

吕孙建,袁雪梅,张海琪,等. 凡纳滨对虾养殖期间水体及肠道菌群变化研究[J]. 江苏农业科学,2021,49(2):125-131.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.02.023

# 凡纳滨对虾养殖期间水体及肠道菌群变化研究

吕孙建<sup>1</sup>,袁雪梅<sup>1</sup>,张海琪<sup>1</sup>,刘莉<sup>2</sup>,于喆<sup>1</sup>,杭小英<sup>1</sup>,施伟达<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/浙江省淡水水产研究所,浙江湖州 313001;

2. 浙江省农业科学院水生生物研究所,浙江杭州 310021)

**摘要:**近年,由于凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)养殖业疾病频发,且病原种类复杂多样,对对虾养殖业造成巨大的影响,其中又以细菌病最为普遍及严重。以浙江某养殖场的 6 口养殖塘作为试验塘,在养殖至 20 d 后开始分别采用水质监测试剂盒及高通量测序等方法连续监测水质指标、水体及对虾肠道微生物群变化情况,从而了解在对虾疾病高发期水体和虾体中微生物群的动态规律。研究发现随着养殖时间延长,水体中的氨氮、硫化氢、钙离子、总氮和总磷等指标会出现显著上升。另外,养殖塘中的主要微生物群为蓝藻细菌纲和变形菌纲类细菌,且蓝藻细菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌微生物群到养殖后期数量显著上升;对虾肠道中的主要微生物群为  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌,在养殖中期有明显上升。本研究首次研究了在对虾疾病高发期水体和虾体中的主要微生物群种类,为后续病害防控技术研发提供一定的理论依据。

**关键词:**凡纳滨对虾;微生物群; $\gamma$ -变形菌纲;蓝藻细菌纲

**中图分类号:** S945.1<sup>+</sup>2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)02-0125-06

凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*),属于节肢动物门、甲壳纲、十足目、游泳亚目、对虾科、对虾属,是广温广盐性热带虾类。该虾具有个体大、生长快、营养需求低、抗病力强、产量高等优点,是集约化高产养殖的优良品种,也是目前世界上养殖产量最高的三大虾类之一<sup>[1-2]</sup>。近年来,由于高密度养殖盛行、药物滥用、养殖水体恶化和种质退化等原因,凡纳滨对虾养殖业疾病频发,且病原种类复杂多样,包括病毒类、细菌类、寄生虫类、真菌类和原动物类等,其中又以细菌病最为严重,如副溶血弧菌、霍乱弧菌、河流弧菌和其他细菌等条件致病性细菌均能导致对虾大量死亡<sup>[3-5]</sup>。

自然条件下,对虾养殖水体中的微生物群存在一定的动态平衡,病毒、细菌、寄生虫、真菌和原动物相互制约并保持水体的稳定,但由于外来物质,如过量饲料投喂、抗生素和化学药物的滥用<sup>[6-7]</sup>:一方面扰乱对虾的免疫系统,极大降低对虾

本身的免疫力;另一方面又导致水体营养成分失衡,水体和对虾肠道内的微生物群动态平衡紊乱,病原微生物大量增殖,有益微生物大量减少。因此,研究现有养殖环境下,水体和对虾肠道中微生物菌群的变化,对了解目前对虾细菌性疾病暴发的原因和后续防控技术的研发具有深远的意义。据已有的文献报道,目前关于凡纳滨对虾水体及肠道微生物群动态变化的研究较少,只有少量文章涉及这方面的研究。孙振丽对凡纳滨对虾肠道和水体中的微生物群进行检测,发现水和虾肠道中检测到的共有细菌属为 119 株,证明水体和肠道中细菌存在密切的相互作用<sup>[8]</sup>。宛立等通过分离纯化培养法,从健康凡纳滨对虾肠道中检测到 111 株细菌,但一些难以培养的优势菌种或低丰度菌种则检测不出,因此研究结果不能全面地反映凡纳滨对虾肠道微生物的种群数量及多样性<sup>[9]</sup>。李可和刘淮德分别用 16S rDNA 克隆文库法和变性梯度凝胶电泳(denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE)技术对凡纳滨对虾肠道菌群进行检测,均发现了 12 种细菌,其中李可发现厚壁细菌和变形细菌为对虾肠道的优势菌,各占 75.4% 和 24.6%<sup>[10-11]</sup>。

