

罗非鱼混养对广西三江传统稻渔综合种养系统环境及其菌群多样性的影响

王 森¹, 莫洁琳², 韦领英², 莫 航², 杨世宇², 衣萌萌¹, 范梓健¹, 张紫玥¹, 卢迈新¹

(1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 农业农村部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室, 广东省水产动物免疫与绿色养殖重点实验室, 广东 广州 510380;
2. 广西三江侗族自治县水产技术推广站, 广西 三江 545500)

摘要: 研究罗非鱼混养对广西三江传统稻渔综合种养系统环境的影响, 可为科学推广稻田金边鲤-罗非鱼混养模式提供基础。2021年5-10月设置3个试验组和1个对照组研究不同密度混养对种养系统环境及菌群多样性的影响, 其中试验组内进行罗非鱼和金边鲤的混养, 对照组为鲤单养组。结果表明, 金边鲤的生长未受到罗非鱼混养的影响; 高通量测序结果显示水体中的主要菌群为变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria), 其次为拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和蓝菌门(Cyanobacteria), 主要功能为化能异养和有氧化能异养; 底泥中的主要菌群为变形菌门和绿弯菌门(Chloroflexi), 其次为酸杆菌门(Acidobacteria)、广古菌门(Euryarchaeota)和蓝菌门, 主要功能类群为甲烷生成和化能异养。罗非鱼高密度混养组稻田底泥中的总氮和硝酸盐氮含量有所下降, 水体中 *Polynucleobacter* 等水质良好的指示物种相对丰度增加, 罗非鱼混养对稻渔综合种养系统环境及其菌群产生了有益的影响。

关键词: 稻渔综合种养系统; 罗非鱼; 鲤; 水体; 底泥; 菌群; 高通量测序

中图分类号: S917.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-3075(2024)02-0141-07

我国是世界上稻渔共作最发达的国家, 2020年, 我国稻田养成鱼面积达到256万 hm^2 , 产量达325万 t, 占淡水养殖产量的10.5%(农业农村部渔业渔政管理局等, 2021)。稻田养鱼能充分利用稻田里的水资源和昆虫、杂草等生物资源, 降低种养殖对外界环境的影响, 提高系统的经济效益。同时稻田养殖的鱼类活动于稻田间, 可达到除草、除虫和增肥等效果, 生态效益显著(卢升高和黄冲平, 1988)。广西壮族自治区三江侗乡人民自古以来就有稻田养鱼的传统, 延续至今已有超千年的历史(吴良勇等, 2019)。三江地区稻渔综合种养以金边鲤(*Cyprinus carpio* var. *Jinbian*)为主, 品种单一, 并且养殖密度较低, 产量较低(张秋明等, 2019), 因此亟需改善养殖模式, 提高水产品产量。

鲤是我国淡水养殖的主要经济鱼类之一, 也是稻田养殖的主要鱼类品种。金边鲤是广西壮族自治区水产引育种中心针对稻田养殖以融水田鲤为基础群体而选育的鲤新品系(文衍红等, 2019)。鲤食性杂, 能摄食水生昆虫和底栖动物等动物性饵料(赵惠玲等, 2006)。罗非鱼为杂食性鱼类, 食谱广, 但通常以摄食浮游植物为主(王天宇, 1981)。三江地区稻田中的浮萍丰富, 浮萍与稻苗抢肥明显, 在稻田中单养金边鲤无法充分利用浮萍资源, 而作为偏植食性的鱼类, 罗非鱼偏好浮萍等植物性饵料。因此, 在传统稻鲤综合种养系统中混养罗非鱼可以充分利用稻田水体中的生物饵料, 提高资源利用率(莫洁琳等, 2019)。研究表明, 罗非鱼、鲤混养可以显著提高稻渔综合种养系统的经济效益(Frei et al, 2007)。在广西三江传统稻鲤综合种养系统中混养罗非鱼后, 经济效益显著高于单养鲤(莫洁琳等, 2019)。在广西三江地区, 稻田罗非鱼的售价达到30元/kg, 远高于池塘养殖罗非鱼的价格, 稻田养殖罗非鱼的市场前景良好, 适于进行大规模示范推广。但罗非鱼混养对稻渔综合种养系统的稻田水和底泥的理化指标和菌群多样性的影响还未见报道, 因此本研究拟探讨不同罗非鱼混养密度对广西三江地区传统稻渔综合种养系统环境及其菌群结构的影响, 以为科学推广相关技术提供参考。

