。上述因素的协同作用最终反映在水体的各项理化指标和生物学特征上,不仅对水质理化指标(高锰酸盐指数、总氮含量、总磷含量、铵态氮含量、硝态氮含量、亚硝态氮含量等)产生影响,还会影响池塘微生物群落的组成及动态变化^[15-16]。微生物群落在水产养殖系统中发挥核心作用,主导水体氮磷循环、有机质分解以及污染物降解等关键生化过程^[17-21]。例如,参与氮循环的功能菌(如硝化细菌、反硝化细菌、氨化细菌)直接影响水体铵态氮水平与亚硝酸盐的转化路径^[18,22];而异养菌主要负责有机质的分解,为氮循环提供底物来源^[23]。养殖水体中微生物菌群呈现功能上的双重性:弧菌(*Vibrio*)、假交替单胞菌(*Pseudoalteromonas*)等条件致病菌是引发养殖生物细菌性疾病的重要诱因;而芽孢杆菌(*Bacillus*)、乳酸菌(*Lactobacillus*)等有益菌则可通过调节水质参数、竞争生态位等方式抑制病原菌增殖,维持水体稳态^[24]。因此,养殖水体中微生物群落的结构、多样性及其功能,可作为评估养殖水体健康状态与自净能力的核心指标。不同养殖模式(如蟹类单养、虾类单养及虾蟹混养)对池塘理化性质和生物环境具有差异化的调控效应,可塑造出独特的水质特征与水体微生物环境,最终导致不同养殖系统中微生物群落的组成、丰度及多样性存在显著差异^[25-26]。在此背景下,开展不同

养殖品种池塘水质与微生物群落结构的关联研究,对于深入解析养殖池塘生态系统的物质循环与功能调控机制具有重要意义。

目前,不同养殖类型的水环境效应及其微生物生态机制研究仍存在不足,尤其是针对特定养殖模式的系统性报道较为缺乏。为此,本研究于南京市溧水区永阳街道水晶村选取蟹塘、虾塘及虾蟹混养塘 3 种典型养殖模式,在分析水质特征差异的同时,利用高通量测序技术解析各养殖模式水体微生物群落的结构、多样性及功能。研究不同养殖模式在水质与微生物生态方面的关键差异及水质参数与微生物群落间的内在关联。本研究旨在弥补特定养殖模式水体微生物生态学研究的不足,有望为养殖水体

精细化管理、养殖策略优化及水产品提质增效提供科学依据,同时也为基于微生物组学的水质评估提供新思路,助力开发低化学药剂投入的生物修复技术,推动水产养殖业向健康、高效与环境友好方向发展。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究位于南京市溧水区^[27],该区永阳街道水晶村依托优越的自然环境和农业基础,形成了以螃蟹、青虾为主导的特色养殖产业布局。目前主要养殖模式包括河蟹单养、青虾单养及虾蟹混养等,养殖管理参数见表 1。

表 1 3 种养殖模式的典型管理参数

Table 1 Typical management parameters of the three aquaculture modes

参数	养殖模式		
	青虾单养	河蟹单养	虾蟹混养
养殖品种	青虾	中华绒螯蟹	青虾+中华绒螯蟹
典型养殖方式	高密度、集约型	中低密度、生态化	效益与生态平衡型
典型放养密度	1 hm ² 4.50×10 ⁵ ~9.00×10 ⁵ 尾	1 hm ² 1.20×10 ⁴ ~1.50×10 ⁴ 只	虾:1 hm ² 2.25×10 ⁵ ~4.50×10 ⁵ 尾 蟹:1 hm ² 9.00×10 ³ ~1.20×10 ⁴ 只
饲料投喂	配合饲料为主	动物性饲料与植物性饲料搭配	蟹料为主,虾料为辅
养殖周期	1~2 茬/年	1 茬/年	1 茬/年(按河蟹生长周期为主)

表中的放养密度根据该地典型商业养殖模式的参考值,旨在说明不同养殖模式间的量级差异。

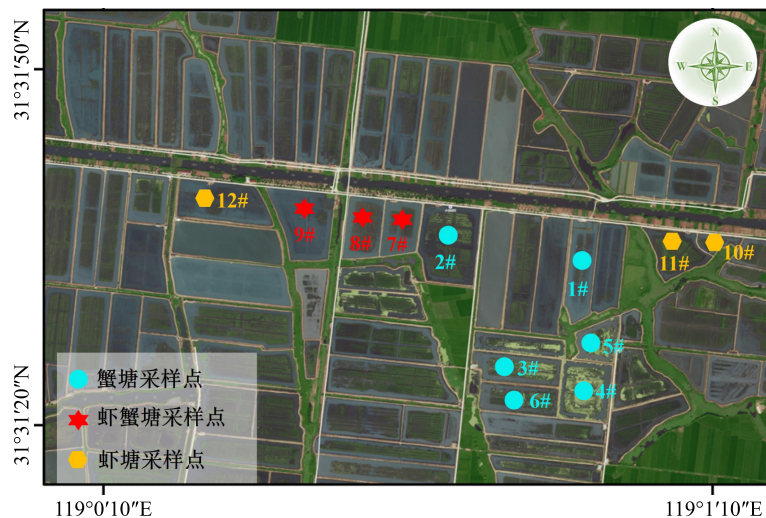
1.2 样品采集与处理

综合考虑研究区域养殖面积、养殖特色等因素,本研究采用网格式布设方法,于 2024 年 11 月在溧水区水晶村养殖池塘布设 12 个采样点(图 1)。其中中华绒螯蟹单养塘(蟹塘)设置 6 个采样点(编号 1 号至 6 号),中华绒螯蟹与青虾混养塘设置 3 个采样点(编号 7 号至 9 号),青虾单养塘(虾塘)设置 3 个采样点(编号 10 号至 12 号)。使用无菌水质采样器于水下 0.5 m 处采集水样,注入容量为1 000 mL 的灭菌聚乙烯瓶中,密封后置于 4 ℃ 条件下避光保存。样品需在 10 h 内冰浴运输至实验室,并立即分装后置于-20 ℃±2 ℃超低温冰箱中冷冻保存。所有水样均于 2024 年 11 月26–28 日集中采集完成。该采样策略是为了确保不同养殖模式池塘(蟹塘、虾蟹混养塘)样品在采集时具有一致的环境背景,最大限度减少因时间差异带来的变异。采样期间的天气状况稳定,所有池塘表层水温维持在14.0 ℃±0.5 ℃。

1.3 样品的测定

对采集的水样进行理化指标检测,包括高锰酸盐指数(COD_{Mn})、总氮含量、总磷含量、铵态氮含量、硝态氮含量和亚硝态氮含量 6 项指标。 COD_{Mn} 采用滴定法测定^[28];总氮含量通过碱性过硫酸钾消解后,使用紫外分光光度法测定^[28–29];总磷含量采用钼酸铵分光光度法测定^[28];铵态氮含量和亚硝态氮含量采用流动分析仪测定;硝态氮含量通过紫外分光光度法测定。