本研究拟用高通量测序技术对浙江某凡纳滨对虾养殖场进行连续监测,通过在凡纳滨对虾疾病高发期(养殖从 20 d 到 50 d 左右)连续监测水体和

收稿日期:2020-06-03

基金资助:浙江省科研院所扶持专项(编号:2020YSZX002、2020YSZX010)。

作者简介:吕孙建(1988—),男,浙江温州人,博士,助理研究员,主要从事水产动物病害防治。E-mail:lvsunjian@163.com。

通信作者:张海琪,硕士,正高级工程师,主要从事水产育种和病害防治。E-mail:zmk407@126.com。

对虾肠道中的微生物菌群,了解养殖期间微生物的动态变化,包括主要微生物种类的变化、各类微生物数量的波动情况,为后续细菌性疾病研究和相应防控产品研发提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 地点

本次研究以浙江某养殖场的 6 口凡纳滨对虾养殖塘为监测点,从养殖 20 d(7 月 11 日)开始采集样品并检测,每周采集 1 次样品,连续监测 5 周,至养殖 48 d 结束(8 月 8 日)。

1.2 方法

1.2.1 样品采集 监测塘口采集水样和对虾样品:采集每口养殖塘中心处底层水样 500 mL 并 4 ℃ 保存,用于水质检测和水体微生物菌群检测;随机采集每口养殖塘对虾 20 尾,−80 ℃ 保存,用于对虾菌群多样性检测。

1.2.2 水质检测 水质检测指标包括水温、溶解氧、pH 值、氨氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup> − N)、亚硝酸盐(NO<sub>2</sub><sup>−</sup> − N)、硫化氢(H<sub>2</sub>S)、总氮(TN)、总磷(TP)和钙离子(Ca<sup>2+</sup>),其中,水温、溶解氧和 pH 值采用美国哈希水质分析仪检测,剩余指标分别使用试剂 AmVerTM High Range Ammonia Reagent Set 2606945 (0 ~ 50 mg/L)、NitriVer3 亚硝酸盐试剂、硫化物试剂盒、Total Nitrogen Hydroxide Reagent Set 2671745 (0 ~ 25 mg/L)、Calcium Indicaator Solution for Low Range

Colorimetric Hardness Test 等进行检测。

1.2.3 水体和对虾肠道微生物菌群分析 取各塘口底层水样 50 mL,0.22 μm 滤膜过滤,收集滤膜于 −80 ℃ 保存;另将收集的对虾解剖后,取肠道于 −80 ℃ 保存。将样品送至上海生工生物科技有限公司进行核酸抽提、16S rDNA 建库和高通量测序。

1.2.4 数据统计及分析 对全部样品的 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,根据物种注释结果,选取每个样品在门、纲、目、科、属 5 个分类级别上最大丰度排名前 15 的物种,生成物种相对丰度柱形累加图。分别统计各养殖水体的所有样品中均存在的 OTU,并进行统计学分析。另水质数据采用“平均值 ± 标准差”表示,采用 SPSS 11.0 对试验数据进行统计分析,*P* < 0.05 时被认为具有显著性差异。

2 结果

2.1 水质指标变化

从养殖 20 d 开始,至养殖 48 d 为止,监测塘水温、pH 值、溶解氧、氨氮、亚硝酸盐、硫化氢、总氮、总磷、化学需氧量和钙离子等指标变化情况。由表 1 可知,水温变化区间为 25.8 ~ 29.7 ℃,平均水温 27.7 ℃;pH 值变化区间为 8.11 ~ 9.06,平均 pH 值 8.52;溶解氧浓度的变化区间为 4.30 ~ 10.89 mg/L,平均浓度为 8.93 mg/L。

表 1 凡纳滨对虾养殖水体水质变化情况

水质指标	养殖时间				
	20 d	27 d	34 d	41 d	48 d
水温(℃)	27.70 ± 0.41a	27.28 ± 0.97a	27.68 ± 0.79a	28.78 ± 1.05a	27.16 ± 0.8a
pH 值	8.71 ± 0.24a	8.57 ± 0.14a	8.31 ± 0.08a	8.32 ± 0.17a	8.57 ± 0.10a
溶解氧含量(mg/L)	9.56 ± 0.88a	9.21 ± 0.84a	8.70 ± 0.42a	7.17 ± 2.06b	10.01 ± 0.55c
NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> − N 含量(mg/L)	0.26 ± 0.11a	0.31 ± 0.13a	0.72 ± 0.16b	1.18 ± 0.20c	0.75 ± 0.14b
NO <sub>2</sub> <sup>−</sup> − N 含量(mg/L)	0.24 ± 0.07a	0.34 ± 0.07b	0.30 ± 0.10ab	0.30 ± 0.10ab	0.28 ± 0.09ab
H <sub>2</sub> S 含量(mg/L)	0.07 ± 0.03a	0.06 ± 0.03a	0.12 ± 0.04b	0.12 ± 0.04b	0.06 ± 0.03a
TP 含量(mg/L)	0.39 ± 0.17ab	0.36 ± 0.11a	0.42 ± 0.03b	0.43 ± 0.17b	0.52 ± 0.17c
TN 含量(mg/L)	3.20 ± 0.50a	2.28 ± 0.79b	4.64 ± 1.79c	4.90 ± 1.60c	3.40 ± 1.36a
Ca <sup>2+</sup> 浓度(mg/L)	6.10 ± 4.35a	6.22 ± 5.52a	17.58 ± 13.83b	31.44 ± 6.03c	30.20 ± 15.54c