收稿日期: 2022-02-22 修回日期: 2023-09-05

基金项目: 财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系资助项目(CARS-46); 中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(2021ZX04); 国家重点研发计划(2020YFD0900302)。

作者简介: 王森, 1984年生, 女, 副研究员, 水产养殖专业。E-mail: miaowfly@163.com

通信作者: 卢迈新, 男, 研究员。E-mail: mx-lu@163.com

1 材料与方法

1.1 研究对象

试验在广西壮族自治区三江侗族自治县“中国水产科学研究院珠江水产研究所稻渔健康生态研发基地(三江)”进行,选取 20 块面积各 $(423.33 \pm 37.33) \text{m}^2$ ($X \pm SE$) 的相邻稻田,水田开挖 10m^2 左右鱼坑,鱼坑深度 0.8m ,开“十”字形或“国”字形鱼沟,鱼沟宽 0.5m ,深 0.3m 。试验设置 3 个试验组(高密度混养组 A、中密度混养组 B、低密度混养组 C),1 个对照组(鲤单养组 D),每组 5 个重复,按照表 1 进行鱼种放养,试验组进行吉富罗非鱼(*Oreochromis niloticus*, GIFT strain)、金边鲤混养试验,对照组按照传统养殖模式只放养鲤。鲤放养时间为 2021 年 5 月 22 日,罗非鱼放养时间为 2021 年 6 月 16 日,鲤和罗非鱼收获时间为 2021 年 10 月 20 日,在整个试验过程中不投饵料。追肥时,排浅田水,使鱼集中在鱼沟或鱼坑内再施肥,所施的化肥被水稻和泥土吸收,补水到正常深度。

表 1 试验分组信息

Tab.1 Information on the experimental groups

分组	金边鲤		罗非鱼	
	放养密度 /尾·m ⁻²	放养规格 /g·尾 ⁻¹	放养密度 /尾·m ⁻²	放养规格 /g·尾 ⁻¹
高密度混养组 A	0.3	5	0.6	5
中密度混养组 B	0.3	5	0.4	5
低密度混养组 C	0.3	5	0.2	5
鲤单养组 (对照组) D	0.3	5	0	5

1.2 样品采集

养殖试验结束后,分别于每块试验田随机捞取鲤和罗非鱼各 5 尾,对照组 D 试验田仅捞取鲤 5 尾,测量试验鱼体重。在每块试验田 4 个角选取 4 个点,用 2 L 的采水器采集表层水体,用直径为 10 cm 的采泥器采集表层底泥,将 4 个点的样品混合,作为该块试验田的检测样本,水样和泥样各取 2 份,水样 2 份各 100 mL,泥样 1 份 50 g,1 份 1 g。100 mL 水样和 50 g 泥样用于理化指标检测,4 °C 保存,于 1 周内检测。另外 1 份 100 mL 水样和 1 g 泥样用于菌群的 16S rRNA 测序,其中水样经 $0.22 \mu\text{m}$ 的微孔滤膜过滤,将滤膜和底泥样品于 -80°C 保存待测。

1.3 水体和底泥理化指标测定

测定水样中氨氮(NH_4^+-N)、硝酸盐氮(NO_3^--N)、亚硝酸盐氮(NO_2^--N)、总氮(TN)、总磷(TP)的浓度,具体操作参照北京连华永兴科技发展有限公司的试剂盒说明书(LH-N2N3-100; LH-NO3-100; LH-NO2-100; LH-NT-100; LH-P1P2-100)。

测定底泥中的 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 、 NO_2^--N 、TN 的含量,将底泥自然风干后过 20 目筛,研磨成粉后取 10 g,溶于 100 mL 1 mol/L KCl,以 160 r/min 震荡处理 1 h,3 000 r/min 离心 10 min,取上清液测定,测定方法参照北京连华永兴科技发展有限公司的试剂盒说明书。

1.4 菌群的 16S rRNA 测序分析

采用 Quick-DNA™ 通用试剂盒(Zymo Research, 美国)从样品中提取总 DNA。使用 515f/806r 引物(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3' 和 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')进行 PCR 扩增,扩展区域为 V4 区。用两轮扩增法进行 PCR 扩增,使用 AMPure XP Beads 对第 2 轮扩增产物进行纯化,用 ABI StepOnePlus Real-Time PCR System (Life Technologies, 美国)进行定量,根据 Novaseq 6000 的 PE250 模式上机测序。使用 FLASH 软件对 16S rRNA 测序原始数据进行拼接,用 QIIME 软件包和 UPARSE 平台进行序列分析。