对水样开展三维荧光光谱测定:样品经孔径 0.45 μm 滤膜过滤,去除水体悬浮物、藻类及细菌等颗粒物,采用 F-320 型荧光分光光度计完成上机检测。设定激发波长(E_x)扫描范围为200~550 nm,步长 5 nm^[30];发射波长(E_m)扫描范围为200~600 nm,步长 2 nm,扫描速度为1.2×10⁴ nm/min^[31]。以超纯水作为空白对照进行基线校正,扣除水体背景荧光干扰。该方法可有效表征水体溶解性有机物的组成特征与来源差异,区分微生物代谢产物、腐殖质类等不同有机质组分。



蟹塘:中华绒螯蟹单养塘;蟹虾塘:中华绒螯蟹与青虾混养塘;虾塘:青虾单养塘。1#至6#:中华绒螯蟹单养塘取样点;7#至9#:中华绒螯蟹与青虾混养塘采样点;10#至12#:青虾单养塘采样点。

图1 本研究3种养殖模式池塘各采样点示意图

Fig.1 Schematic diagram of sampling sites under the three aquaculture modes in this study

微生物群落结构的测定:在采样点用无菌聚乙烯塑料瓶取深5~10 cm处水2 000 mL。采集的水样经冰浴运输至实验室,进行抽滤富集。单次使用孔径0.22 μm 有机滤膜过滤500 mL水样,每个采样点收集3张平行滤膜。所收集的滤膜样品置于-80 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存,以供后续的多多样性测序。高通量测序工作委托上海美吉生物医药科技有限公司完成,利用Illumina MiSeq测序平台对微生物16S rRNA基因V4可变区进行扩增与测序。测序引物为515FmodF (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3')和806RmodR (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3')。

1.4 数据分析

利用Excel 2021软件对数据进行整理与统计分析,用Origin 2024b软件绘图,微生物相关分析图,表由上海美吉生物医药科技有限公司Illumina MiSeq云平台完成。荧光光谱数据基于MATLAB R2018a软件的DOMfluor工具箱开展PARAFAC平行因子分析,结合残差平方和、半分法检验筛选最优组分,实现各荧光组分的解析与定量分析^[32]。

2 结果与分析

2.1 不同类型水产养殖池塘水体的水质

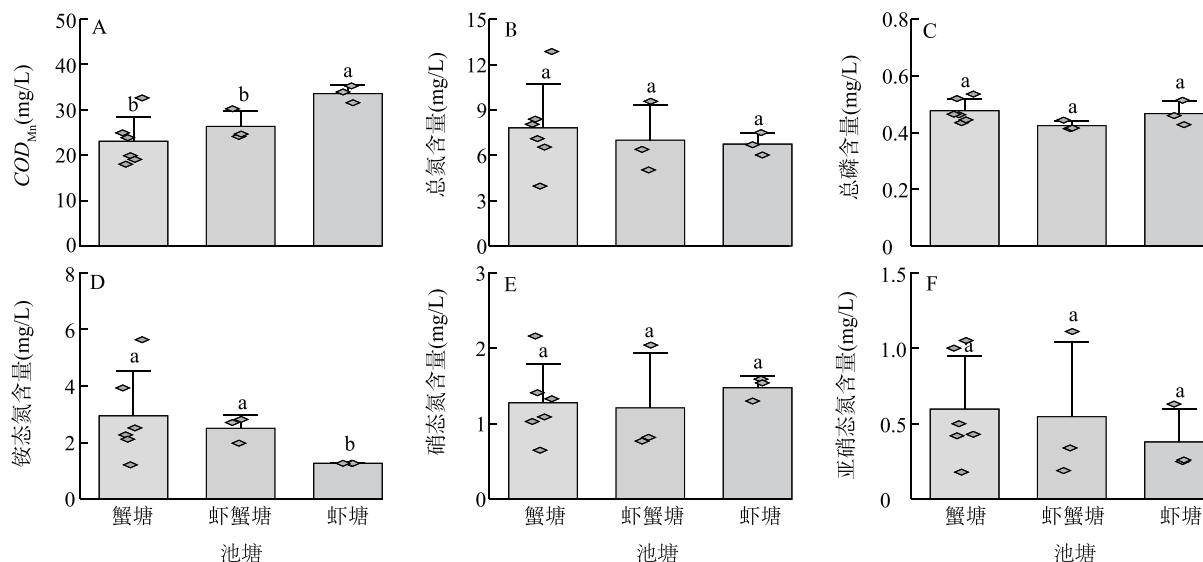
从图2A可知,中华绒螯蟹单养塘、青虾+中华绒螯蟹混养塘、青虾单养塘水体高锰酸盐指数(COD_{Mn})分别为23.08 mg/L、26.36 mg/L、33.61

mg/L。参照江苏省地方标准DB32/4043-2021《池塘养殖尾水排放标准》中淡水接纳水域二级排放限值($COD_{Mn} \leq 25.00$ mg/L),仅中华绒螯蟹单养塘尾水高锰酸盐指数达标,混养塘与青虾单养塘均存在超标现象,究其原因,可能与养殖过程中投饵量偏大有关,过量残饵、养殖生物代谢排泄物不断积累,加之水体中动植物残体的腐败分解,使水体还原性有机物含量升高,最终导致高锰酸盐指数偏高。从图2B和图2C可知,中华绒螯蟹单养塘、青虾+中华绒螯蟹混养塘、青虾单养塘总氮含量分别为7.81 mg/L、6.99 mg/L、6.74 mg/L,略高于上述池塘养殖尾水排放标准(≤ 6.00 mg/L),无法直接排放;总磷含量分别为0.48 mg/L、0.42 mg/L、0.47 mg/L,均符合上述池塘养殖尾水排放标准(≤ 0.80 mg/L)。从图2D、图2E和图2F可知,中华绒螯蟹单养塘、青虾+中华绒螯蟹混养塘、青虾单养塘水体铵态氮含量分别为2.95 mg/L、2.51 mg/L、1.27 mg/L,硝态氮含量分别为1.28 mg/L、1.21 mg/L、1.48 mg/L,亚硝态氮含量分别为0.60 mg/L、0.55 mg/L、0.38 mg/L,铵态氮含量、硝态氮含量和亚硝态氮含量在上述池塘养殖尾水标准中没有严格限制。

单因素方差分析结果显示,中华绒螯蟹单养塘与青虾单养塘水体 COD_{Mn} 存在显著差异($P < 0.05$)、青虾+中华绒螯蟹混养塘与青虾单养塘水体 COD_{Mn} 也存在显著差异($P < 0.05$),这表明不同养殖模式下

养殖水体中有机物的污染程度差异显著。中华绒螯蟹单养塘、青虾与中华绒螯蟹混养塘水体铵态氮含量显著高于青虾单养塘 ($P < 0.05$), 而水体总氮含

量、总磷含量、硝态氮含量和亚硝态氮含量在不同养殖模式池塘间没有显著差异 ($P > 0.05$), 说明养殖模式对这几项指标影响较小。



蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。 COD_{Mn} : 高锰酸盐指数。图柱上不同小写字母表示不同类型水产养殖池塘间差异显著 ($P < 0.05$)。

图 2 不同类型水产养殖池塘各采样点的水质指标

Fig.2 Water quality indicators at sampling sites in different types of aquaculture ponds

