

DOI: 10.12264/JFSC2022-0185

两种养殖模式下黄条鰺幼鱼消化道菌群对生长的微生态调控作用

周鹤庭^{1,2}, 徐永江¹, 姜燕¹, 崔爱君¹, 王滨¹, 柳学周¹

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 青岛海洋科学与技术国家实验室深蓝渔业工程联合实验室, 山东 青岛 266071;
2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 2013061

摘要: 探究了工厂化、网箱养殖模式对黄条鰺(*Seriola lalandi*)幼鱼生长性能及消化道菌群的影响, 通过 16S rRNA 高通量测序和生物信息学方法, 分析了两种养殖模式下黄条鰺幼鱼消化道(胃、幽门盲囊、肠道)、饵料及养殖水中的菌群结构特征及其互作关系。结果显示, 本实验条件下, 网箱养殖黄条鰺幼鱼较工厂化养殖鱼生长性能显著提升; 在黄条鰺幼鱼消化道菌群方面, 门水平上的拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和属水平上的拟普雷沃氏菌属(*Alloprevotella*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)在网箱养殖模式中其丰度值高于工厂化养殖模式, 其中拟杆菌属仅出现于网箱养殖模式且呈现显著性差异; Beta 多样性分析显示消化道菌群更多受到饵料菌群的影响, 受水环境影响相对较小。KEGG 注释分析表明两种养殖模式的差异菌群中, 网箱养殖幼鱼消化道菌群主要参与磷酸转移酶系统(PTS)和 NOD 样受体信号通路, 而工厂化养殖幼鱼为碳水化合物代谢和类胡萝卜素合成通路。本研究表明, 环境菌群中, 饵料菌群对消化道菌群的影响大于养殖水体菌群; 消化道微生物群落通过调整其组成结构从而改变菌群功能通路的方式, 积极参与两种养殖模式下黄条鰺幼鱼生长机能差异的调控。因此, 网箱养殖鱼表现出更快速的生长性能可能是由于机体内的菌群产生了更多的短链脂肪酸并诱导 IGF-1 等生长相关功能基因的表达, 从而促进机体的营养吸收和生长。本研究预期结果将为黄条鰺专用配合饲料的研制和健康养殖技术开发提供微生态理论支撑。

关键词: 黄条鰺; 消化道菌群; 生长; 工厂化养殖; 网箱养殖

中图分类号: S941

文献标志码: A

文章编号: 1005–8737–(2022)10–1437–12

生长是水产养殖业最重要的经济性状之一, 提高鱼类生长性能意味着提升养殖效率、缩减养殖时间、降低养殖成本, 最终提高养殖的经济效益^[1]。鱼类生长受多种因素的影响, 除受遗传因素影响外, 主要受到养殖环境因素的调控^[2], 因此目前大多数研究集中在环境因子如温度^[3]、光照^[2]、盐度^[4]等对生长的影响研究方面。

近年来的研究发现, 鱼类生长过程中面对复杂的生存环境表现出一定的适应性, 这种适应性除了表现在自身生理调节, 还表现在鱼类的消化

道微生态调控^[5]。微生态的调控主要体现在鱼类本身特定的生理和生存环境所形成的数量庞大、种类繁多的微生物群落上^[6], 这些微生物群落在鱼类环境适应的过程中发挥一定的代谢、免疫甚至激素调节等功能, 因此鱼类在面对不同的生存环境时, 微生物群落的组成结构发生改变, 以协助宿主进行生长代谢和免疫调节等过程^[7]。

黄条鰺(*Seriola lalandi*)是一种具有较强环境适应能力的大洋性经济鱼类, 在太平洋、大西洋等地广泛分布。在黄条鰺人工繁育与养殖技术探

收稿日期: 2022-05-11; 修订日期: 2022-06-12.

基金项目: 国家重点研发计划项目(2019YFD0900901; 2020YFD0900605); 中国水产科学研究院基本科研业务费专项(2020TD47); 农业农村部财政专项–海洋渔业生物资源收集与保藏项目; 财政部和农业农村部: 国家现代农业产业技术体系项目(CARS-47).

作者简介: 周鹤庭(1994–), 男, 硕士研究生, 研究方向为海水鱼肠道微生态. E-mail: zhouheting1023@163.com

通信作者: 徐永江, 研究员, 研究方向为海水鱼类繁育理论与技术. E-mail: xuyj@ysfri.ac.cn

索过程中,发现其可以适应深海网箱养殖、工厂化车间养殖等多种养殖模式,但在不同的环境中表现出不同的生长性能。目前,对黄条鰺的种质特性^[8-9]、营养价值^[10-11]、生长与生殖内分泌^[12-13]等方面的研究已取得一定成果,但从微生态层面揭示养殖模式与黄条鰺生长的联系的研究鲜有报道。因此,本研究比较了工厂化和网箱养殖模式下黄条鰺的生长差异,并通过高通量测序技术,分别对工厂化和网箱养殖模式的黄条鰺幼鱼消化道以及各自养殖模式下的水体和饵料微生物进行 16S rRNA 测序,探究了消化道菌群组成结构的变化及自身菌群与饵料、养殖水环境菌群的关系,以期从微生态层面揭示不同养殖条件下黄条鰺的生长差异机制,为黄条鰺配合饲料的开发和养殖健康生长调控技术构建提供微生态理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验动物

实验于 2021 年 9 月至 10 月在大连富谷食品有限公司的工厂化养殖车间与海洋牧场网箱养殖基地完成,实验周期为 30 d。实验用黄条鰺来自于该公司培育的同等规格、体质健康的 6 月龄幼鱼,平均体长(17.23±0.99) cm,平均体重(77.44±11.58) g。

1.2 实验方法与设计

实验鱼分别采取陆基工厂化车间和海上网箱进行养殖。工厂化车间养殖使用容积为 3m³ 圆形玻璃缸水槽,投喂饵料为配合颗粒饲料(林兼产业株式会社,日本),流水养殖,日换水率 200%~300%;海上网箱养殖环境为方形 HDPE 材质深水抗风浪网箱,规格为 10 m×10 m×8 m,投喂饵料为冰鲜玉筋鱼。两种养殖模式下的养殖密度均为 10 尾/m³,每个实验组设置 3 个平行,实验鱼投喂量均为鱼体重的 2%~3%,每日早晚投喂两次。

1.3 样品采集与处理

黄条鰺消化道样品:实验结束后,工厂化养殖和网箱养殖每个平行中各取样黄条鰺 6 尾,每个实验组取样 18 尾,用 MS-222 进行麻醉后用 75%酒精棉擦拭体表,测量并记录鱼体重、体长等,解剖后取消化道(胃、幽门盲囊、肠道)样品,排出

消化道内残余内容物,采用预冷的灭菌生理盐水冲洗后分装保存于液氮中。

养殖水环境样品:用无菌的广口瓶进行采集,每个实验组采集 3 个平行水样,每个样品为 2.5 L 的水体。水样在现场经 0.22 μm 孔径滤膜过滤后,采用无菌取样管放置滤膜并保存于液氮中。

饵料样品:工厂化和网箱养殖所用的饵料分别为配合颗粒饲料和冰鲜玉筋鱼,用无菌取样管取饵料样品各 3 份,随即放入液氮保存。

1.4 生长指标计算

生长参数的计算按照下述公式进行:

增重率(weight gain ratio, WGR, %)=

$[(W_t - W_0)/W_0] \times 100$;

特定生长率(specific growth ratio, SGR, %/d)=

$[(\ln W_t - \ln W_0)/t] \times 100$;

肥满度(condition factor, CF, g/cm³)= W_t/L^3 。

式中, W_0 、 W_t 分别为实验初始和结束平均鱼体重(湿重, g); t 为实验天数(d); L 为体长(cm)。

1.5 微生物总 DNA 的提取与高通量测序

将采集的样品采用 DNA 抽提试剂盒(MagPure Soil DNA KF Kit)对样本的基因组 DNA 进行提取,之后利用 Nano Drop 2000 和琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度并分离。以基因组 DNA 为模板,使用带 barcode 的特异引物, Tks Gflex DNA Polymerase (TaKaRa, 日本)进行 PCR, 采用引物 343F(5'-TACGGRAGGCAGCAG-3')和 798R(5'-AGGGTAT-CTAATCCT-3')扩增 16S V3-V4 区。扩增的序列经琼脂糖凝胶电泳检测合格后交由青岛欧易生物科技有限公司通过 Illumina MiSeq PE300 平台进行高通量测序。

1.6 数据统计与分析

高通量测序得到的原始图像数据文件经碱基识别分析转化为 FASTQ 格式的原始测序序列,经过一系列剪切、去杂、拼接、质控和去除嵌合体后得到有效序列。根据序列的相似性,将序列归为多个可分类操作单元(OTU),序列相似度≥97%被归为一个 OTU 单元。使用 QIIME 软件包选取每个 OTU 中丰度最大的序列作为该 OTU 的代表序列,并将所有代表序列与 Silva (version123)数据库进行比对注释,物种比对注释使用 RDP classifier 软

件, 保留置信区间大于 0.7 的注释结果。采用 tax4fun (0.3.1)对微生物群基因参与的 KEGG 通路进行比对分析。

数据处理使用 Excel2016, 并用 SPSS26.0 软件进行统计分析, 同类样品在两种养殖模式下指标采用配对 T 检验分析差异性, 同一养殖模式下不同类型样品采用单因素方差分析(one-way ANOVA), 并对组间差异作 Duncan 多重比较, 显著差异水平 $P<0.05$ 时认为差异显著。数值均采用“平均值 $\pm$ 标准差”($\bar{x}\pm SD$)表示。

2 结果与分析

2.1 两种养殖环境下黄条鰺生长性能

实验结束后, 两种养殖模式下的黄条鰺幼鱼体重、体长等数据见表 1, 网箱养殖黄条鰺幼鱼的增重率、特定生长率、肥满度等生长指标均显著高于工厂化养殖模式($P<0.05$)。

2.2 样本采集及测序数据质量信息

工厂化养殖模式和网箱养殖模式中样品种类、命名及采集位置见表 2。本次测序每个样品的 Goods_coverage 均接近 1(表 3), 表明测序已经基本覆盖到样品中所有的物种, 满足后续结构分

析要求。经高通量测序分析, 10 组 30 个样品共检测到 5631 个 OTUs, 生物样品、饵料样品、养殖水样品有效序列百分比平均为 92.6%、86.67%、88.25%。在工厂化养殖条件下, 饵料中的 OTUs 数目显著高于其他样品($P<0.05$); 网箱养殖条件下, 水样的 OTUs 数目显著高于其他样品($P<0.05$)。

2.3 消化道和环境微生物多样性指数分析

根据各个样品 OTUs 数量, 对各组样品进行 Alpha 指数分析, 结果如表 3 所示。比较不同养殖模式下各样品的菌群 Alpha 多样性指数发现, 工

表 1 两种养殖模式下黄条鰺幼鱼的生长指标

Tab. 1 Growth index of juvenile *Seriola lalandi* under two culture modes

n=18; $\bar{x}\pm SD$		
生长指标 growth index	工厂化养殖 indoor tank culture	网箱养殖 cage culture
增重率/% weight gain ratio	81 $\pm$ 2.89	158.33 $\pm$ 13.82*
特定生长率/% specific growth ratio	1.98 $\pm$ 0.05	3.16 $\pm$ 0.18*
肥满度/(g/cm ³) condition factor	1.87 $\pm$ 0.11	2.07 $\pm$ 0.05*

注: *表示同一指标在不同养殖模式下结果有显著差异($P<0.05$).
Note: * indicates a significant difference in the results of the same indicator under different culture mode ($P<0.05$).

表 2 样本采集及测序数据质量信息

Tab. 2 Information on sample collection and sequencing data quality

n=3; $\bar{x}\pm SD$						
组别 group	样品 sample	编号 code	采样位置 sampling location	质控后序列 clean_tags	有效序列 valid_tag	分类单元数目 OTU_count
工厂化养殖 indoor tank culture	胃部 stomach	CS	39°36'12" N 122°50'23" E	74506 $\pm$ 1929	69053 $\pm$ 968	936 $\pm$ 23 ^a
	幽门盲囊 pyloric caecum	CP		75360 $\pm$ 1080	69261 $\pm$ 1122	844 $\pm$ 157 ^a
	肠道 intestinal	CG		75287 $\pm$ 1092	69726 $\pm$ 824	916 $\pm$ 161 ^a
	饵料 feed	CF		75984 $\pm$ 821	66744 $\pm$ 4381	1809 $\pm$ 300 ^{b*}
	水 culture water	CW		75972 $\pm$ 666	72141 $\pm$ 909	976 $\pm$ 21 ^{a*}
网箱养殖 cage culture	胃部 stomach	WS	39°27'46" N 123°4'47" E	74315 $\pm$ 2237	68094 $\pm$ 1765	1003 $\pm$ 48 ^a
	幽门盲囊 pyloric caecum	WP		74363 $\pm$ 911	69371 $\pm$ 1300	923 $\pm$ 127 ^a
	肠道 intestinal	WG		75620 $\pm$ 1172	70648 $\pm$ 488	913 $\pm$ 43 ^a
	饵料 feed	WF		75118 $\pm$ 1868	64253 $\pm$ 3378	1053 $\pm$ 107 ^{a*}
	水 culture water	WW		75736 $\pm$ 1088	61762 $\pm$ 1796	1270 $\pm$ 38 ^{b*}

注: 数据上标不同小写字母表示统一养殖模式内不同种类样品间的结果有显著差异($P<0.05$), *表示同一类型样品在不同养殖模式中结果有显著差异($P<0.05$).

Note: Data marked with different lower case letters indicate significant differences in results between different types of samples within a uniform culture mode ($P<0.05$) and * indicates significant differences in results between different culture mode for the same type of sample ($P<0.05$).