1.5 数据分析

使用软件 R 的 VEGAN 软件包分析菌群 α 多样性,通过基于加权 UniFrac 距离的主坐标分析(PCoA)评估菌群 β 多样性。用 Sigmoplot 对鱼体重量和水体、底泥理化指标进行作图。用 SPSS 21 对数据进行单因素方差分析;数据采用 $X \pm SE$ 表示。

2 结果与分析

2.1 不同混养密度对鲤和罗非鱼生长的影响

单因素方差分析结果表明不同组的罗非鱼和鲤收获体重均无显著差异(表 2)。罗非鱼收获平均体重均高于鲤收获平均体重,高密度混养组的产量是鲤单养组的 3.3 倍。

表 2 不同混养密度组鲤和罗非鱼的收获

Tab.2 Output of carps and tilapia in different groups

分组	金边鲤		罗非鱼	
	平均体重 /g	产量 /kg·hm ⁻²	平均体重 /g	产量 /kg·hm ⁻²
高密度混养组 A	68.53±21.54	205.59	91.04±13.98	546.24
中密度混养组 B	77.29±22.22	231.87	92.00±8.41	368.00
低密度混养组 C	63.03±7.60	189.09	72.12±17.87	144.24
鲤单养组 D	75.00±4.62	225.00	0	0

2.2 不同混养密度对稻田水体和底泥理化指标的影响

单因素方差分析结果表明,罗非鱼混养提高了稻田水体中 NO_3^--N 含量,降低了水体中的 TP 含量,但差异均不显著(图 1);罗非鱼混养降低了稻田底泥中的 TN 和 NO_3^--N 含量,其中罗非鱼高密度混养组

(A组)和罗非鱼中密度混养组(B组)稻田底泥中的 NO_3^- -N含量显著低于罗非鱼低密度混养组(C组)和鲤单养组(D组)($P<0.05$)(图2)。

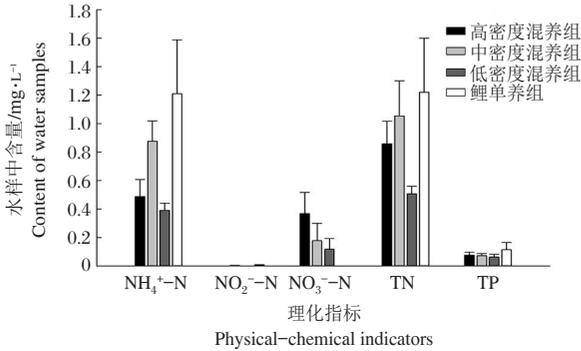
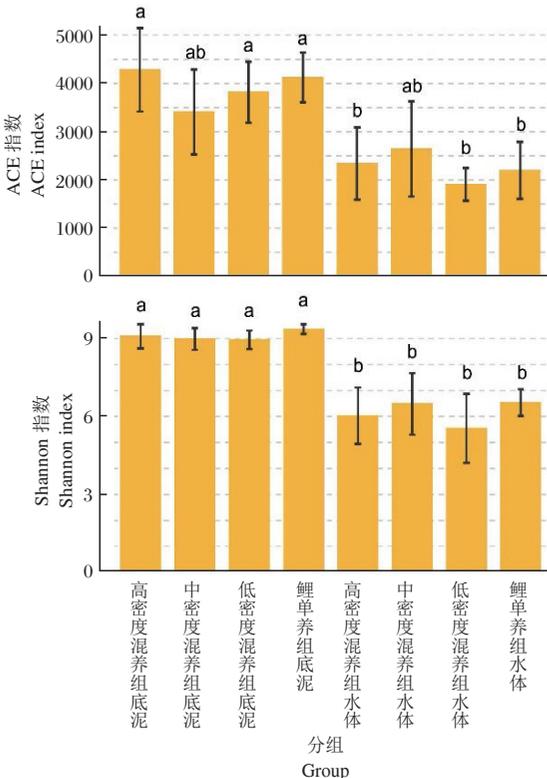


图1 不同混养密度组稻田水体理化指标

Fig.1 NH_4^+ -N, NO_2^- -N, NO_3^- -N, TN and TP contents of water in the paddy field with different tilapia densities

2.3 种养系统水体和底泥菌群结构特征

2.3.1 菌群多样性 利用ACE、Chao、Shannon、Simpson等指数对水体和底泥菌群的 α 多样性进行评估,底泥菌群的4个指数值均高于水体,说明底泥菌群的物种丰富度高于水体(图3)。利用主坐标分析(PCoA)评估 β 多样性,结果表明,底泥的样点有明显聚集,而水体的样点未出现明显聚集(图4)。