注:同行数据后不同小写字母表示具有显著性差异(*P* < 0.05)。

另由表 1 可知,氨氮、硫化氢、钙离子和水体中的总氮和总磷随养殖时间增加出现明显上升:氨氮从养殖 20 d 时的 0.26 mg/L 升高至 41 d 时的 1.18 mg/L(*P* < 0.05),随后下降至 0.75 mg/L;硫

化氢从养殖 20 d 时的 0.07 mg/L 升高至 41 d 时的 0.12 mg/L(*P* < 0.05),随后下降至 0.06 mg/L;钙离子持续上升,从养殖 20 d 时的 6.10 mg/L 升高至 41 d 时的 31.44 mg/L(*P* < 0.05);总氮和总磷持续

上升,总磷从养殖 20 d 时的 0.39 mg/L 升高至 0.52 mg/L ( $P < 0.05$ );总氮也从 3.20 mg/L 升高至 4.90 mg/L ( $P < 0.05$ )。

## 2.2 水体微生物菌群变化

由图 1 可知,菌群分析结果显示,该监测点水体中的微生物分属于 53 纲,主要微生物菌群包括蓝藻

细菌纲、 $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲、 $\gamma$ -变形菌纲-弧菌、放线菌纲、酸微菌纲、绿藻纲、 $\Delta$ -变形菌纲、鞘脂杆菌纲、暖绳菌纲、黄杆菌纲和绿菌纲 12 个纲,整个监测周期内合计占总微生物群体的比例达到 79.62%,其他微生物占比 20.38%。