表 3 不同养殖模式下黄条鲷幼鱼消化道、饵料、水样菌群 alpha 多样性指数
Tab. 3 Alpha diversity analysis of the gastrointestinal tract, feed and culture water samples
of juvenile *Seriola lalandi* under different culture modes

n=3; $\bar{x} \pm SD$

参数 index	CS	CP	CG	CF	CW
good_coveragr	0.994±0	0.995±0.001	0.994±0.001	0.993±0.001	0.993±0
Shannon	6.288±0.311	6.588±0.301	6.533±0.426	8.198±0.707*	2.788±0.044*
Simpson	0.97±0.005	0.974±0.003	0.974±0.005	0.983±0.005	0.603±0.007*
Chao1	1377.612±30.328*	1209.227±218.369	1422.563±197.054	2232.103±115.052*	1524.991±15.243*

参数 index	WS	WP	WG	WF	WW
good_coveragr	0.993±0	0.994±0	0.994±0.001	0.993±0.001	0.993±0
Shannon	6.254±0.227	6.577±0.925	6.464±0.275	6.676±0.26*	5.314±0.036*
Simpson	0.967±0.006	0.974±0.012	0.972±0.008	0.976±0.008	0.884±0.006*
Chao1	1485.897±17.311*	1328.4±138.202	1352.753±101.518	1548.305±177.675*	1704.265±61.17*

注：*表示同一类型样品的指数在不同养殖模式中结果有显著差异($P<0.05$)。分组 CS、CP、CG、CF、CW 为工厂化车间模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品，WS、WP、WG、WF、WW 为网箱模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品。
Note: * indicates that the index of the same type of sample is significantly different in different breeding models ($P<0.05$). Groups CS, CP, CG, CF and CW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the indoor tank culture mode, and WS, WP, WG, WF and WW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the cage culture mode.

厂化养殖模式下，黄条鲷消化道(胃、幽门盲囊、肠道)的 Shannon 和 Simpson 指数均略高于网箱；Chao1 指数中胃部显著较低($P<0.05$)，幽门盲囊较低，肠道较高；工厂化养殖模式下水样菌群的 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数显著低于网箱($P<0.05$)，饵料中菌群的 Shannon 指数和 Chao1 指数显著高于网箱($P<0.05$)。通过 Beta 多样性分析，饵料与水环境的菌群同消化道菌群有一定距离(图 1)。

2.4 消化道和环境样品菌群结构特征

对两种养殖模式下黄条鲷幼鱼消化道、饵料以及水样中的微生物进行分类汇总(表 4)。两种养殖模式下黄条鲷幼鱼消化道中微生物丰度无显著差异($P>0.05$)。在工厂化养殖模式下，饵料中的微生物丰度显著高于消化道和水样($P>0.05$)；网箱养殖模式下，水样的微生物丰度显著高于饵料和消化道样品($P<0.05$)，饵料中的微生物丰度显著高于消化道样品($P<0.05$)。

在门水平上对微生物门类和相对丰度进行统计，结果表明：在不同养殖模式下，消化道样品间菌群数量无显著差异，饵料以及水样菌群出现结构与丰度的差异。两种养殖模式中，黄条鲷幼鱼消化道样品中菌群丰度前 5 位的为变形菌门

(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)、梭杆菌门(Fusobacteria)，其中网箱养殖模式下消化道拟杆菌门和厚壁菌门的丰度高于工厂化养殖模式。厚壁菌门和拟杆菌门在工厂化和网箱两种养殖模式下的胃中的占比分别为 32.47%、16.14%和 27.43%、18.35%，在幽门盲囊中的占比分别为 28.88%、23.3%和 36.12%、15.08%，在肠道中的占比分别为 27.95%、16.79%和 31.18%、15.64%。网箱养殖模式黄条鲷幼鱼消化道中厚壁菌门与拟杆菌门的比值高于工厂化模式。两种养殖模式下，饵料样品的菌群主要由变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、放线菌门、梭杆菌门、脱硫菌门(Desulfobacterota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)等组成。工厂化养殖条件下水样微生物群落主要由变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门组成，而网箱养殖条件下水样菌群主要由变形菌门和拟杆菌门组成(图 2)。

属水平上(图 3)，工厂化和网箱养殖模式下的黄条鲷幼鱼消化道的菌群组成相似，主要由普氏菌属(*Prevotella*)、*Muribaculaceae*、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、*Ralstonia*、奈瑟菌属(*Neisseria*)、链球菌属(*Streptococcus*)、放线菌属

(*Actinomyces*)、拟普雷沃氏菌属(*Alloprevotella*)、梭杆菌属(*Fusobacterium*)、颗粒链菌属(*Granulicatella*)、纤毛菌属(*Leptotrichia*)、*Escherichia-Shigella*、拟杆菌属(*Bacteroides*)、弯曲杆菌属(*Campylobacter*)

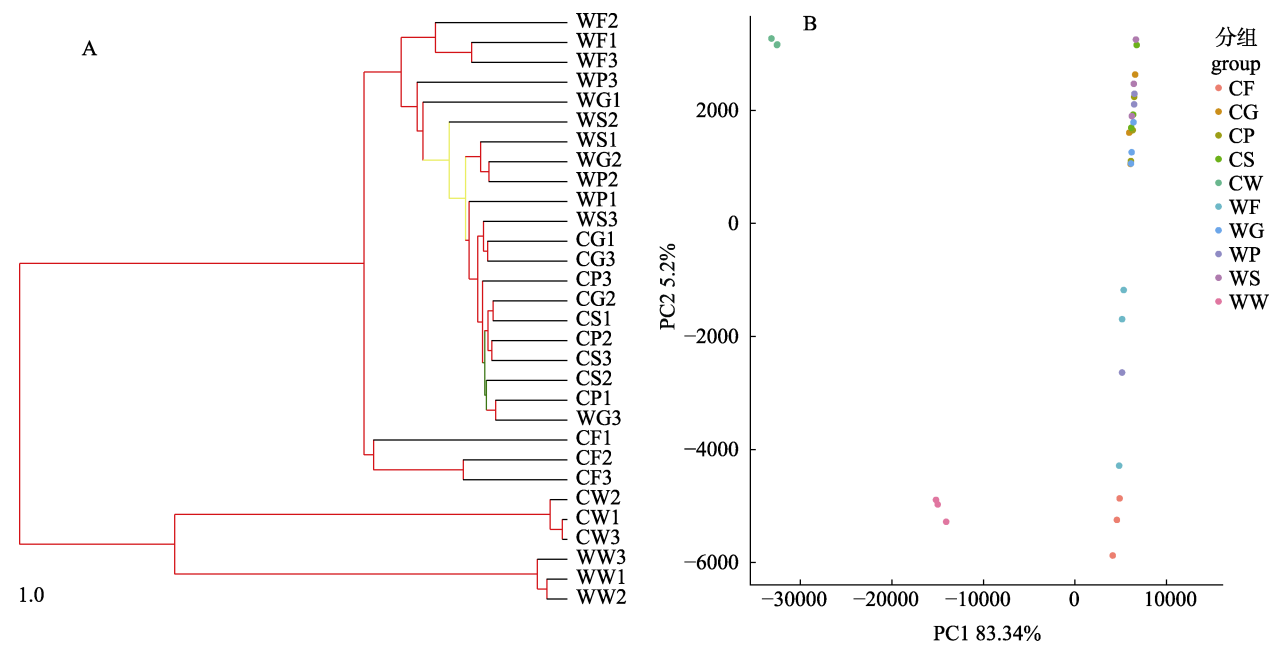


图 1 不同养殖模式下黄条鰺幼鱼消化道、饵料、水样菌群 Beta 多样性分析

A: 基于 Euclidean 算法的 Jackknife 分析进化树图; B: 基于 Euclidean 算法的 PCoA 分析.

分组 CS、CP、CG、CF、CW 分别为工厂化模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品, WS、WP、WG、WF、WW 分别为网箱模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品.