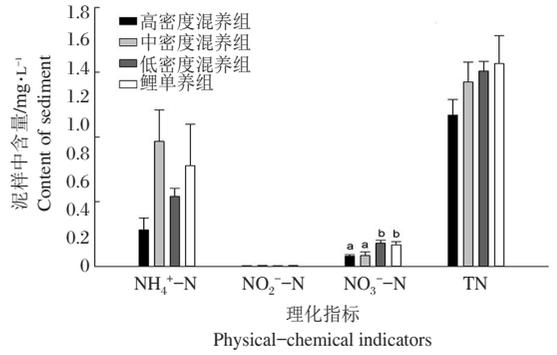


图中不同字母表示同一指标不同组之间的差异显著($P<0.05$),反之不显著($P>0.05$)

图3 水体和底泥菌群的 α 多样性

Different letters indicate significant differences between different groups of the same indicator ($P<0.05$), otherwise not significant ($P>0.05$)

Fig.3 The α diversity of microbiota in water and sediment samples



图中不同字母表示同一指标不同组之间的差异显著($P<0.05$),反之不显著($P>0.05$)

图2 不同混养密度组稻田泥样理化指标

Different letters indicate significant differences between different groups of the same indicator ($P<0.05$), otherwise not significant ($P>0.05$).

Fig.2 NH_4^+ -N, NO_2^- -N, NO_3^- -N and TN contents in sediments of the paddy field with different groups

2.3.2 基于门水平的水体和底泥微生物群落结构

在门水平上,水体中的变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度最高,其次为拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和蓝菌门(Cyanobacteria)。底泥中的变形菌门和绿弯菌门(Chloroflexi)的相对丰度最高,其次为酸杆菌门(Acidobacteria)、广古菌门(Euryarchaeota)、蓝菌门、拟杆

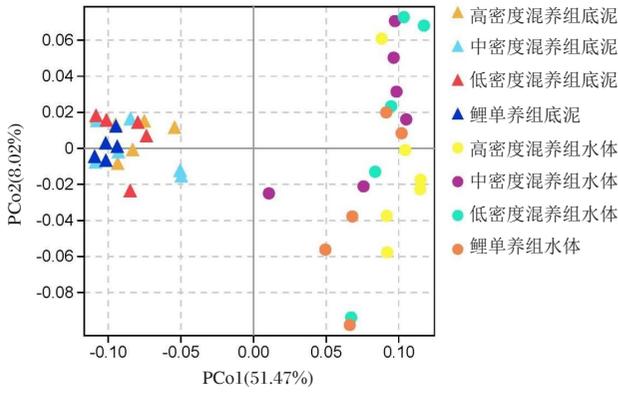


图 4 水体和底泥菌群的 PCoA 分析

Fig.4 PCoA analysis of microbiota in water and sediment samples

菌门、厚壁菌门、浮霉菌门(Planctomycetes)、放线菌门和疣微菌门(Verrucomicrobia)(图 5-a)。

2.3.3 基于属水平的水体和底泥微生物群落结构在属水平上,水体中 *Aurantimicrobium*、*Polynucleobacter*、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)、*Pseudarcicella*、*Clostridium_sensu_stricto_1*、*Sediminibacterium* 为主要菌属(图 5-b)。*Polynucleobacter* 和 *Clostridium_sensu_stricto_1* 的相对丰度在对照组最低,分枝杆菌属的相对丰度在对照组最高。底泥中 *Methanobacterium*、*Rhodomicrobium*、*Geobacter*、*Aquisphaera* 为主要菌属(图 5-b)。*Geobacter* 和 *Clostridium_sensu_stricto_1* 的相对丰度在对照组最低,*Rhodomicrobium* 的相对丰度在对照组最高。

2.3.4 基于属水平的细菌群落相关性 相关性分析结果表明,水体中的 *Polynucleobacter*、*Pseudarcicella* 和 TP 具有显著相关性($r=-0.468, P<0.05$; $r=-0.440, P<0.05$), *Cyanobium_PCC-6307* 和 TN 具有极显著相关性

($r=0.643, P<0.01$)。底泥中的 *Polynucleobacter*、*Pseudarcicella*、*Exiguobacterium*、*Candidatus_Competibacter*、*Cyanobium_PCC-6307*、*Acidovorax* 和 NO_2^- -N 具有显著相关性($r=-0.456, P<0.05$; $r=-0.538, P<0.01$; $r=-0.437, P<0.05$; $r=-0.445, P<0.05$; $r=-0.500, P<0.05$; $r=-0.453, P<0.05$), *Aquisphaera*、*Exiguobacterium*、*Cyanobium_PCC-6307* 和 NH_4^+ -N 具有显著相关性($r=0.422, P<0.05$; $r=-0.536, P<0.05$; $r=-0.468, P<0.05$)(图 6)。