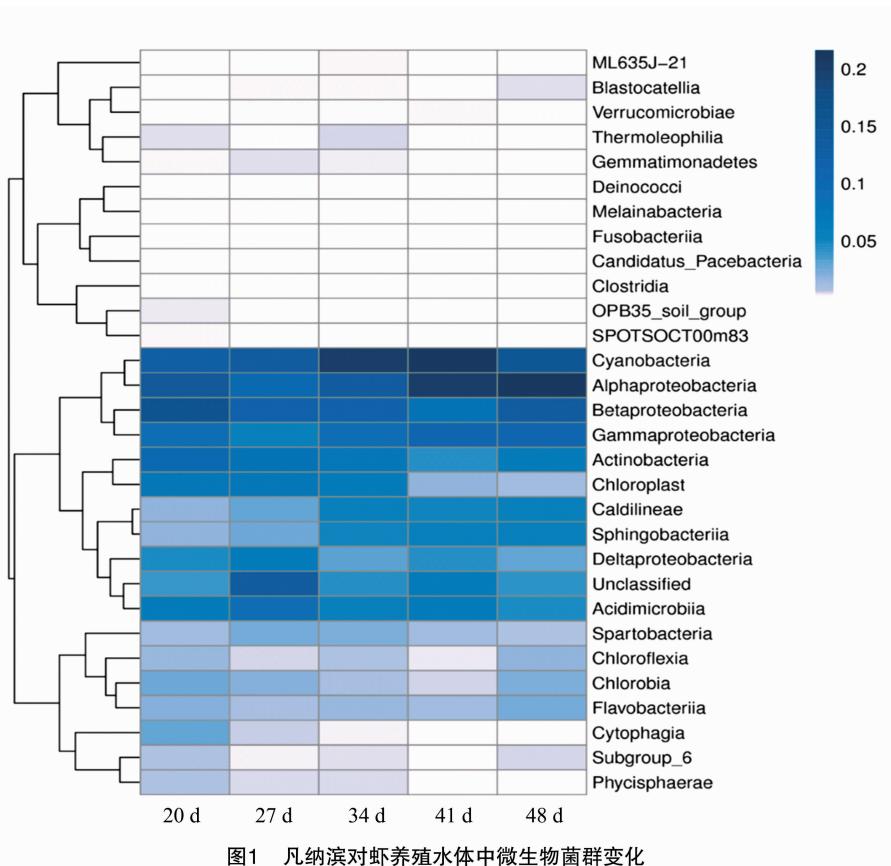


图1 凡纳滨对虾养殖水体中微生物菌群变化

由表 2 和图 2 可知,蓝藻细菌纲微生物占比最多,平均占比 17.72%,高峰时占比达 23.81%,其次为  $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲(弧菌科),占比分别达 12.23%、9.33% 和 7.98%。水体中蓝藻细菌纲、 $\gamma$ -变形菌纲-弧菌、暖绳菌纲、 $\Delta$ -变形菌纲和鞘脂杆菌纲微生物随着养殖时间推移,占比均有不同程度增加,其中,蓝藻细菌纲微生物群占比从养殖 20 d 时的 10.40% 上升至 41 d 时的 23.81%; $\gamma$ -变形菌纲-弧菌微生物群占比则从 7.43% 上升至 10.05%;暖绳菌纲微生物群占比从 1.25% 上升至 7.69%; $\Delta$ -变形菌纲微生物群占比从 2.79% 上升至 5.15%;鞘脂杆菌纲微生物群占比从 2.37% 上升至 6.84%。暖绳菌纲微生物群波动最大,其占比变化区间为 0.12% ~ 1.75%,最高值为最低值的 14.82 倍,其次分别为暖绳菌纲、鞘脂杆菌纲、黄杆菌纲、放线菌纲、绿藻纲、蓝藻纲、 $\beta$ -变形

菌纲、酸微菌纲、 $\Delta$ -变形菌纲和  $\alpha$ -变形菌纲,而  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌占比变化最小,其变化区间为 6.84% ~ 10.05%,最高值为最低值的 1.47 倍。

## 2.3 对虾肠道微生物菌群变化

由图 3 可知,该监测点对虾肠道中的微生物分属于 42 纲,主要微生物菌群包括  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌、杆菌纲、 $\beta$ -变形菌纲、黄杆菌纲、 $\alpha$ -变形菌纲、梭菌纲和蓝藻细菌纲 7 个纲的微生物群,合计占总微生物群体的比例达 80.62%,其他微生物占比 19.38%。

由表 3 和图 4 可知, $\gamma$ -变形菌纲-弧菌占比最多,平均占比 26.35%,高峰时占比达 46.24%,其次为杆菌纲和  $\beta$ -变形菌纲,占比分别达 15.28% 和 14.48%。对虾肠道中  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌、 $\alpha$ -变形菌纲和蓝藻细菌纲微生物随养殖时间推移,占比均有不同程度的增加,其中, $\gamma$ -变形菌纲-弧菌微

表 2 凡纳滨对虾养殖水体中微生物菌群变化

微生物群种类 (纲)	微生物菌群占比(%)					
	20 d	27 d	34 d	41 d	48 d	平均值
其他	20.05	21.83	19.17	18.46	22.39	20.38
蓝藻细菌纲	10.40	16.44	19.42	23.81	18.55	17.72
$\alpha$ 变形菌纲	15.21	11.78	11.72	12.20	10.22	12.23
$\beta$ 变形菌纲	12.43	10.62	9.25	6.50	7.83	9.33
$\gamma$ -变形菌纲-弧菌	7.43	7.21	6.84	10.05	8.36	7.98
放线菌纲	11.23	8.75	9.68	3.24	3.86	7.35
酸微菌纲	6.24	7.13	8.48	5.25	4.57	6.33
绿藻纲	7.27	7.07	4.02	3.00	3.52	4.98
暖绳菌纲	1.25	1.36	4.96	7.69	5.69	4.19
$\Delta$ -变形菌纲	2.79	4.55	3.34	4.13	5.15	3.99
鞘脂杆菌纲	2.37	1.17	2.54	3.61	6.84	3.31
黄杆菌纲	2.45	0.60	0.46	1.58	1.27	1.27
绿菌纲	0.88	1.49	0.12	0.48	1.75	0.94