Fig. 1 Beta diversity analysis of the gastrointestinal tract, feed and water samples of juvenile *Seriola lalandi* under different culture modes

A: Jackknife analysis evolutionary tree graph based on Euclidean algorithm; B: PCoA analysis based on Euclidean algorithm. Groups CS, CP, CG, CF and CW are samples of stomach, respectively, and pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the indoor tank culture mode, and WS, WP, WG, WF and WW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the cage culture mode, respectively.

表 4 不同养殖模式下消化道、饵料和水环境中微生物群落的结构与丰度

Tab. 4 Structure and abundance of microbial communities in the digestive tract, bait and water environment under different culture modes

养殖环境 culture environment		样品编号 sample number	门 phylum	纲 class	目 order	科 family	属 genus
工厂化养殖 indoor tank culture		CS	23±1 ^a	51±2 ^a	114±6 ^a	174±6 ^a	291±10 ^a
		CP	25±3 ^a	52±5 ^a	117±14 ^a	173±18 ^a	280±36 ^a
		CG	24±2 ^a	51±5 ^a	112±8 ^a	171±16 ^a	287±26 ^a
		CF	30±2 ^b	69±2 ^b	153±11 ^b	245±21 ^b	444±47 ^b
		CW	24±2 ^a	47±2 ^a	122±3 ^a	199±4 ^a	316±3 ^a
网箱养殖 cage culture		WS	24±1 ^a	52±2 ^a	117±3 ^{ab}	182±3 ^{ab}	305±16 ^{ab}
		WP	24±1 ^a	52±7 ^a	114±7 ^{ab}	174±6 ^a	283±19 ^a
		WG	25±1 ^a	50±2 ^a	112±4 ^a	170±8 ^a	288±25 ^a
		WF	25±2 ^a	51±6 ^a	121±11 ^{ab}	196±16 ^b	338±37 ^b
		WW	25±1 ^a	47±2 ^a	126±4 ^b	217±7 ^c	390±13 ^c

注: 数据上标小写字母表示同一养殖条件下不同种类样品间的结果有显著差异(P<0.05).

Note: Superscript lowercase letters indicate significant differences (P<0.05) in results between samples of different species under the same culture conditions.

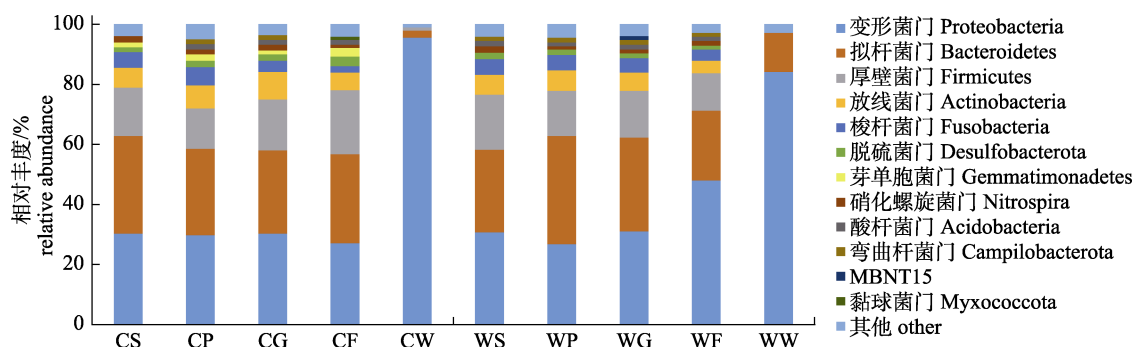


图 2 基于门水平的微生物群落结构

CS、CP、CG、CF、CW 分别为工厂化模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品，
WS、WP、WG、WF、WW 分别为网箱模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品。

Fig. 2 Microbial community structure based on phylum level

Groups CS, CP, CG, CF and CW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the indoor tank culture mode, and WS, WP, WG, WF and WW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the cage culture mode, respectively.

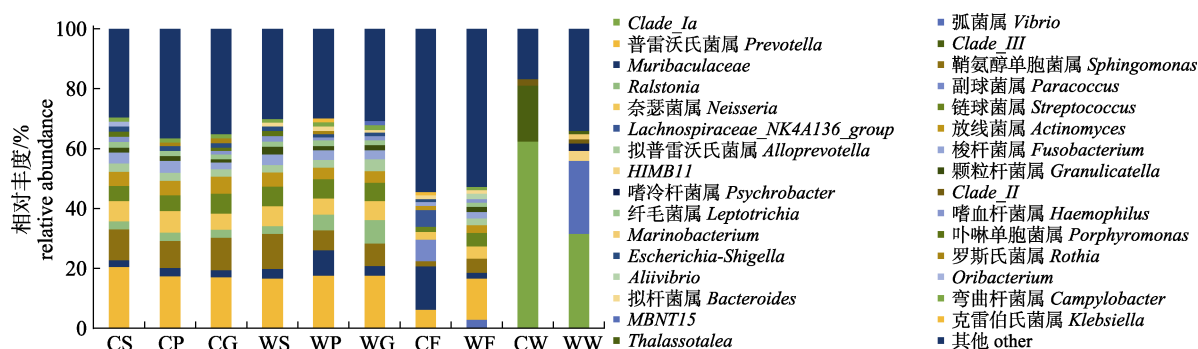


图 3 基于属水平微生物群落结构

CS、CP、CG、CF、CW 分别为工厂化模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品，
WS、WP、WG、WF、WW 分别为网箱模式胃部、幽门盲囊、肠道、饲料、养殖水样品。

Fig. 3 Microbial community structure based on genus level

Groups CS, CP, CG, CF and CW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the indoor tank culture mode, and WS, WP, WG, WF and WW are samples of stomach, pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the cage culture mode, respectively.

等组成，其中拟杆菌属仅在网箱模式鱼消化道中出现，在胃、幽门盲囊和肠道 3 个组织中菌群丰度值相近，并显著高于工厂化模式($P < 0.05$)。网箱养殖黄条鰺幼鱼的消化道中 *Muribaculaceae*、*Ralstonia*、链球菌属、拟普雷沃氏菌属、颗粒链球菌属等菌群的丰度同样高于工厂化模式($P > 0.05$)。普氏菌属是在两种养殖条件下的消化道各组织中丰度最高的菌属，在工厂化和网箱养殖黄条鰺的胃中丰度分别为 20.63%、16.67%，幽门盲囊中为 17.41%、17.59%，肠道中为 17.04%、17.59%，在工厂化模式下的胃部表现较高丰度。两种养殖模式中，饵料样品中共同出现的菌属有普氏菌属、*Muriba-*

culaceae、鞘氨醇单胞菌属、奈瑟菌属、链球菌属、放线菌属、梭杆菌属、拟杆菌属，而工厂化养殖所用的饵料中独有的菌属为副球菌属(*Paracoccus*)、*Lachnospiraceae_NK4A136_group*、*Escherichia-Shigella*、克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)，网箱养殖饵料中独有的菌属为弧菌属、*Alloprevotella*、颗粒链菌属、纤毛菌属、嗜血杆菌属(*Haemophilus*)、*Aliivibrio*、弯曲杆菌属。网箱养殖模式下，水样中的菌群主要由 *Clade_Ia*、弧菌属(*Vibrio*)、*Clade_III*、*HIMB11*、嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*)、*Clade_II*、*Marinobacterium*、*Thalassotalea* 等组成，工厂化养殖模式中水样的菌群主要由 *Clade_Ia*、*Clade_II*、*Clade_III* 等组成。