2.3.5 基于 FAPROTAX 的菌群功能预测 利用 FAPROTAX 对菌群功能类型进行注释,结果显示,底泥菌群功能类型占比较高的为甲烷生成、化能异养、氢营养型产甲烷、叶绿体固氮功能、二氧化碳还原的甲烷生成、暗氢氧化、铁呼吸和发酵,水体菌群功能类型占比较高的为化能异养、需氧化能异养、叶绿体固氮功能、甲基营养、发酵和碳氢化合物降解(图 7)。

3 讨论

由于罗非鱼生长速度快,本研究设置的最大养殖密度为广西三江地区传统稻鲤养殖密度的 3 倍,但产量是鲤单养产量的 3.3 倍,达到 752 kg/hm^2 (莫洁琳等,2019)。在孟加拉国,稻田罗非鱼的产量为 $200\sim 400 \text{ kg/hm}^2$ (Frei & Becker,2005; Frei et al,2007);在越南,稻田罗非鱼的产量为 $291\sim 374 \text{ kg/hm}^2$ (Vromant et al,2002)。本研究混养组产量高于前人报道的稻田养殖罗非鱼,且罗非鱼混养并未影响传统金边鲤的产量,验证了该模式在我国广西三江地区的可行性。

由于罗非鱼对底层水的扰动作用,罗非鱼混养还能改善底泥的环境质量。本试验结果显示,稻田底泥 TN 和 NO_3^- -N 的含量跟罗非鱼的放养密度有关,放养密度较小的 C 组和金边鲤单养组与放养密度较大的 A、B 组差异明显。

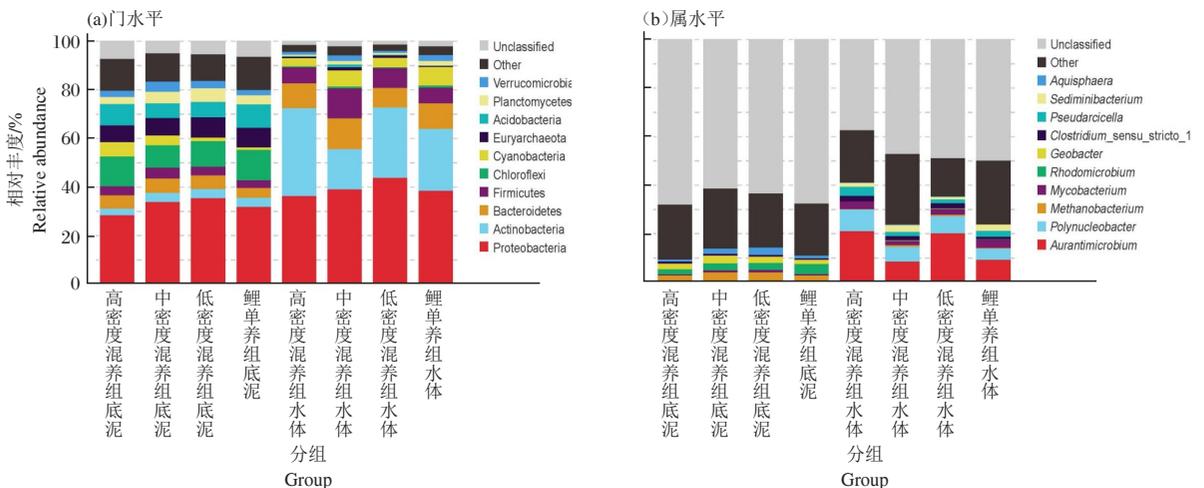


图 5 水体和底泥菌群在门和属水平上的物种相对丰度

Fig.5 Relative abundance of water and sediment microbiota at the phylum and genus levels