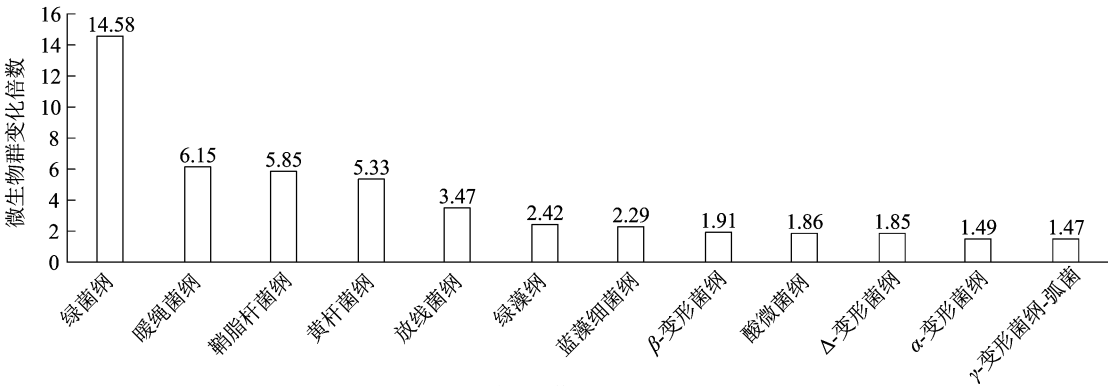


图2 凡纳滨对虾养殖水体中微生物菌群变化倍数

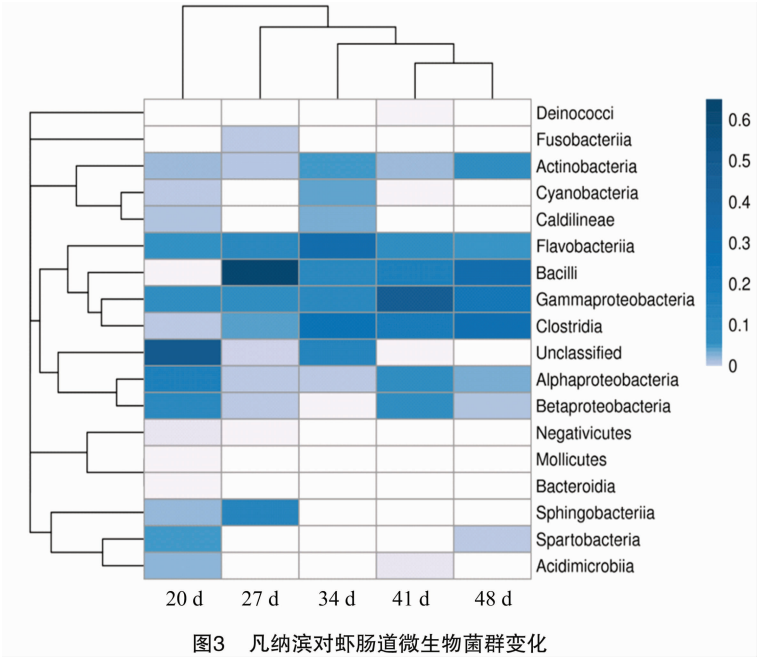


图3 凡纳滨对虾肠道微生物菌群变化

表 3 凡纳滨对虾肠道微生物菌群变化

微生物群种类 (纲)	微生物菌群占比(%)					
	20 d	27 d	34 d	41 d	48 d	平均值
$\gamma$ -变形菌纲-弧菌	26.79	28.43	46.24	10.63	19.67	26.35
杆菌纲	15.42	24.16	6.28	10.60	19.95	15.28
$\beta$ -变形菌纲	3.14	27.02	19.59	15.69	6.97	14.48
无法鉴定	12.74	1.20	1.30	29.30	6.33	10.17
其他	10.71	5.58	8.93	10.12	10.72	9.21
黄杆菌纲	15.79	6.17	3.15	4.03	16.72	9.17
$\alpha$ -变形菌纲	2.11	5.60	6.87	12.31	5.39	6.46
梭菌纲	12.92	1.24	7.04	1.41	6.83	5.89
蓝藻细菌纲	0.38	0.60	0.60	5.91	7.42	2.98

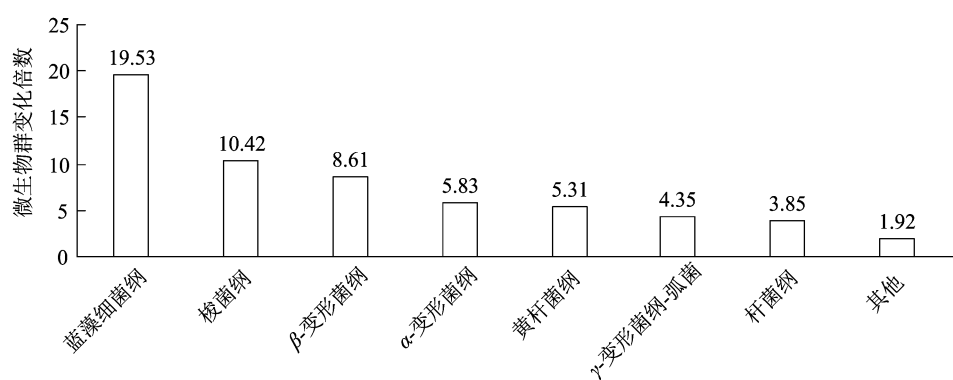


图4 凡纳滨对虾肠道微生物菌群变化倍数

生物群从养殖 20 d 时的 26.79% 上升至 34 d 时的 46.24% ; $\alpha$ -变形菌纲微生物群从养殖 20 d 时的 2.11% 上升至 41 d 时的 12.31% ,随后下降至 5.39% ;蓝藻细菌纲微生物群从养殖 20 d 时的 0.38% 上升至 48 d 时的 7.42% 。蓝藻细菌纲微生物群波动最大,其占比变化区间为 0.38% ~ 7.42% ,最高值为最低值的 19.53 倍,其次分别为梭菌纲、 $\beta$ -变形菌纲、 $\alpha$ -变形菌纲、黄杆菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌,而杆菌纲微生物群占比变化最小,其变化区间为 5.58% ~ 10.72% ,最高值为最低值的 1.92 倍。