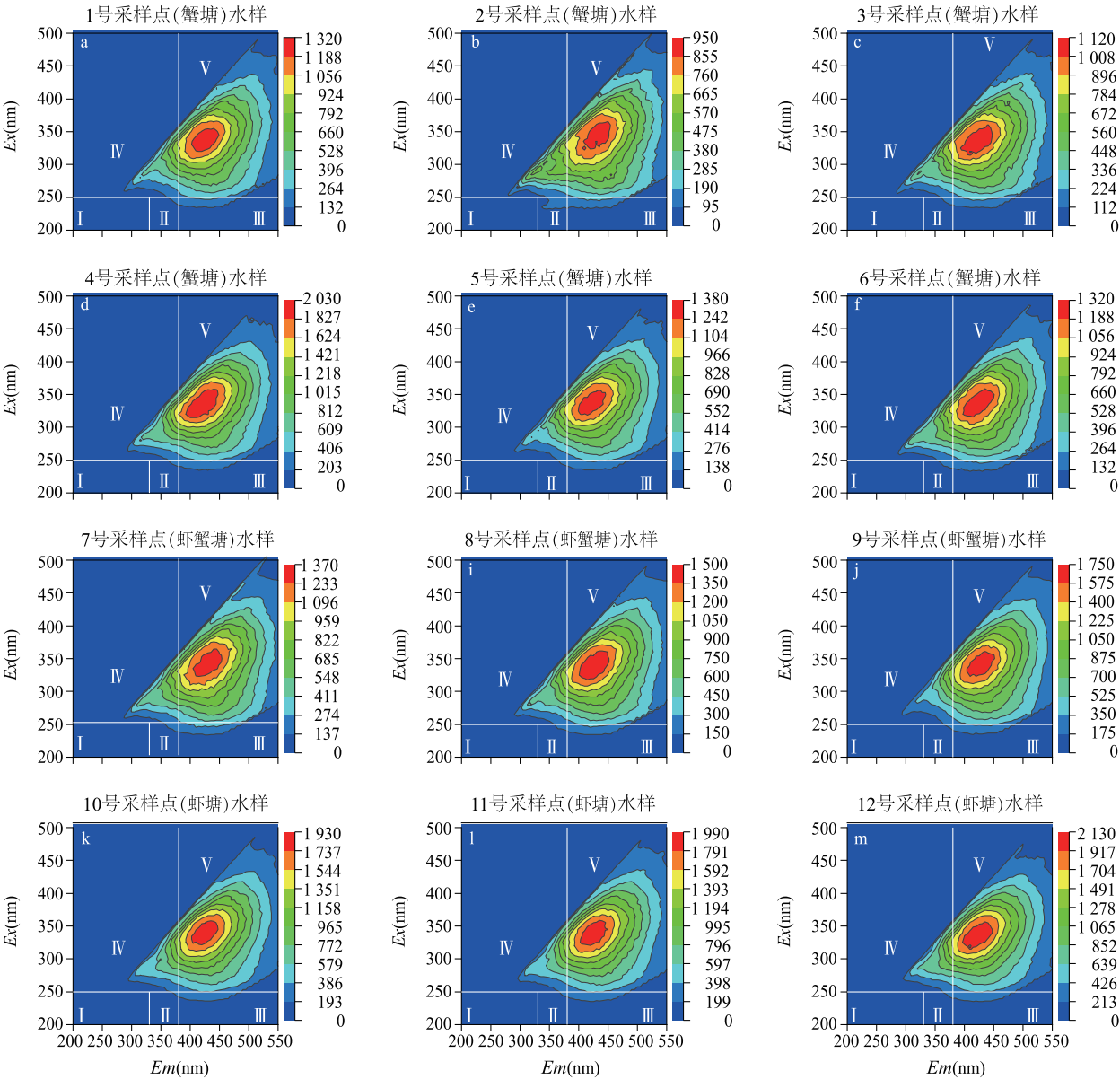
2.2 不同类型水产养殖池塘水体的三维荧光光谱

各采样点水体三维荧光光谱如图 3 所示。依据不同有机物组分的荧光光谱特征, 结合激发波长与发射波长范围, 对三维荧光图谱进行区域划分, 共划定 5 个荧光特征区域, 各分区具体波长范围如表 2 所示^[33]。荧光特征区域积分分析结果显示, 养殖池塘水体中区域Ⅳ(微生物代谢产物)和区域Ⅴ(类腐殖酸)的荧光组分在总荧光强度中占主导地位。这揭示微生物来源有机质和类腐殖质类是养殖水体中主要的有机质组分。具体而言, 中华绒螯蟹单养塘水体在区域Ⅳ和区域Ⅴ的荧光强度均为最高, 分别达到 1.3×10^3 和 2.2×10^3 ; 中华绒螯蟹与青虾混养塘水体在上述两个区域的荧光强度分别为 1.0×10^6 和 1.4×10^3 ; 青虾单养塘水体对应区域的荧光强度分别为 9.9×10^2 和 9.7×10^2 。基于荧光强度与区域面积的均一化处理, 3 种养殖模式池塘水体在区域Ⅳ的平均荧光占比分别为 32.0%、36.0% 和 36.2%; 而在区域Ⅴ中, 其对应的占比分别为 46.7%、36.0% 和 36.2%。上述研究结果表明, 中华绒螯蟹单养塘水体中溶解性有机质(DOM)以稳定性较强且贡献率较高的类腐殖质组分为主; 相比之下, 中华绒螯蟹与青虾混养塘、青虾单养塘水体中溶解性有机质则表现出更高比例的活性

微生物代谢产物特征。这种组分结构的差异主要归因于不同养殖模式下生物习性、投喂策略和池塘底质环境的异质性。

2.3 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落

2.3.1 操作分类单元(OTU) 经测序鉴定, 12 个养殖池塘水样的 OTU 总数为 7 058 个。利用 Venn 图对不同养殖模式下的微生物群落进行对比分析, 结果(图 4)显示, 中华绒螯蟹单养塘、中华绒螯蟹与青虾混养塘及青虾单养塘水体中 OTU 数分别是 2 620 个、2 496 个和 1 942 个, 其中, 3 种养殖模式池塘水体中所共有 OTU 为 1 021 个(占总量的 26.48%), 构成各组间占比最大的部分。这表明共有的 OTU 可能是池塘生态系统的核心微生物组, 在维持池塘基础生态功能中发挥重要作用。中华绒螯蟹单养塘、中华绒螯蟹与青虾混养塘及青虾单养塘水体中特有 OTU 数量分别为 664 个(17.22%)、560 个(14.53%) 和 449 个(11.65%)。这些不同养殖模式下水体中特有微生物类群, 其形成可能主要由两方面因素驱动: 一是不同养殖品种的代谢排泄物特征差异; 二是各模式下的特定养殖管理措施(如投喂策略、水质调节等)。



蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。Ex: 激发波长; Em: 发射波长。I、II、III、IV、V 见表 2。

图 3 各采样点水样的三维荧光光谱图

Fig.3 Three-dimensional fluorescence spectra of water samples collected at different sampling points