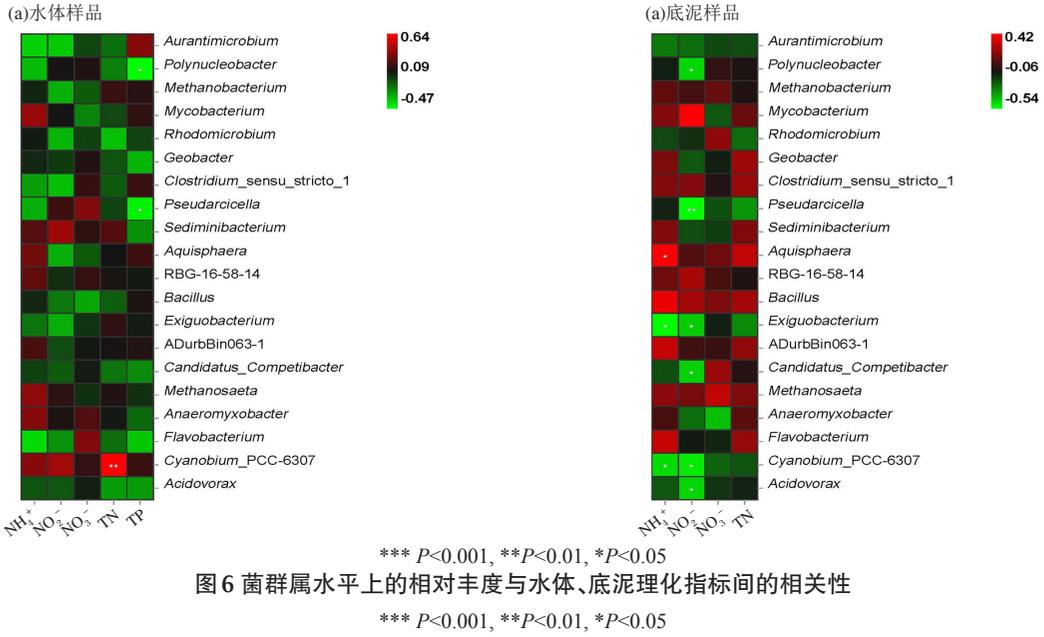


图6 菌群属水平上的相对丰度与水体、底泥理化指标间的相关性

Fig.6 Spearman correlation plot presenting the relationship between microbial abundance at genus level and physical and chemical indicators of water and sediment quality

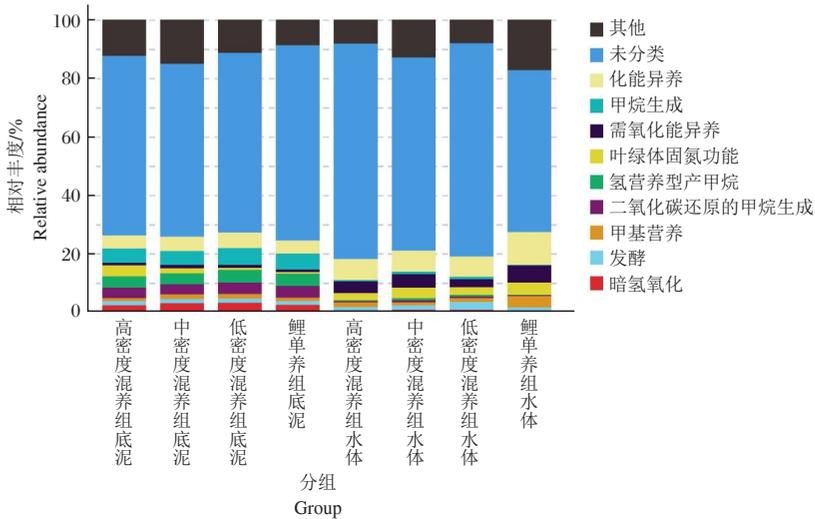


图7 水体和底泥细菌功能组成

Fig.7 Functional composition of the water and sediment microbiota in the paddy field

高通量测序结果发现,变形菌门和放线菌门是种养系统水体中的优势菌门,而底泥中相对丰度最高的菌门为变形菌门和绿弯菌门,这和前人对稻田环境菌群的研究结果一致(黄锦等,2020; 聂志娟等,2020; 王晓彤等,2021; Wang et al,2021)。在属水平上,底泥中*Methanobacterium*、*Rhodomicrobium*、*Geobacter*、*Aquisphaera*为主要菌属。其中*Methanobacterium*、*Rhodomicrobium*和*Geobacter*属细菌是稻田中的主要固氮菌(Magino & Stumm,1991; 戴相林,2020)。*Aurantimicrobium*、*Polynucleobacter*、分枝杆菌属、*Pseudarcicella*、*Clostridium_sensu_stricto_1*、*Sediminibacterium*为稻田水体中的主要菌属。研究表明,*Polynucleobacter*属是淡水