3 讨论

凡纳滨对虾由于生活于水体环境中,与水体中的微生物群及水体物理环境直接接触,因此两者变化极易影响凡纳滨对虾的健康状态。由于近年来抗生素、水质调节剂及微生态制剂滥用,导致水体微生态环境紊乱、水生动物疾病频发。

本研究对浙江某凡纳滨对虾养殖场对虾养殖

至 20 d 后虾塘的水质、水体及虾体微生态菌群进行检测,了解疾病高发期水体及虾体中微生态菌群的变化规律。王兴强等研究发现,凡纳滨对虾在 pH 值为 7.5 ~ 8.5、溶解氧含量为 6.8 mg/L 的水体中生长较好,溶解氧含量低于 4 mg/L 则会限制对虾的生长<sup>[12]</sup>。本研究中,养殖 20 ~ 48 d 内,水体中的水温和 pH 值均较为稳定,平均水温和 pH 值分别为 27.7 ℃ 和 8.52,而溶解氧最低浓度为 4.30 mg/L,平均浓度为 8.93 mg/L,虽然没有一直维持在最适范围内,但基本能保证对虾正常生长<sup>[13]</sup>。而氨氮、硫化氢、钙离子和水体中的总氮和总磷含量随着养殖时间增加出现显著上升,最高时分别上升至 1.18、0.12、31.44、0.52、4.90 mg/L,较最低的时候分别上升 4.54、1.71、5.15、1.50、1.30 倍,这与养殖户投喂情况相关,随养殖期的发展,水体中残余饲料、排泄物、浮游动物尸体等有机物逐渐增多不断分解使得 COD 不断增高,相应的水体中的有机物分解产物,如氨氮、亚硝酸盐等有害物质含量均会明显上升,并会对幼虾及成体虾造成毒害<sup>[14-15]</sup>。

菌群分析结果显示,对虾养殖塘水体中的微生物菌群分属于 53 纲,主要种类有 12 纲,合计占总微生物群体的比例达 79.62%,其中蓝藻细菌纲微生物占比最多,平均占比 17.72%,高峰时占比达 23.81%,其次为  $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲(弧菌科),占比分别达到 12.23%、9.33% 和 7.98%。该结果与之前同类研究类似,罗鹏等研究发现凡纳滨对虾养殖水体细菌群落结构复杂,以变形菌纲类微生物群为主,其中又以  $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲(弧菌科)为主<sup>[16]</sup>; Zeng 等学者也发现变形菌纲为水体中最主要的细菌类群<sup>[17-18]</sup>。本研究还发现,水体中的蓝藻细菌纲微生物群占比较高,其占比甚至高于变形菌纲微生物群,这与水体富营养化严重导致的蓝藻泛滥有关<sup>[17-18]</sup>。随养殖时间推移,水体中的微生物菌群也有一定变化,其中蓝藻细菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌微生物群变化最为明显,分别从 10.40% 和 7.43% 上升至 23.81% 和 10.05%,这可能与水体中水质指标变化有关,后期养殖水体中的总氮、总磷等营养盐均有明显上升。此外,暖绳菌纲微生物群波动最大,其占比变化区间为 0.12% ~ 1.75%,最高值为最低值的 14.82 倍,而  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌波动最小,最高值为最低值的 1.47 倍,说明弧菌在水体中较为稳定,数量变化不如其他微生物群容易受环境变化的影响。

而虾体肠道中的微生物分属于 42 纲,主要种类有 7 纲,合计占总微生物群体的比例达到 80.62%,其中, $\gamma$ -变形菌纲-弧菌占比最多,平均占比 26.35%,说明  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌是凡纳滨对虾肠道中的主要微生物菌群,其次为杆菌纲和  $\beta$ -变形菌纲。这与之前的研究结果类似,如 Beardsley、Liu 和 Rungrassamee 等研究均表明, $\gamma$ -变形菌纲在对虾肠道内占绝对优势,且弧菌属、气单胞菌属为绝对优势属,且随着养殖时间增加,肠道中的变形菌纲和蓝藻细菌纲微生物菌群占比均有显著增加<sup>[19-21]</sup>。不过也有部分研究发现, $\gamma$ -变形菌纲并非对虾肠道优势菌群,如 Tang 等分析发现了凡纳滨对虾肠道细菌种群,放线菌门、未分类细菌门、变形菌门和拟杆菌门是优势菌门,分别占比为 53.5%、22.4%、18.8% 和 4.32%。所以不同品种的虾,由于生活环境的差异,可能导致肠道定殖的细菌种类存在差异<sup>[22]</sup>。