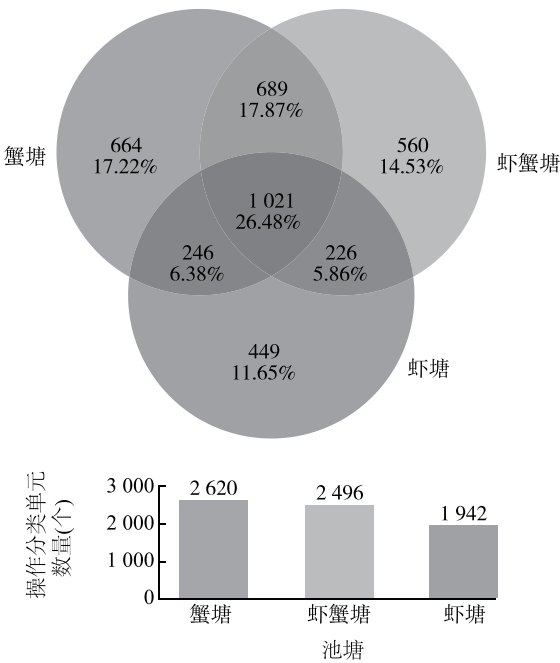
表 2 三维荧光光谱区域积分划分范围

Table 2 Division range of three-dimensional fluorescence spectrum regional integration

区域	有机物类型	激发波长 (nm)	发射波长 (nm)
I	类酪氨酸	200~250	200~330
II	类色氨酸	200~250	330~380
III	类富里酸	200~250	380~550
IV	微生物代谢产物	250~500	200~380
V	类腐殖酸	250~500	380~550

2.3.2 α 多样性 不同类型水产养殖池塘水体微生物的 α 多样性指数分析结果如表 3 所示。观测物种数(Sobs)和 Ace 丰富度指数常用于衡量物种丰富度,其数值越大,表示物种丰富度越高。本研究中观测物种数按从大到小排序为中华绒螯蟹与青虾混养塘(42.00)>中华绒螯蟹单养塘(33.33)>青虾单养塘(29.33);Ace 丰富度指数也呈现出相同的趋势,表明混养塘水体中物种丰富度最高。通常较高的 Shannon 值与较低的 Simpson 值可反映更高的物种

多样性,本研究结合 Shannon 指数与 Simpson 指数对群落多样性进行评估,结果发现,中华绒螯蟹单养塘水体中微生物群落 Shannon 指数(1.81)低于中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物群落(1.95)及青虾单养塘水体中微生物群落(1.92),中华绒螯蟹单养塘水体中微生物群落 Simpson 指数(0.21)则高于中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物群落(0.20)及青虾单养塘水体中微生物群落(0.19)。中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物群落 Chao1 指数为 44.12,高于中华绒螯蟹单养塘(34.58)和青虾单养塘(33.00),说明虾蟹混养模式有助于提升养殖池塘水体中微生物物种丰富度。综上,中华绒螯蟹与青虾混养塘在物种丰富度(Sobs 指数和 Ace 指数)和综合多样性(Shannon 指数)方面均表现出优于单一养殖模式池塘。此外,通过对不同养殖池塘水体中微生物群落 α 多样性指数进行单因素方差分析(ANOVA),结果(表 4)显示,各养殖池塘间水体中微生物群落 α 多样性均未达到统计学上的显著性差异($P>0.050$)。



蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。
图 4 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落 OTU 的 Venn 图
Fig.4 Venn diagram of operational taxonomic units (OTUs) of microbial communities in water from different types of aquaculture ponds

表 3 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落 α 多样性指数

Table 3 α diversity indices of microbial communities in water from different types of aquaculture ponds

α 多样性指数	池塘		
	中华绒螯蟹单养塘	中华绒螯蟹与青虾混养塘	青虾单养塘
观测物种数(Sobs)	33.33±5.28	42.00±8.54	29.33±3.21
香农多样性指数(Shannon)	1.81±0.09	1.95±0.04	1.92±0.04
辛普森多样性指数(Simpson)	0.21±0.02	0.20±0.03	0.19±0.02
Chao1 丰富度指数	34.58±5.86	44.12±8.48	33.00±8.66
Ace 丰富度指数	36.64±5.39	44.99±8.72	31.66±4.68

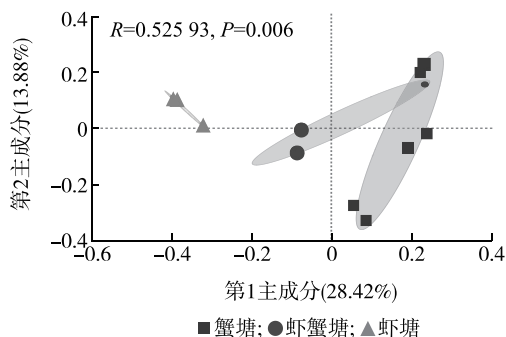
表 4 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落 α 多样性指数的差异显著性

Table 4 Significance of differences in α diversity indices of microbial communities in water from different types of aquaculture ponds

α 多样性指数	差异显著性(P)		
	蟹塘与虾蟹塘	蟹塘与虾塘	虾蟹塘与虾塘
观测物种数(Sobs)	0.096	0.275	0.074
香农多样性指数(Shannon)	0.054	0.112	0.406
辛普森多样性指数(Simpson)	0.827	0.494	0.763
Chao1 丰富度指数	0.085	0.751	0.187
Ace 丰富度指数	0.113	0.218	0.080

蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。

2.3.3 β 多样性分析 本研究采用主成分分析 (PCoA) 以评估不同养殖模式池塘之间水体中微生物群落的差异性。基于布雷-柯蒂斯 (Bray-Curtis) 距离矩阵的 PCoA 结果如图 5 所示。第 1 主成分 (PC1) 和第 2 主成分 (PC2) 分别解释了 28.42% 和 13.88%。从图 5 可见,青虾单养塘水体中微生物群落呈现高度集中且紧密的聚类(主要位于第一象限),与另外 2 种养殖模式池塘水体中微生物群落分布显著分离。中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘的样本点的分布相对分散,表明其微生物群落内部异质性较高。组间相似性分析结果显示,相似性分析统计量 (R) 与显著性水平 (P) 分别为 0.525 9 和 0.006 0,这表明 3 种养殖模式池塘水体中微生物群落结构存在统计学上的显著差异。具体而言,2 种单养模式之间水体中微生物群落结构差异更显著,中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物群落表现出过渡特征,其分布介于中华绒螯蟹单养塘及青虾单养塘之间,但与中华绒螯蟹单养塘存在部分重叠,且在整体上更接近中华绒螯蟹单养塘。这一现象可能归因于混养模式下水体中微生物群落结构受到 2 种养殖品种的共同影响,且中华绒螯蟹对水体中微生物群落结构产生主导作用。



蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。 R : 相似性分析统计量; P : 显著性水平。

图 5 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落主成分分析 (PCoA)