环境中的一个常见菌属(Hahn et al,2011),这类寡营养超微生物专门利用腐殖物质的光氧化产物,并能够将光作为能源。此外,该属的另一个重要特征是它往往不参与水华的发生,因此被认为是水质良好的指示物种(Hahn et al,2012; Salcher,2014)。本研究发现了这个菌属的相对丰度和稻田水体中的TP含量和底泥中的NO₃⁻-N含量呈负相关,且该菌属的相对丰度在鲤单养组中最低,表明罗非鱼混养对广西三江传统稻渔综合种养环境的微生物群落结构产生有益的影响。*Pseudarcicella*属细菌被认为是湖泊水质良好的指示菌(Guo et al,2021),本研究也发现其相对丰度和稻田水体中的TP含量和底泥中的NO₃⁻-N含量呈负相关。

细菌在稻田生态系统中起着非常重要的作用。研究稻田水体和底泥菌群的生态功能,有助于理解细菌群落的作用。稻田是农业生态系统中甲烷的主要排放源之一,其中甲烷氧化菌的氧化作用是稻田产生甲烷的途径之一(贾仲君和蔡祖聪,2003)。本研究发现,具有甲烷产生功能的菌群是底泥的主要功能菌群,而水体中的主要功能菌群为化能异养型。化能异养菌可消化分解养殖废水中的有机物,对于生态系统中的有机物质循环至关重要(Kampfer et al,1993),这种功能菌群也是人工湿地系统水体中的主要功能菌群(王飞鹏等,2022)。Purkamo等(2020)报道与化能异养功能和有氧化能异养功能相关的菌群包括变形菌门、放线菌门和厚壁菌门,这几个菌门也是本研究稻田水体的主要菌门。

本研究将罗非鱼按照不同密度和金边鲤混养,研究了罗非鱼混养对广西三江传统稻鲤综合种养系统环境及其菌群多样性的影响,结果发现,罗非鱼混养并未影响金边鲤的生长,且有益于稻田环境及其菌群结构;并首次报道了种养系统环境的菌群结构,发现具有甲烷产生功能和化能异养功能的菌群是该系统水体和底泥的主要功能菌群。

参考文献

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,2021. 中国渔业统计年鉴[M]. 北京:中国农业出版社.

戴相林,2020. 长期有机替代下稻田氮素转化的微生物学特征[D]. 北京:中国农业科学院.

黄锦,成永旭,王海锋,等,2020. 不同施肥模式下的稻—克氏原螯虾田块水体菌群初探[J]. 上海海洋大学学报,29(4):516–525.

贾仲君,蔡祖聪,2003. 水稻植株对稻田甲烷排放的影响[J]. 应用生态学报,14(11):28–31.

卢升高,黄冲平,1988. 稻田养鱼生态经济效益的初步分析[J]. 生态学杂志,(4):26–29.

莫洁琳,韦领英,陈子桂,等,2019. 高寒山区鲤鱼与罗非鱼稻田养殖模式及效益分析[J]. 水产科技情报,46(2):69–72.

聂志娟,李非凡,赵文武,等,2020. 哈尼梯田稻鲤共作模式下的微生物群落结构[J]. 水产学报,44(3):469–479.

王飞鹏,黄亚玲,张瑞瑞,等,2022. 不同曝气方式对人工湿地细菌多样性、代谢活性及功能的影响[J]. 环境科学,43(4):2007–2017.

王天宇,1981. 尼罗罗非鱼的食性观察[J]. 淡水渔业,(2):47–48.

王晓彤,靳振江,周军波,等,2021. 龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因素分析[J]. 农业资源与环境学报,38(3):365–376.

文衍红,滕忠作,王建波,等,2019. 金边鲤养殖资源、现状、前景展望和发展措施[J]. 养殖与饲料,(4):1–5.

吴良勇,屈炳宏,黄京华,2019. 广西三江稻田养鱼产业发展现状及对策分析[J]. 农村经济与科技,30(21):72–75.

张秋明,何金钊,陆专灵,等,2019. 三江稻渔生态系统[M]. 北京:海洋出版社.

赵惠玲,范海燕,赵惠卿,2006. 鲤鱼消化道组织学及组织化学研究[J]. 太原师范学院学报(自然科学版),5(2):125–128.

Frei M, Becker K, 2005. A greenhouse experiment on growth and yield effects in integrated rice–fish culture[J]. Aquaculture, 244(1/2/3/4):119–128.

Frei M, Razzak M A, Hossain M M, et al, 2007. Performance of common carp, *Cyprinus carpio* L. and Nile tilapia, *Oreochromis niloticus* (L.) in integrated rice–fish culture in Bangladesh[J]. Aquaculture, 262 (2):250–259.