2.5 消化道菌群的功能注释分析

对两种养殖模式下黄条鰺幼鱼消化道菌群的 OTUs 在 KEGG 数据库进行功能预测分析, 根据 Kruskal-Wallis 算法在 level 3 水平上筛选具有显著性组间差异的功能通路($P < 0.05$)(图 4)。工厂化养殖模式下的肠道、网箱养殖条件下的胃和幽门盲囊相对富集的差异功能通路较多。根据消化道菌群 OTUs 注释的数量发现, 差异通路主要集中在磷酸转移酶系统[phosphotransferase system(PTS)]、

碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、类胡萝卜素合成(carotenoid biosynthesis)和核苷酸结合寡聚化结构域(nucleotide-binding oligomerization domain), NOD 样受体信号通路(NOD-like receptor signaling pathway)等。工厂化养殖模式下消化道菌群在碳水化合物代谢和类胡萝卜素合成中注释的 OTUs 数量高于网箱养殖, 网箱养殖模式下消化道菌群在 PTS 功能通路和 NOD 样受体信号通路中注释的 OTUs 数目高于工厂化养殖。

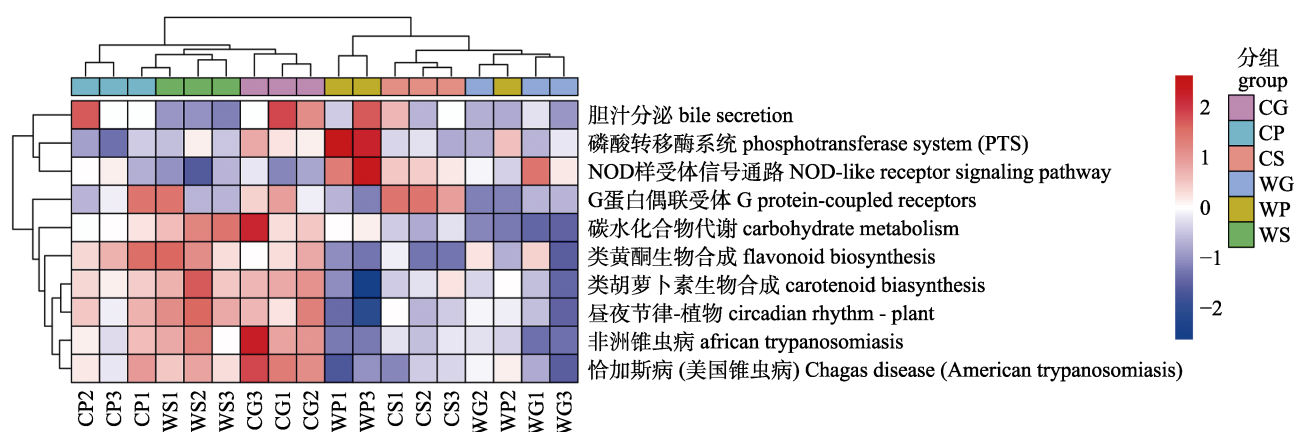


图 4 不同养殖模式中黄条鰺幼鱼消化道菌群 KEGG 注释

CS、CP、CG 分别为工厂化模式胃部、幽门盲囊、肠道样品, WS、WP、WG 分别为网箱模式胃部、幽门盲囊、肠道样品。

Fig. 4 KEGG annotation of the of juvenile *Seriola lalandi* under different culture patterns
Groups CS, CP and CG are samples of stomach, respectively; Pyloric caecum, intestines, feed and culture water in the indoor tank culture mode, and WS, WP and WG are samples of stomach, pyloric caecum and intestines in the cage culture mode, respectively.

3 讨论

本研究发现, 网箱养殖黄条鰺幼鱼的增重率、特定生长率、肥满度等生长指标显著高于工厂化养殖条件。有研究表明, 不同地理群体中北美三刺鱼(*Gasterosteus aculeatus*)的肠道微生物群落可增强鱼类对外界环境的适应性^[14]。Jones 等^[15]在对不同水域的褐蓝子鱼(*Siganus fuscescens*)的研究中发现, 肠道微生物群落结构可能在其适应不同的地理环境和食物资源过程中发挥重大作用。本研究中, 黄条鰺幼鱼在不同养殖模式及饵料条件下, 消化道菌群的组成结构及丰度均发生明显的变化, 这可能是不同养殖模式下黄条鰺幼鱼消化道菌群对生长的微生态应答调控的一种表现形式。

两种不同养殖模式下, 黄条鰺消化道菌群的组成在门水平和属水平上均基本相似, 但在菌群结构上出现差异, 这与池塘和工厂化养殖条件下牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)^[16]、工厂化和网箱养殖大黄鱼(*Larimichthys crocea*)^[17]消化道菌群的研究结果一致, 但与暗纹东方鲀(*Takifugu obscurus*)^[18]在不同养殖条件下的肠道菌群的结果不一致, 这可能与暗纹东方鲀消化道菌群适应鲀—虾—菜的立体种养模式的调控机制不同有关, 或者与鱼种的个体差异性相关, 具体的机制有待于今后深入研究。本研究中, 网箱养殖黄条鰺幼鱼消化道中的厚壁菌门与拟杆菌门的丰度及其二者比值皆高于工厂化。有研究称, 厚壁菌门与拟杆菌门比值的升高与脂肪的积累、SCFA(short-chain fatty acids)

的产生有关^[19-21]。拟杆菌门内的菌群在鱼类的消化道内可以预防潜在病原菌定植并感染宿主,同时在消化道内积极参与碳水化合物及纤维的分解、蛋白质的转化等代谢过程,有利于宿主的消化及营养吸收^[22-23]。拟杆菌门丰度在不同养殖模式下在胃-幽门盲囊-肠道中表现出不同的丰度变化,在工厂化中丰度呈现下降趋势,网箱中则先上升后下降趋势,这可能是由于黄条鲮幼鱼面对不同养殖模式的饵料营养成分差异产生的菌群适应性的表现之一。厚壁菌门中有益菌居多,在宿主体内促进 SCFA、丁酸盐等的合成,促进淀粉和膳食纤维的分解,同样有利于宿主的能量代谢^[24]。本研究发现属水平上的拟杆菌属仅在网箱养殖黄条鲮消化道中出现,且显著高于工厂化养殖鱼,这与大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)的研究结果一致^[25]。已有研究表明,拟杆菌属有助于分解食物并产生宿主所需的营养和能量,并促进其他菌群的生长从而维持消化道菌群稳态^[26-27]。拟普雷沃氏菌属在网箱养殖模式中的肠道部位表现出较高丰度值,拟普雷沃氏菌属能产生大量 SCFA, SCFA 具有调节脂肪合成、肌肉和肝脏能量代谢的作用,并能诱导宿主体内 IGF-1 增加,促进动物生长和体重增加^[28-32]。普氏菌属在两种养殖模式下的消化道中均表现出最高的丰度,且工厂化模式中的丰度值高于网箱,其主要表现在胃中丰度值的增加。普氏菌属在生物体消化道内有分解碳水化合物、储存肝糖原的作用,但同时也是一种条件致病菌,在疾病暴发时表现出促炎作用^[33-35]。在本研究中,网箱养殖黄条鲮消化道中拟杆菌门、厚壁菌门、拟杆菌属和拟普雷沃氏菌属的丰度增加,表明其积极参与营养吸收、能量代谢以及免疫调节,促进合成 SCFA 诱导产生 IGF-1,提升黄条鲮的生长性能;工厂化养殖下胃中普氏菌属的丰度增加可能是由于饵料不同导致,且尚不明确普氏菌属在黄条鲮幼鱼消化道内表现出有益或有害情况,具体作用有待后续研究。