总结本研究发现,随着养殖时间增加,饲料投

喂量增加,水体中的氨氮、硫化氢、钙离子、总氮和总磷等指标会出现显著上升。养殖塘中的主要微生物群为蓝藻细菌纲和变形菌纲类细菌,且蓝藻细菌纲和  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌微生物群到养殖后期数量显著上升;对虾肠道中的主要微生物群为  $\gamma$ -变形菌纲-弧菌,在养殖中期有显著上升。

#### 参考文献:

- [1] Devaraja T N, Yusoff F M, Shariff M. Changes in bacterial populations and shrimp production in ponds treated with commercial microbial products[J]. Aquaculture, 2002, 206(3): 245-256.
- [2] Verschuere L, Rombaut G, Sorgeloos P, et al. Probiotic bacteria as biological control agents in aquaculture[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2000, 64(4): 655-671.
- [3] Kong J R, Qiao X L, Yang P, et al. Lvp42 is a potential negative regulator of Lvp53 in *Litopenaeus vannamei* exposed to *Vibrio alginolyticus* stress[J]. Developmental and Comparative Immunology, 2018, 82: 113-117.
- [4] Phupet B, Pitakpoomprecha T, Baowubon N, et al. Lipopolysaccharide- and  $\beta$ -1,3-glucan-binding protein from *Litopenaeus vannamei*: Purification, cloning and contribution in shrimp defense immunity via phenoloxidase activation[J]. Developmental and Comparative Immunology, 2018, 81: 167-179.
- [5] 杨丛海, 赵增元, 麻次松, 等. 对虾暴发性流行病综合防治技术要点[J]. 齐鲁渔业, 1996, 13(3): 5-7.
- [6] 蔡莹. 对虾养殖沉积环境细菌多样性的分子分析与若干可培养技术优化探讨[D]. 厦门: 厦门大学, 2007.
- [7] 胡梦红. 抗生素在水产养殖中的应用、存在的问题及对策[J]. 水产科技情报, 2006, 33(5): 217-221.
- [8] 孙振丽, 宣引明, 张皓, 等. 南美白对虾养殖环境及其肠道细菌多样性分析[J]. 中国水产科学, 2016, 23(3): 594-605.
- [9] Wan L, Wang J Q, Gao F, et al. Bacterial flora in intestines of white leg shrimp (*Penaeus vannamei* Boon)[J]. Fisheries Science, 2006, 25(1): 13-15.
- [10] Li K, Zheng T L, Tian Y, et al. Bacterial community structure in intestine of the white shrimp, *Litopenaeus vannamei*[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2007, 47(4): 649-653.
- [11] Liu H D, Wang L, Wang B J, et al. Analysis on the diversity of microorganism in intestine of *Penaeus vannamei* - cultured by PCR-DGGE[J]. Feed Industry, 2008, 29(20): 55-58.
- [12] 王兴强, 马钰, 董双林. 凡纳滨对虾生物学及养殖生态学研究进展[J]. 海洋湖沼通报, 2004(4): 94-100.
- [13] 杭小英, 周志明, 李倩, 等. 不同养殖模式对南美白对虾生长、病害发生与水质的影响[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(5): 191-192, 193.
- [14] 彭自然, 臧维玲, 高杨. 氨、亚硝酸盐对凡纳滨对虾幼虾毒性作用[J]. 上海水产大学学报, 2004, 13(3): 274-278.
- [15] 孙国铭, 汤建华, 仲霞霞. 氨氮和亚硝酸氮对南美白对虾的毒性研究[J]. 水产养殖, 2002, 22(1): 22-24.
- [16] 罗鹏, 胡超群, 张吕平, 等. 凡纳滨对虾海水养殖系统内细菌

蒋阳阳,李海洋,崔凯,等.池塘工程化循环水养殖系统水质调控技术研究[J].江苏农业科学,2021,49(2):131-138.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.02.024

# 池塘工程化循环水养殖系统水质调控技术研究

蒋阳阳<sup>1</sup>,李海洋<sup>1</sup>,崔凯<sup>1</sup>,吴明林<sup>1</sup>,汪翔<sup>1</sup>,魏泽能<sup>2</sup>,叶晓明<sup>3</sup>,王林<sup>4</sup>

(1.安徽省农业科学院水产研究所/水产增养殖安徽省重点实验室,安徽合肥 230031; 2.安徽省水产技术推广总站,安徽合肥 230601;  
3.合肥万康渔业科技有限公司,安徽合肥 230088; 4.安徽省阜阳市水产管理局,安徽阜阳 23600)