Guo D, Liang J, Chen W, et al, 2021. Bacterial community analysis of two neighboring freshwater lakes originating from one lake[J]. Polish Journal of Environmental Studies, 30:111–117.

Hahn M W, Lang E, Brandt U, et al, 2011. *Polynucleobacter acidi-diphobus* sp. Nov., a representative of an abundant group of planktonic freshwater bacteria[J]. International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology, 61(4):788–94.

Hahn M W, Scheuerl T, Jezberová J, et al, 2012. The passive yet successful way of planktonic life: genomic and experimental analysis of the ecology of a free-living *Polynucleobacter* population[J]. PLoS ONE, 7(3):e32772.

Kampfer P, Steiof M, Becker P M, et al, 1993. Characterization of chemoheterotrophic bacteria associated with the in situ bioremediation of a waste–oil contaminated site[J]. Microbial Ecology, 26(2):161–188.

Magingo F S S, Stumm C K, 1991. Nitrogen fixation by *Methanobacterium formicicum*[J]. FEMS Microbiology Letters, 81(3):273–277.

Purkamo L, Kietvinen R, Nuppenen–Puputti M, et al, 2020. Ultra-deep microbial communities at 4.4 km within crystalline bedrock: implications for habitability in a planetary context[J]. Life, 10(1):2.

Salcher M M, 2014. Same same but different: ecological niche partitioning of planktonic freshwater prokaryotes[J]. Journal of Limnology, 73(1):74–87.

Vromant N, Duong L T, Ollevier F, 2002. Effect of fish on the yield and yield components of rice in integrated concurrent rice–fish systems[J]. Journal of Agricultural Science, 138(1):63–71.

Wang Y, Wang C, Chen Y, et al, 2021. Microbiome analysis reveals microecological balance in the emerging rice–crayfish integrated breeding mode[J]. Frontiers in microbiology, 12:669570.

Effects of Tilapia Polyculture on the Environment and Microbial Diversity of a Traditional Integrated Rice–Carp Aquaculture System in Sanjiang, Guangxi

WANG Miao¹, MO Jie-lin², WEI Ling-ying², MO Hang², YANG Shi-yu², YI Meng-meng¹,
FAN Zi-jian¹, ZHANG Zi-yue¹, LU Mai-xin¹

(1. Key Laboratory of Tropical & Subtropical Fishery Resource Application & Cultivation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Immunology and Sustainable Aquaculture, Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science, Guangzhou 510380, P.R. China;

2. Guangxi Sanjiang Dong Autonomous County Aquaculture Technology Promotion Station, Sanjiang 545500, P.R. China)

Abstract: Integrated rice–carp aquaculture systems have a long history in Sanjiang, Guangxi, but there have been problems in the system including low culture density and lack of diversity. In this study, tilapia was polycultured in the traditional rice–carp aquaculture system in Sanjiang, and we studied the effects of tilapia polyculture at different densities on water and sediment quality and the microbial diversity of the aquaculture system. The polyculture experiment using *Oreochromis niloticus* and carp in paddy field was carried out at a research station from May 22 to October 20, 2021, and four tilapia density treatments were set, including high (0.6 ind/m²), medium (0.4 ind/m²) and low (0.2 ind/m²) and a control group with carp only. After the experiment, five tilapia and carp specimens were randomly selected from each treatment and weighed, and water and sediment samples were obtained for determination of physical and chemical parameters. Results show that growth of the common carps was not affected by the presence of tilapia, and even the high density tilapia treatment group (0.6 ind/m²) did not reach the maximum carrying capacity of the system. Results of high–throughput sequencing show that the primary microbiota in the water of the integrated rice–fish co–culture system were Proteobacteria and Actinobacteria, followed by Bacteroides, Firmicutes and Cyanobacteria, with the primary functions of chemoheterotrophy and aerobic chemoheterotrophy. The primary microbiota in sediment were Proteobacteria and Chloroflexi, followed by Acidobacteria, Euryarchaeota and Cyanobacteria, with the primary functions of methanogenesis and chemoheterotrophy. Tilapia polyculture had a positive impact on the system environment and microbial diversity. In the high–density polyculture group, the contents of total nitrogen and nitrate nitrogen in the sediment of the paddy field decreased to some extent, and the relative abundance of indicator species of good water quality such as *Polynucleobacter* in water increased. This study provides a scientific basis for promoting polyculture of carp and tilapia in the paddy fields of Sanjiang, Guangxi.

Key words: integrated paddy field aquaculture system; tilapia; common carp; water; sediment; microbial community; high–throughput sequencing technology