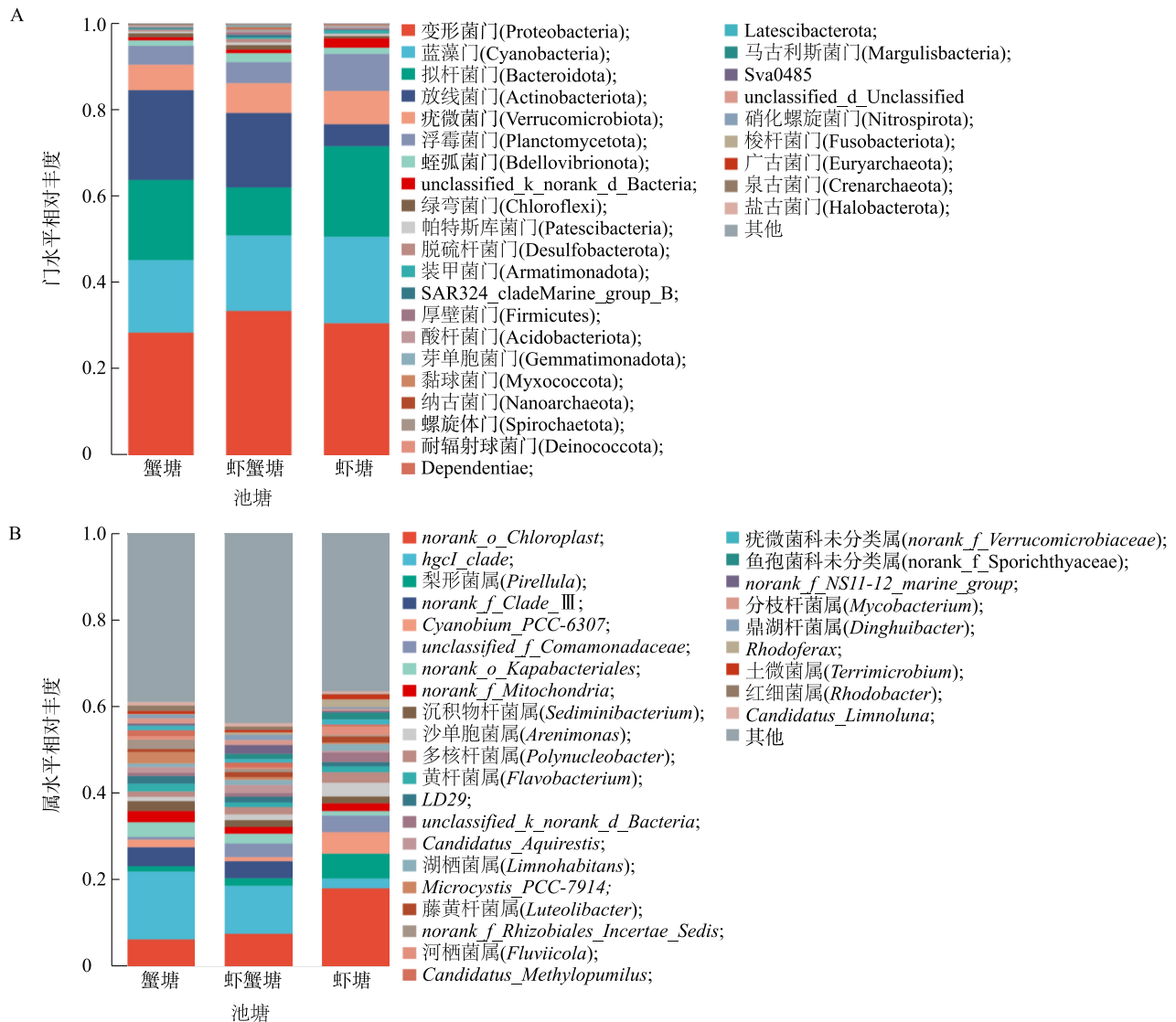
Fig.5 Principal component analysis (PCoA) of microbial communities in water from different types of aquaculture ponds

2.3.4 微生物群落组成 不同类型水产养殖池塘水体在门和属水平上微生物群落组成如图 6 所示。在门水平上,中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘水体中微生物群落组成具有相似性,优势类群均为

变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、蓝藻门 (Cyanobacteria) 和放线菌门 (Actinobacteriota) 等细菌。与之相比,青虾单养塘水体在门水平上微生物群落结构存在一定差异,其蓝藻门细菌相对丰度较高,而放线菌门细菌相对丰度较低;此外,疣微菌门 (Verrucomicrobiota) 和浮霉菌门 (Planctomycetota) 等低丰度细菌门在青虾单养塘水体中占比较高。属分类水平上,青虾单养塘水体中 *norank_o_Chloroplast* 属和梨形菌属 (*Pirellula*) 细菌的相对丰度明显高于中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘,而 *hgcl_clade* 属细菌的相对丰度则显著低于另外 2 种养殖模式。

2.3.5 微生物群落与环境因子的相关性 基于曼特尔检验 (Mantel 检验) 的微生物群落-环境因子相关性分析结果 (图 7A) 显示,总氮含量与铵态氮含量、硝态氮含量、总磷含量均呈显著正相关 ($r > 0.650, P < 0.05$)。在中华绒螯蟹单养塘水体中,属水平的微生物群落与所有环境因子呈正相关,其中与铵态氮含量 ($r = 0.593, P = 0.021$) 达到显著水平,表明铵态氮是影响蟹塘水体中微生物群落结构的关键环境因子。中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中属水平微生物群落与总氮含量、硝态氮含量和亚硝态氮含量呈正相关,与其他环境因子呈负相关;青虾单养塘水体中属水平微生物群落与铵态氮含量、硝态氮含量和亚硝态氮含量呈正相关,与其他环境因子呈负相关。以上研究结果表明,这些氮素形态不仅是维持微生物生长的关键营养物质,也是群落内 (特别是硝化细菌) 活跃代谢过程的重要产物。

属水平微生物群落与环境因子的相关性分析结果 (图 7B) 表明,高锰酸盐指数 (COD_{Mn})、铵态氮含量、总氮含量、亚硝态氮含量和硝态氮含量是驱动池塘水体中微生物群落结构变化的关键因子,这些指标综合反映了养殖系统的有机负荷状态和氮素循环特征。不同微生物对有机质表现出差异性响应:土微菌属 (*Terrimicrobium*) 细菌与 COD_{Mn} 呈极显著正相关 ($P < 0.010$);梨形菌属 (*Pirellula*) 细菌与 COD_{Mn} 呈显著正相关 ($P < 0.050$),推测这两个菌属细菌主要参与了养殖池塘中有机物的降解过程;相反,河栖菌属 (*Fluviicola*)、*Cyanobium_PCC-6307* 和红育菌属 (*Rhodoferrax*) 细菌分别与 COD_{Mn} 呈显著或极显著负相关 ($P < 0.050, P < 0.010$),表明其生长可能受到了水体高有机负荷的抑制作用。进一步分析发现,不