**摘要:**在池塘工程化循环水养殖系统内采用种草移螺、设置生态基及移动式太阳能水质调控机等水质调控技术,在养殖季节 5—9 月份,每周检测试验池塘水体水温、溶氧量(DO)、pH 值、透明度(SD)、总磷(TP)含量、总氮(TN)含量、氨氮( $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ )含量、亚硝酸盐氮( $\text{NO}_2^- - \text{N}$ )含量、重铬酸钾指数( $\text{COD}_{\text{Cr}}$ )等理化指标,分析水质状况。结果显示:DO 达到地表水环境质量Ⅲ类标准;pH 值符合地表水环境质量标准要求;TP 质量浓度超过地表水环境质量Ⅴ类标准,达到淡水池塘养殖水排放要求一级标准;TN 质量浓度分别达到地表水环境质量Ⅴ类标准、淡水池塘养殖水排放要求一级标准; $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 质量浓度达到地表水环境质量Ⅱ类标准; $\text{NO}_2^- - \text{N}$ 质量浓度达到地表水环境质量Ⅰ类标准; $\text{COD}_{\text{Cr}}$ 质量浓度达到地表水环境质量Ⅴ类标准。研究表明:在池塘工程化循环水养殖系统中使用水质生物及物理调控技术,可以使整个池塘养殖水体循环利用或者达标排放。

**关键词:**池塘工程化循环水养殖;水质理化指标;水质调控技术

**中图分类号:**S964.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)02-0131-08

由奥本大学和美国大豆协会设计的池塘内循环流水养殖系统(in-pond raceway system,简称 IPRS)在我国得到了较大的推广应用<sup>[1-2]</sup>。该模式

收稿日期:2020-03-19

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-45、CARS-46);安徽省科技重大专项(编号:18030701169);安徽省农业科学院创新团队(编号:2020YL040);安徽省现代生态农业产业化示范市县(巢湖市)创建项目。

作者简介:蒋阳阳(1987—),男,安徽天长人,硕士,助理研究员,主要从事水产动物营养与饲料研究。E-mail:kyyang1987@163.com。  
通信作者:李海洋,研究员,主要从事池塘养殖及大水面增养殖研究。  
E-mail:362236148@qq.com。

将池塘 2% ~ 5% 的面积作为推水养殖区,剩余 95% ~ 98% 的面积作为生态净化区。通过设施工程化改造,在池塘中建设流水养殖槽,将鱼类养殖在水槽中。利用气提式增氧推水设备为养殖槽提供高溶氧水流,在养殖槽内集中养殖吃食性鱼类,在养殖槽尾部安装吸污设备,收集鱼类的排泄物和残饵,通过沉淀池集中处理利用,结合外围池塘水体净化,实现养殖周期内养殖尾水循环利用或者达标排放<sup>[3-4]</sup>。

自 2014 年,在江苏省苏州市吴江区平望镇建立第一套 IPRS 以来,该养殖模式迅速发展。截至 2017 年年底,安徽全省已建设 71 个 IPRS 示范点,流水养殖槽 246 条,推广应用面积达 547 hm<sup>2</sup><sup>[5]</sup>。

群落的 PCR-DGGE 分析[J]. 中国水产科学,2009,16(1): 31-38.

[17] Zeng Y, Ma Y, Wei C, et al. Bacterial diversity in various coastal mariculture ponds in southeast China and in diseased eels as revealed by culture and culture-independent molecular techniques [J]. Aquaculture Research, 2010, 41(9): 172-186.

[18] Sakami T, Fujioka Y, Shimoda T. Comparison of microbial community structures in intensive and extensive shrimp culture ponds and a mangrove area in Thailand [J]. Fisheries Science, 2008, 74(4): 889-898.

[19] Beardsley C, Moss S, Malfatti F, et al. Quantitative role of shrimp fecal bacteria in organic matter fluxes in a recirculating shrimp aquaculture system [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, 77(1):

134-145.

[20] Liu H D, Liu M, Wang B J, et al. PCR-DGGE analysis of intestinal bacteria and effect of *Bacillus* spp. on intestinal microbial diversity in kuruma shrimp (*Marsupenaeus japonicus*) [J]. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 2010, 28(4): 808-814.

[21] Rungrasamee W, Klanchui A, Maibunkaew S, et al. Characterization of intestinal bacteria in wild and domesticated adult black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) [J]. PLoS One, 2014, 9(3): e91853.

[22] Tang Y, Tao P, Tan J, et al. Identification of bacterial community composition in freshwater aquaculture system farming of *Litopenaeus vannamei* reveals distinct temperature-driven patterns [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2014, 15(8): 13663-13680.