在鱼类养殖中,养殖水体和饵料都是环境影响生长的关键要素^[36-37]。本研究中,饵料、水样等样品中菌群的 OTUs 数目、多样性指数以及在门、纲、目、科和属等分类的物种数目,在不同

的养殖条件下均表现出显著差异性,工厂化养殖条件下的饵料中 OTUs 数目最多,Shannon 指数和 Chao1 指数、物种数目显著高于网箱($P<0.05$),网箱养殖条件下水样 OTUs 数目最多,且 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和物种数目显著高于工厂化($P<0.05$)。网箱养殖条件下水环境的微生物组成复杂,多样性更高,这与其开放海域的特性相关。弧菌属作为海水养殖动物病害中重要关注对象^[38],在本研究网箱养殖的饵料和水环境中均表现出一定丰度,但未在工厂化养殖的环境中出现,一方面表现出工厂化养殖的水环境安全优势,另一方面警示网箱养殖中,应加强潜在致病菌引发细菌病的预防与管理。两种养殖模式下使用的饵料中菌群组成结构与多样性差异较大,可能是因为本研究中工厂化模式的人工配合颗粒饵料的营养成分丰富,且常温真空放置,可能造成厌氧及兼性厌氧微生物的生长,而网箱养殖使用的鲜杂鱼饵料由于低温冷冻保存,抑制了微生物的大量繁殖,表现出相对较低的多样性。

本研究发现,工厂化养殖鱼消化道菌群与饵料菌群的组成结构具有一定差异,且与水环境菌群差异更大;网箱养殖鱼消化道菌群与饵料菌群的组成结构较为相似,但同样与水环境菌群差异较大。结合 Beta 多样性的结果分析,说明本研究中两种养殖模式下黄条鲮幼鱼消化道菌群受饵料影响大于水环境,这与大黄鱼^[17]、大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)^[39]、牙鲆^[40]中消化道菌群结构的研究结论相似。冰鲜玉筋鱼饵料菌群的组成结构与网箱养殖黄条鲮消化道菌群更为相似,这一结果表明菌群组成结构的相似性可能使得宿主原有定殖菌群受外界菌群的拮抗作用等影响较小,而更多的参与宿主的营养代谢与吸收^[41],从而表现出更高的生长性能。先前研究表明海洋鱼类体内菌群参与鱼类的生长发育调控^[42],本研究发现网箱养殖黄条鲮幼鱼消化道中厚壁菌门、拟杆菌门, *Muribaculaceae*、*Ralstonia*、拟普雷沃氏菌属、拟杆菌属等的丰度较高,可能参与了鱼类的生长发育过程。另外,通过 KEGG 进行黄条鲮消化道菌群的功能注释,在三级水平上统计丰度显著性差异的功能通路发现,碳水化合物代谢功能通路富

集的 OTUs 数目最多, 碳水化合物是脊椎动物代谢能量的主要来源^[43], 为脊椎动物的生长提供保障。因此, 两种养殖模式下黄条鲮消化道菌群种类丰度以及参与功能通路的差异与碳水化合物的代谢过程密切相关, 这种差异可能与两种养殖模式下黄条鲮生长差异密切相关, 具体是否涉及消化道菌群的代谢补偿调控机制有待于深入研究与确证。先前研究表明, 大西洋鳕(*Gadus morhua*)肠道内的两种细菌发酵产生的漆酶提取物可以刺激头肾细胞增殖和诱导相关细菌防御的基因表达^[44], 从而调节免疫机能。拟杆菌属中最常见的拟杆菌是一种革兰氏阴性厌氧杆菌, 其无氧呼吸的主要副产物是乙酸、异戊酸和琥珀酸等 SCFA, 在消化道内起到抗炎、提升免疫力的作用^[26], 本研究发现网箱养殖黄条鲮幼鱼消化道菌群拟杆菌属丰度较高, 提示网箱养殖鱼的消化道中可能参与免疫功能调节的菌群丰度更高, 具体的作用途径有待于进一步研究。功能通路分析也发现, 网箱养殖黄条鲮幼鱼消化道菌群参与的磷酸转移酶系统(PTS)和 NOD 样受体信号通路的 OTUs 数目高于工厂化养殖鱼, PTS 具有介导应激反应和减弱某些病原菌毒力的功能^[45], NOD 样受体信号通路在识别鱼类病原体 and 激活天然免疫机制中起到关键作用^[46], 这种差异也体现了开放海域网箱养殖条件下黄条鲮通过调控自身免疫机能, 消化道内菌群积极参与 PTS、NOD 样受体信号通路, 识别和抑制病原体的侵袭与感染, 从而维持宿主健康, 增强养殖鱼的生长性能。

综上所述, 网箱养殖模式下黄条鲮幼鱼的生长快于工厂化养殖, 两种养殖模式下消化道菌群与饵料、水环境微生物存在密切联系, 但在组成结构上存在一定差异。根据本研究结果, 工厂化养殖条件下可以在饵料中适当增加产生 SCFA 的益生菌, 提升黄条鲮幼鱼生长性能。两种养殖模式中都应关注养殖饵料的微生物安全性, 预防疾病暴发, 从而实现黄条鲮的健康养殖。

参考文献:

- [1] Yin Y H, Jiang W S, Pan X F, et al. Recent progress in growth trait of aquaculture fish[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2020, 27(4): 463-484. [殷艳慧, 蒋万胜, 潘晓赋, 等. 水产养殖鱼类生长性状研究进展[J]. 中国水产科学, 2020, 27(4): 463-484.]
- [2] Takahashi A, Kasagi S, Murakami N, et al. Chronic effects of light irradiated from LED on the growth performance and endocrine properties of barfin flounder *Verasper moseri*[J]. General and Comparative Endocrinology, 2016, 232: 101-108.
- [3] Cook M A, Lee J S F, Massee K M, et al. Effects of rearing temperature on growth and survival of larval sablefish (*Anoplopoma fimbria*)[J]. Aquaculture Research, 2018, 49(1): 422-430.
- [4] Tang S S, Han F L, Zhou L, et al. Effects of dietary mannan oligosaccharide supplementation on growth, health and intestinal microbiota of Pacific white shrimp, *Litopenaeus vannamei*, at low salinity[J]. Journal of Fisheries of China, 2021, 45(12): 2044-2060. [汤上上, 韩凤禄, 周利, 等. 甘露寡糖对低盐胁迫下凡纳滨对虾生长、健康及肠道菌群的影响[J]. 水产学报, 2021, 45(12): 2044-2060.]
- [5] El Kafsi H, Gorochoff G, Larsen M. Host genetics affect microbial ecosystems via host immunity[J]. Current Opinion in Allergy and Clinical Immunology, 2016, 16(5): 413-420.
- [6] Amato K R. Co-evolution in context: The importance of studying gut microbiomes in wild animals[J]. Microbiome Science and Medicine, 2013, 1(1): 10-29.
- [7] Givens C E, Ransom B, Bano N, et al. Comparison of the gut microbiomes of 12 bony fish and 3 shark species[J]. Marine Ecology Progress Series, 2015, 518: 209-223.
- [8] Cui A J, Xu Y J, Wang B, et al. Genome-wide association analysis of growth traits in yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*)[J]. Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(2): 71-78. [崔爱君, 徐永江, 王滨, 等. 黄条鲮生长性状全基因组关联分析[J]. 渔业科学进展, 2021, 42(2): 71-78.]
- [9] Wang K J, Xu Y J, Liu X Z, et al. Species identification and phylogenetic relationships in *Seriola* based on DNA barcoding[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2022, 29(2): 171-183. [王开杰, 徐永江, 柳学周, 等. DNA 条形码在鲮属鱼类物种鉴定和系统进化分析中的适用性[J]. 中国水产科学, 2022, 29(2): 171-183.]
- [10] Liu X Z, Xu Y J, Li R, et al. Analysis and evaluation of nutritional composition of the muscle of yellowtail kingfish (*Seriola aureovittata*)[J]. Progress In Fishery Sciences, 2017, 38(1): 128-135. [柳学周, 徐永江, 李荣, 等. 黄条鲮 (*Seriola aureovittata*)肌肉营养成分分析与评价[J]. 渔业科学进展, 2017, 38(1): 128-135.]
- [11] Li D H, Tian J S, Han Y J, et al. Analysis and evaluation of nutritional quality of wild yellowtail *Seriola aureovittata*[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2018, 31(4): 32-36. [李多慧, 田甲申, 韩羽嘉, 等. 养殖和野生黄条鲮肌肉营养成分的

- 比较与评价[J]. 水产学杂志, 2018, 31(4): 32-36.]
- [12] Wang B, Zhang Y X, Liu Q, et al. Molecular identification and developmental expression patterns of growth hormone and its receptors in yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*)[J]. Molecular Biology Reports, 2020, 47(9): 7305-7312.
- [13] Sun R R. Cloning and expression of muscle growth factor in the *Seriola aureovittata*[D]. Dalian: Dalian Ocean University, 2019. [孙冉冉. 黄条鲷肌肉生长因子的克隆及其表达规律的研究[D]. 大连: 大连海洋大学, 2019.]
- [14] Rennison D J, Rudman S M, Schluter D. Parallel changes in gut microbiome composition and function during colonization, local adaptation and ecological speciation[J]. Proceedings Biological Sciences, 2019, 286(1916): 20191911.
- [15] Jones J, DiBattista J D, Stat M, et al. The microbiome of the gastrointestinal tract of a range-shifting marine herbivorous fish[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2000.
- [16] Li C Y, Xu Y J, Liu X Z, et al. Comparative analysis of composition, diversity and origin of intestinal bacterial community in pond-and indoor tank-culture Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2015, 39(2): 245-255. [李存玉, 徐永江, 柳学周, 等. 池塘和工厂化养殖牙鲆肠道菌群结构的比较分析[J]. 水产学报, 2015, 39(2): 245-255.]
- [17] Jiang Y, Xu Y J, Liu X Z, et al. Analysis of the structure and function for gastrointestinal microbiota of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) juveniles cultured in indoor tank and cage[J]. Feed Industry, 2019, 40(6): 35-43. [姜燕, 徐永江, 柳学周, 等. 工厂化和网箱养殖大黄鱼幼鱼消化道微生物群落结构与功能分析[J]. 饲料工业, 2019, 40(6): 35-43.]
- [18] Qiu C W, Shi Y H, Wang H X. Microbial community structure in different cultural patterns of *Takifugu obscurus*[J]. Journal of Fisheries of China, 2021, 45(2): 209-220. [邱楚雯, 施永海, 王韩信. 暗纹东方鲀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.]
- [19] Ozato N, Saito S, Yamaguchi T, et al. *Blautia* genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age[J]. Npj Biofilms and Microbiomes, 2019, 5: 28.
- [20] Komaroff A L. The microbiome and risk for obesity and diabetes[J]. JAMA, 2017, 317(4): 355.
- [21] Zarrinpar A, Chaix A, Xu Z Z, et al. Antibiotic-induced microbiome depletion alters metabolic homeostasis by affecting gut signaling and colonic metabolism[J]. Nature Communications, 2018, 9: 2872.
- [22] Zhang K J, Jiang P F, Wang J, et al. Effects of different temperatures on growth and gut microbiota of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*)[J/OL]. Journal of Shanghai Ocean University. [2022-04-13]http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.2024.S.20211112.1428.004.html. [张凯军, 姜鹏飞, 王军, 等. 不同温度对中华绒螯蟹生长及肠道微生物菌群的影响[J/OL]. 上海海洋大学学报. [2022-04-13]http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.2024.S.20211112.1428.004.html]
- [23] Wexler H M. *Bacteroides*: The good, the bad, and the nitty-gritty[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2007, 20(4): 593-621.
- [24] Ley R E, Turnbaugh P J, Klein S, et al. Human gut microbes associated with obesity[J]. Nature, 2006, 444(7122): 1022-1023.
- [25] Yu E M, Zhang Z N, Xia Y, et al. Effects of different diets on intestinal microflora of largemouth bass (*Micropterus salmoides*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2015, 39(1): 118-126. [郁二蒙, 张振男, 夏耘, 等. 摄食不同饵料的大口黑鲈肠道菌群分析[J]. 水产学报, 2015, 39(1): 118-126.]
- [26] Zafar H, Saier M H Jr. Gut *Bacteroides* species in health and disease[J]. Gut Microbes, 2021, 13(1): 1-20.
- [27] Flint H J, Scott K P, Duncan S H, et al. Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut[J]. Gut Microbes, 2012, 3(4): 289-306.
- [28] Canfora E E, Jocken J W, Blaak E E. Short-chain fatty acids in control of body weight and insulin sensitivity[J]. Nature Reviews Endocrinology, 2015, 11(10): 577-591.
- [29] Yan J, Herzog J W, Tsang K, et al. Gut microbiota induce IGF-1 and promote bone formation and growth[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(47): E7554-E7563.
- [30] Yuan Z F, Zhang T, Cai J C, et al. Research progress on the relationship between gut microbiota, IGF-1 and bone metabolism[J]. Chinese Journal of Osteoporosis, 2021, 27(4): 599-604. [袁志发, 张通, 蔡金池, 等. 肠道菌群、IGF-1 与骨代谢联系机制的研究进展[J]. 中国骨质疏松杂志, 2021, 27(4): 599-604.]
- [31] Cheng R R. The effect of fecal *Microbiota transplantaion* on growth performance and gut *Microbiota* in chickens[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2020. [程冉冉. 粪菌移植对鸡生长发育及肠道菌群的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2020.]
- [32] Poinot P, Schwarzer M, Peretti N, et al. The emerging connections between IGF1, the intestinal microbiome, *Lactobacillus* strains and bone growth[J]. Journal of Molecular Endocrinology, 2018, 61(1): T103-T113.
- [33] Ley R E. *Prevotella* in the gut: Choose carefully[J]. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, 2016, 13(2): 69-70.
- [34] Bertelsen A, Elborn J S, Schock B C. Microbial interaction:

- Prevotella* spp. reduce *P. aeruginosa* induced inflammation in cystic fibrosis bronchial epithelial cells[J]. Journal of Cystic Fibrosis, 2021, 20(4): 682-691.
- [35] Gálvez E J C, Iljazovic A, Amend L, et al. Distinct polysaccharide utilization determines interspecies competition between intestinal *Prevotella* spp[J]. Cell Host & Microbe, 2020, 28(6): 838-852.e6.
- [36] Jiang Y, Zhang Z, Wang Y G, et al. Effects of probiotic on microfloral structure of live feed used in larval breeding of turbot *Scophthalmus maximus*[J]. Journal of Oceanology and Limnology, 2018, 36(3): 1002-1012.
- [37] Asok A, Arshad E, Jasmin C, et al. Reducing *Vibrio* load in *Artemia* nauplii using antimicrobial photodynamic therapy: A promising strategy to reduce antibiotic application in shrimp larviculture[J]. Microbial Biotechnology, 2012, 5(1): 59-68.
- [38] Wu H B, Pan J P. Progress in studies of vibriosis in aquaculture[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2001, 8(1): 89-93. [吴后波, 潘金培. 弧菌属细菌及其所致海水养殖动物疾病[J]. 中国水产科学, 2001, 8(1): 89-93.]
- [39] Shi X Q, Zhang Z, Wang Y G, et al. The characteristics of culturable bacterial microflora in the gastrointestinal tract of turbot (*Scophthalmus maximus*) larvae[J]. Progress in Fishery Sciences, 2015, 36(4): 73-82. [史秀清, 张正, 王印庚, 等. 大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)仔稚鱼发育期消化道可培养细菌的菌群特征分析[J]. 渔业科学进展, 2015, 36(4): 73-82.]
- [40] Liu Z X. Bacterial community assembly and turnover within the intestines of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) during early life stages[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2017. [刘增新. 牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)仔稚鱼肠道菌群结构变化及定植规律研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.]
- [41] Chen X X, Wu Z X, Zhou W H. Study on the effects and influencing factors of microflora in the digestive tract of fish[J]. Journal of Huazhong Agricultural, 2005, 24(5): 523-528. [陈孝煊, 吴志新, 周文豪. 鱼类消化道菌群的作用与影响因素研究进展[J]. 华中农业大学学报, 2005, 24(5): 523-528.]
- [42] Feng D, Gao X D, Li Y K. Research progress and application prospect of gut microbiota of marine fish[J]. Chinese Journal of Ecology, 2021, 40(1): 255-265. [冯丹, 高小迪, 李云凯. 海洋鱼类肠道微生物研究进展及应用前景[J]. 生态学杂志, 2021, 40(1): 255-265.]
- [43] Lu J X. Studies on regulation and regulation mechanism of nutrition and hormone on adipogenesis in primary rat adipocytes[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2005. [卢建雄. 营养和激素对原代培养大鼠脂肪细胞脂肪形成的调控及机理研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2005.]
- [44] Lazado C C, Caipang C M A, Gallage S, et al. Expression profiles of genes associated with immune response and oxidative stress in Atlantic cod, *Gadus morhua* head kidney leukocytes modulated by live and heat-inactivated intestinal bacteria[J]. Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology, 2010, 155(3): 249-255.
- [45] Liu Q Y, Wu L W, Niu J J, et al. Research progress of the composition and function of bacterial phosphotransferase system[J]. Microbiology China, 2020, 47(7): 2266-2277. [刘倩钰, 吴丽雯, 牛建军, 等. 细菌磷酸转移酶系统(PTS)的组成与功能研究进展[J]. 微生物学通报, 2020, 47(7): 2266-2277.]
- [46] Zhang B Y, Yang H L, Wang P, et al. Advances in the interactions between intestinal microorganisms and host immune system in fish[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(10): 3046-3058. [张碧云, 杨红玲, 汪攀, 等. 鱼类肠道微生物与宿主免疫系统相互作用研究进展[J]. 微生物学报, 2021, 61(10): 3046-3058.]

Microecological regulation of gastrointestinal microflora in the growth of yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*) juveniles under indoor tank culture and cage culture modes

ZHOU Heting^{1,2}, XU Yongjiang¹, JIANG Yan¹, CUI Aijun¹, WANG Bin¹, LIU Xuezhou¹

1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences; Joint Laboratory for Deep Blue Fishery Engineering of Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266071, China;
2. School of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Growth is one of the most important economic traits in aquaculture and is directly related to the financial benefits of farming. It is influenced by a number of factors, including genetic and environmental factors. When faced with different environments, fish growth is not only regulated by their own physiological conditions but also by symbionts, such as gastrointestinal microbiota. To investigate the differences in the growth of yellowtail kingfish juveniles under two culture modes, namely indoor tank and deep sea cage culture, and their relationship with gastrointestinal flora, as well as with feed microbiota and culture water microbiota, six-month-old fish of the same size at (17.23±0.99) cm and body mass at (77.44±11.58) g were selected for a 30-day culture experiment under these two culture modes. The differences in the rate of yellowtail kingfish juvenile growth under these two culture modes were recorded. The structure and abundance of gastrointestinal microbiota (stomach, pyloric blind sac, and intestine), as well as feed and culture water microbiota, were analyzed by 16S rRNA high-throughput sequencing and bioinformatic analysis. The results showed that the growth of cage cultured juvenile yellowtail kingfish was significantly faster than that of indoor tank cultured fish. As for the gastrointestinal microbiota of juveniles cultured in cage, the abundance of Bacteroidetes and Firmicutes at the phylum level, as well as the abundance of *Alloprevotella* and *Bacteroides* at the genus level, were higher than in indoor tank cultured fish, wherein the abundance of *Bacteroides* was significantly higher. The composition of the gastrointestinal microbiota of the indoor tank cultured fish was different from that of the feed microbiota and significantly different from that of culture water microbiota, whereas the composition of the gastrointestinal microbiota of fish from cage culture was more similar with that of the feed microbiota but also significantly different from that of the culture water microbiota. Beta diversity analysis showed that the gastrointestinal microbiota of juvenile yellowtail kingfish was more influenced by feed microbiota and less by the culture water bacterial community. KEGG annotation analysis showed that the main functional pathways involved in the gastrointestinal microbiota of juvenile yellowtail kingfish in the cage culture were the phosphotransferase system (PTS) and NOD-like receptor signaling pathway, whereas carbohydrate metabolism and the carotenoid biosynthesis pathway were found in the indoor tank cultured fish. These results indicate that the gastrointestinal microbiota regulate the growth of yellowtail kingfish juveniles under indoor tank and cage culture conditions by changing their structure and abundance, as well as via functional pathways. Moreover, feed microbiota had a greater influence on gastrointestinal microbiota than culture water microbiota. According to these results, the faster growth of cage cultured fish may be due to the production of more short-chain fatty acid (SCFA) by gastrointestinal microbiota (e.g., *Alloprevotella* and *Bacteroides*) to induce the production of insulin-like growth factor 1 (IGF-1). These findings provide micro-ecological support for high-efficient commercial feed and healthy culture technology for yellowtail kingfish.

Key words: *Seriola lalandi*; gastrointestinal microbiota; growth; indoor tank culture; cage culture

Corresponding author: XU Yongjiang. E-mail: xuyj@ysfri.ac.cn