A: 门水平; B: 属水平。蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。

图 6 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落组成

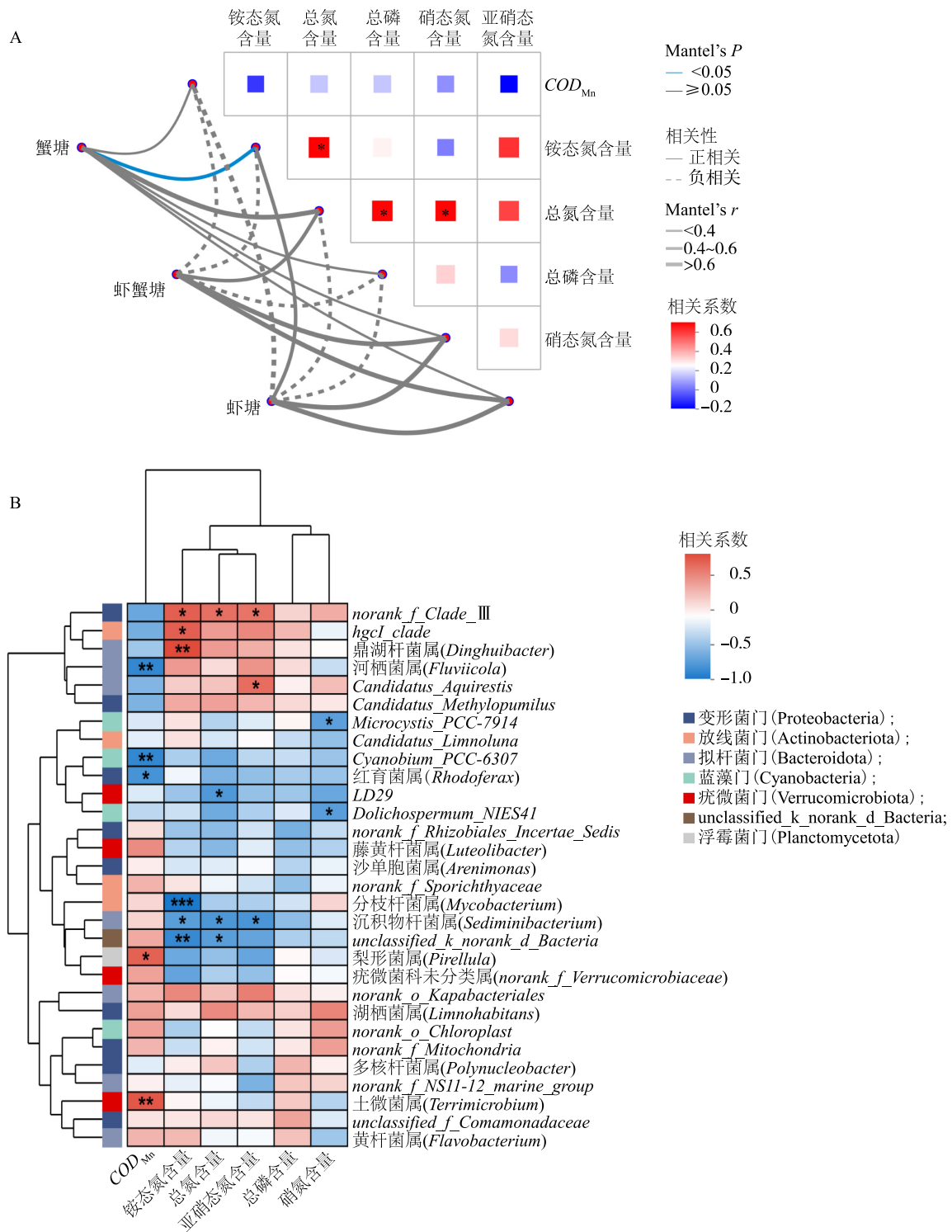
Fig.6 Microbial community composition in water from different types of aquaculture ponds

同微生物对氮素也表现出差异化的响应模式。*Norank_f_Clade_III* 与铵态氮含量、总氮含量和亚硝态氮含量均呈显著正相关 ($P < 0.050$), 而沉积物杆菌属 (*Sediminibacterium*) 细菌则与上述因子呈显著负相关 ($P < 0.050$), 表明较高的氮负荷环境能有效富集前者, 同时对后者产生抑制作用。铵态氮含量升高极显著抑制了分枝杆菌属 (*Mycobacterium*) 细菌的生长 ($P < 0.001$), 却促进了鼎湖杆菌属 (*Dinghuibacter*) 细菌的极显著增殖 ($P < 0.010$); 此外, 总氮含量高可显著抑制 *LD29* 和 *unclassified_k_norank_d_Bacteria* 属细菌的增殖 ($P < 0.050$)。由此可见, 通过

合理调控养殖水体的 COD_{Mn} 和氮素水平, 能够定向干预水体中微生物群落的演替方向, 从而为改善养殖池塘水质以及推动水产养殖业健康发展提供微生态调控策略。

3 讨论

本研究以南京市溧水区水晶村中华绒螯蟹单养、青虾单养及中华绒螯蟹与青虾混养 3 种养殖模式池塘为研究对象, 采集水样进行水质指标检测, 并结合高通量测序技术深入解析各池塘水体中细菌群落的组成及其结构特征。水质指标的分析结果显



A: MANTEL 分析; B: 属水平群落的相关性分析。 COD_{Mn} : 高锰酸盐指数; P : 显著性; r : 相关系数; * 表示相关性达显著水平 ($P < 0.050$); ** 表示相关性达极显著水平 ($P < 0.010$); *** 表示相关性达极显著水平 ($P < 0.001$)。蟹塘、虾蟹塘、虾塘见图 1 注。

图 7 不同类型水产养殖池塘水体中微生物群落与环境因子的相关性分析结果

Fig.7 Correlation analysis between microbial communities and environmental factors in water from different types of aquaculture ponds

示,青虾单养塘水体铵态氮含量显著低于另外 2 种 养殖模式池塘 ($P < 0.05$),表明青虾单养塘水体中氮

转化效率高于中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘。其驱动机制可能与水体中光合微生物群落的差异有关:青虾单养塘水体中蓝藻门(*Cyanobacteria*)细菌及 *norank_o_Chloroplast* 属细菌的相对丰度更高,这类微生物通过光合作用释放氧气,为好氧硝化菌提供了充足的溶解氧,从而促进了铵态氮向硝酸盐的转化,强化了硝化作用过程。Qin 等^[34]的研究结果也证实,蓝藻门细菌的生长有助于提升系统内光合产氧效率,并可有效同化水体中的铵态氮。同时,相较于中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘,青虾单养塘水体中浮霉菌门(*Planctomycetota*)细菌和梨形菌属(*Pirellula*)细菌相对丰度显著提升。浮霉菌门细菌是介导厌氧氨氧化过程的核心微生物,因此推测青虾单养塘内厌氧氨氧化作用具有较强潜在活性,可通过该途径将水体中铵态氮与亚硝态氮直接转化为氮气,进而促进池塘水体中氮素去除。Du 等^[35]和 Witkabel 等^[36]的研究结果均证实,浮霉菌门(*Planctomycetota*)细菌是厌氧氨氧化的主要菌群,可以直接将亚硝酸盐还原,是水体中氮素去除的重要途径。本研究还发现,青虾单养塘高锰酸盐指数(COD_{Mn})显著高于中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘,其原因可能与青虾单养塘水体中蓝藻门(*Cyanobacteria*)细菌的大量繁殖有关:蓝藻的大量增殖会向水体持续输入内源性有机物,且其死亡降解后细胞裂解释放的胞内物质,会进一步导致水体 COD_{Mn} 大幅提升。除此之外,拟杆菌门(*Bacteroidota*)和放线菌门(*Actinobacteriota*)细菌作为水环境中的关键异养菌群,可在复杂有机物的降解中发挥重要作用。本研究发现,相较于中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘,青虾单养塘水体中放线菌门细菌相对丰度显著下降,且典型的放线菌 *hgcI* clade 属占比也较低。这表明青虾单养塘水体中微生物群落的有机物分解能力受限,导致水体中有机物降解效率不足。这一结论与前人研究结果一致,Xue 等^[37]的研究结果表明,拟杆菌门细菌在降解复杂有机物过程中扮演重要角色。Wang 等^[38]在研究不同有机碳条件下微藻-细菌颗粒污泥的形态调控和污染物去除性能时,同样发现拟杆菌门和放线菌门细菌在降解复杂有机物中扮演核心角色。另一方面,中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物物种丰富度和多样性高于另外两种单养模式池塘,这可能是由于虾蟹混养模式形成了更为多元的生态位结构,同

时输入类型更丰富的营养物质,可为更广泛的微生物类群提供适宜生存环境,进而有利于提升养殖池塘水体生态系统稳定性^[39]。由此可见,3 种养殖模式可明显影响水体微生物群落结构演替,最终造成不同养殖模式池塘水体碳、氮代谢功能效率产生差异。

三维荧光光谱分析结果表明,3 种养殖系统的溶解性有机物(DOM)中,溶解性微生物代谢产物和类腐殖酸类组分均表现出显著的累积效应。这一结论与现有研究结果相一致,刘玮^[40]通过对循环水养殖系统 DOM 的三维荧光分析发现,微生物代谢产物的荧光强度会随饲料的投入而增加。Ye 等^[41]在对虾养殖废水中同样检测到溶解性微生物代谢产物及类腐殖酸类物质富集。类腐殖酸物质主要来源于浮游植物与微生物残体的降解,是一类具有大相对分子量、强疏水性及高结构稳定性的复杂有机分子。此类物质在水体中持续积累,不仅能够络合环境中的金属离子,还可作为特定藻类和异养菌的营养源,改变水体微生物生态平衡,进而对养殖动物产生直接或间接的毒性胁迫^[42]。三维荧光分析不仅可有效评价养殖水体有机污染物水平,解析水体 DOM 的来源与组分结构变化,同时可为养殖池塘有机质管控提供理论依据,有助于缓解有机物累积引发的水质恶化与生态失衡风险。具体治理措施可从以下三个方面开展:一是源头控制,需推行精准投喂模式并选用高品质饲料,从根本上削减残饵、粪便等有机污染物的输入量^[43]。二是过程干预,采用微孔底部增氧技术打破池底的局部厌氧环境,促进有机物的彻底氧化分解,同时抑制有毒物质的产生;定期使用生物或化学底质改良剂,直接降解沉积的有机废物^[44]。三是生态修复,通过定期向水体补充芽孢杆菌、光合细菌等有益微生物调控微生态,既能强化水体自身的自净能力,又能通过与有害菌及有害藻类竞争作用抑制其生长繁殖^[45-46]。上述各项措施协同作用,旨在将易滋生毒素的厌氧养殖环境转化为好氧分解能力强、物质循环通畅的健康养殖生态系统,进而稳定养殖水体水质,保障养殖动物健康。

受限于养殖末期(11月)的单次采样设计,本研究存在一定的局限性。该阶段的样本虽在评估养殖活动造成的累积生态效应方面具有独特优势,但其结果并不能全面反映养殖高峰期(如夏季高温、高投喂时期)的水质动态和微生物活性。因此,未来

的研究有必要纳入多季节的连续监测,以便更全面地评估不同养殖模式在整个生产周期内的环境生态效应。

4 结 论

本研究结果表明,青虾单养塘具备更突出的氮转化效率,而3类养殖模式池塘水体均显著富集微生物代谢产物与类腐殖酸。微生物群落分析发现,中华绒螯蟹与青虾混养塘水体中微生物 α 多样性高于单养塘。高锰酸盐指数(COD_{Mn})及氮素是驱动微生物群落演替的核心环境因子,致使中华绒螯蟹单养塘及其与青虾混养塘水体中以 *hgcI* clade 属细菌为核心,青虾单养塘以 *norank_o_Chloroplast* 为优势菌属。综上,养殖水体碳氮水平直接决定了水体中微生态结构。通过监测与调控特定水体中微生物群落,不仅能实现水质恶化预警,还能为有益菌群筛选与生物修复奠定基础,为实现减药增效、精准养殖与水产业的绿色可持续发展提供新路径。

参考文献:

- [1] GARLOCK T M, ASCHE F, ANDERSON J L, et al. Environmental, economic, and social sustainability in aquaculture: the aquaculture performance indicators [J]. *Nature Communications*, 2024, 15:5274.
- [2] CRAB R, DEFOIRD T, BOSSIER P, et al. Biofloc technology in aquaculture: beneficial effects and future challenges [J]. *Aquaculture*, 2012, 356:351-356.
- [3] DAUDA A B, AJADI A, TOLA-FABUNMI A S, et al. Waste production in aquaculture: sources, components and managements in different culture systems [J]. *Aquaculture and Fisheries*, 2019, 4(3):81-88.
- [4] LI L P, JIAO X Y, PENG S, et al. Exploring the variations in molecular characteristics of dissolved organic matter driven by aquaculture types [J]. *Water Research*, 2024, 266:122355.
- [5] CHARY K, JAEGER C, JANSEN H M, et al. Evaluating nutrient circularity in integrated aquaculture systems: criteria and indicators [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2025, 504:145414.
- [6] RAI N, KACHORE A, JULKA J M, et al. Biochar-based technologies for sustainable aquaculture: a review of synthesis, properties, and application in water quality improvement and nutrient management [J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2025, 71:107338.
- [7] TANG Y T, JU C X, MEI R G, et al. Exploring the optimal integrated multi-trophic aquaculture (IMTA) patterns benefiting culture animals and natural water environment [J]. *Aquaculture*, 2024, 589:741011.
- [8] LIU Z G, IQBAL M, ZENG Z B, et al. Comparative analysis of microbial community structure in the ponds with different aquaculture model and fish by high-throughput sequencing [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2020, 142:104101.
- [9] 王 丽, 孙世萍, 郑亚玲. 不同品种池塘养殖水质变化分析与比较 [J]. *新疆农业科技*, 2023, 45(2):40-42.
- [10] 徐嘉波, 刘永士, 施永海, 等. 淡水池塘不同养殖品种养殖尾水排放周期内的水质动态变化 [J]. *渔业现代化*, 2023, 50(1):26-33.
- [11] 吴会民, 姜巨峰, 李春艳, 等. 三种不同养殖品种池塘水质变化特征分析及比较 [J]. *淡水渔业*, 2016, 46(2):82-86.
- [12] 赵登仁. 水产养殖中的水质污染问题及防控措施 [J]. *农村科学实验*, 2024(18):151-153.
- [13] ANI J S, MANYALA J O, MASESE F O, et al. Effect of stocking density on growth performance of monosex Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) in the aquaponic system integrated with lettuce (*Lactuca sativa*) [J]. *Aquaculture and Fisheries*, 2022, 7(3):328-335.
- [14] 阮成旭, 吴德峰, 袁重桂. 温度对大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 幼鱼生长和养殖水质的影响 [J]. *广州大学学报(自然科学版)*, 2013, 12(2):36-39.
- [15] 李 赫, 胡宗云, 肖祖国, 等. 稻田混养异育银鲫对稻蟹综合种养系统微生物群落结构的影响 [J]. *渔业研究*, 2025, 47(2):138-151.
- [16] AN S Q, LI J X, DU J Y, et al. Coupled nitrogen and phosphorus cycles mediated by coordinated variations of functional microbes in industrial recirculating aquaculture system [J]. *Water Research*, 2025, 280:123726.
- [17] DENG M, HOU J, SONG K, et al. Community metagenomic assembly reveals microbes that contribute to the vertical stratification of nitrogen cycling in an aquaculture pond [J]. *Aquaculture*, 2020, 520:734911.
- [18] FENG Y, LU Y, CHEN Y S, et al. Microbial community structure and antibiotic resistance profiles in sediments with long-term aquaculture history [J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 341:118052.
- [19] MARTÍNEZ-CÓRDOVA L R, EMERENCIANO M, MIRANDA-BAEZA A, et al. Microbial-based systems for aquaculture of fish and shrimp: an updated review [J]. *Reviews in Aquaculture*, 2015, 7(2):131-148.
- [20] 孙 超, 屈忠义, 余鑫瑞, 等. 稻田-虾塘循环模式对其水质及水体微生物群落的影响 [J]. *农业环境科学学报*, 2025, 44(9):2362-2373.
- [21] YI Y J, LIN C Q, WANG W J, et al. Habitat and seasonal variations in bacterial community structure and diversity in sediments of a shallow lake [J]. *Ecological Indicators*, 2021, 120:106959.
- [22] CHEN N, WANG L Q, ZHAO Z, et al. Impacts of aquaculture on nitrogen cycling and microbial community dynamics in coastal tidal flats [J]. *Environmental Research*, 2025, 270:120973.
- [23] LIU Z T, WANG P D, LI J L, et al. Comparative metagenomic analysis of microbial community compositions and functions in cage

- aquaculture and its nearby non-aquaculture environments [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15:1398005.
- [24] 汤金伟,黄冲,李肖凡,等. 水产养殖微生物研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2024, 52(9):8-11, 29.
- [25] 王晓凡,蔡月凤,张宇,等. 虾蟹混养池塘中微生物群落结构及抗性基因[J]. *江苏海洋大学学报(自然科学版)*, 2023, 32(2):7-18.
- [26] NING K, JI L, ZHANG L, et al. Is rice-crayfish co-culture a better aquaculture model; From the perspective of antibiotic resistance profiles[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 292:118450.
- [27] 彭广霞. 2022 年南京市溧水区河蟹养殖调查[J]. *水产养殖*, 2023, 44(3):71-72.
- [28] 郑珊珊,刘东萍,谢晓琳,等. 莫莫格自然保护区水体 DOM 组成及其水质关联性[J]. *中国环境科学*, 2025, 45(2):1016-1026.
- [29] 石晓理. 凡纳滨对虾养殖池塘水质对浮游植物和表层底泥微生物多样性影响研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2024.
- [30] YU Y, JIA H, GAO F, et al. Spectral fusion-based machine learning classifiers for discriminating membrane breakage in multiple scenarios[J]. *Water Research*, 2024, 257:121714.
- [31] HUAN J, YUAN J L, XU X G, et al. A new view into the characterization of dissolved organic matter composition in lakes and traceability studies[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 957:177620.
- [32] 杨臣强,杨瑞,于玉洁,等. 基于三维荧光光谱-平行因子分析及紫外-可见吸收光谱对制药污水不同处理工艺单元溶解性有机物特征分析[J]. *环境工程学报*, 2023, 17(10):3444-3453.
- [33] 辛慧宇. 三维荧光光谱多变量分析与消毒副物生成势相关性研究[D]. 西安:西安建筑科技大学, 2021.
- [34] QIN L N, LIN Z Y, KONG W H, et al. Resilience of microalgal-bacterial biofilm for saline wastewater treatment under sulfamethoxazole stress: insights from microbial physiological and ecological responses[J]. *Bioresource Technology*, 2025, 436:133019.
- [35] DU H F, WANG X L, LIU X R, et al. Cross-scale synergistic detoxification mechanisms of electric field in alleviating the inhibitory effects of oxytetracycline on anammox consortia[J]. *Water Research*, 2026, 289:124955.
- [36] WITKABEL P, ABENDROTH C. A systematic literature review of microbial anammox consortia in UASB/EGSB-reactors[J]. *Chemosphere*, 2024, 367:143630.
- [37] XUE X, LU X X, WANG Y, et al. Effects of an electromagnetic field-enhanced vertical flow constructed wetland on rural domestic wastewater treatment: removal performance, microbial community characterization, and metabolism processes[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2025, 13(5):117953.
- [38] WANG C Y, LI A J, JI B. Stirring speed optimization for improved microalgal-bacterial granular sludge morphology and performance in complex organic wastewater treatment[J]. *Bioresource Technology*, 2025, 438:133187.
- [39] 刘慧玲,柴欣如,许文军,等. 缢蛏对虾-蟹混养池塘底质微生物数量和活性的影响[J]. *浙江海洋大学学报(自然科学版)*, 2023, 42(1):50-56.
- [40] 刘玮. 利用三维荧光光谱法分析循环水养殖系统中的溶解有机质[D]. 重庆:重庆工商大学, 2023.
- [41] YE T Y, LI M X, AYITTEY D M, et al. Spatiotemporal dynamics of algal-microbial interactions in a membrane photobioreactor for integrated nutrient remediation and microalgal resource recovery from shrimp aquaculture wastewater[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2025, 221:109793.
- [42] 刘阳,张磊. 两种海源可溶性有机物对汞在沉积物中吸附特性的影响[J]. *环境化学*, 2015, 34(2):247-253.
- [43] 高叶玲,刘颖,褚海艳,等. 降低人工饲养和饲料对水产养殖水体影响的措施[J]. *中国饲料*, 2021(4):12-15.
- [44] 杨坤,胡星明,卢文轩. 巢湖流域水产养殖尾水水质分析与评价[J]. *生物学杂志*, 2023, 40(1):85-90.
- [45] 张维娜,于丹,高亮,等. 高效微生物菌剂对河蟹养殖池塘水体的调控作用研究[J]. *安徽农业科学*, 2019, 47(1):83-86, 95.
- [46] 董晓庆,陈铭,唐治博,等. 复合微生物菌剂在池塘养殖水质调控上的应用及研究进展[J]. *中国农学通报*, 2025, 41(15):148-153.

(责任编辑:黄克玲)