

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20240122002

http://www.yykxjz.cn/

徐慧敏, 陈曦, 孟顺龙, 周剑, 范丁月, 范立民, 宋超, 裘丽萍, 李丹丹, 方龙香, 张露. 鱼菜共生系统中的微生物群落研究进展与展望. 渔业科学进展, 2025, 46(2): 15-26

XU H M, CHEN X, MENG S L, ZHOU J, FAN D Y, FAN L M, SONG C, QIU L P, LI D D, FANG L X, ZHANG L. Research progress and prospects of microbial communities in aquaponic systems. Progress in Fishery Sciences, 2025, 46(2): 15-26

## 鱼菜共生系统中的微生物群落研究进展与展望\*

徐慧敏<sup>1</sup> 陈曦<sup>1</sup> 孟顺龙<sup>1①</sup> 周剑<sup>2</sup> 范丁月<sup>1,3</sup> 范立民<sup>1</sup>  
宋超<sup>1</sup> 裘丽萍<sup>1</sup> 李丹丹<sup>1</sup> 方龙香<sup>1</sup> 张露<sup>2</sup>

- 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心 农业农村部水产品质量安全环境因子风险评估实验室(无锡)  
中国水产科学研究院内陆渔业生态环境和资源重点开放实验室 江苏 无锡 214081;
- 四川省农业科学院水产研究所 四川 成都 611731;
- 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306)

**摘要** 鱼菜共生技术模式是一种高效绿色健康的循环农业模式,对于解决水产养殖污染、淡水资源紧张和水产品质量安全等问题具有重要意义。在鱼菜共生系统中,微生物在营养元素转化和动植物生长健康调节等方面发挥着关键作用,深刻影响着鱼菜共生系统中的生态平衡。近年来,随着分子生物学技术和生物信息技术等快速发展,鱼菜共生系统中的微生物群落多样性、组成及部分功能特征已经得到了关注。本文首先对鱼菜共生技术模式的发展情况进行了简介,其次对近年来与鱼菜共生系统相关的微生物群落多样性、组成、功能及其环境驱动因素等研究进展进行了总结论述,同时,对目前相关研究中存在的限制性进行了讨论,最后对未来研究需要加强的发展方向进行了展望,以期为鱼菜共生技术模式的未来发展提供微生物角度的见解。

**关键词** 鱼菜共生; 微生物群落; 核心菌群; 元素循环; 群落构建机制

**中图分类号** S949 **文献标识码** A **文章编号** 2095-9869(2025)02-0015-12

鱼菜共生(aquaponics)是一种多学科交叉融合的新型复合种养殖技术模式,将水产养殖与水耕栽培有机结合,实现种养生产循环利用,可有效改善传统的水产养殖模式带来的大量养殖尾水排放、环境污染和资源浪费的负面影响(Yep *et al.*, 2019; Baganz *et al.*, 2022; 刘慧等, 2022),同时可以产出优质的水产品 and 蔬菜,从而达到生态、社会和经济效益的最大化。鱼菜共生系统一般由水产养殖、植物水培、运行动力和生物过滤4个单元组成(孙锐康等, 2023),也可配置补光系统、增氧设备等装置(李志娟等, 2019)。近年

来,鱼菜共生模式逐渐引起了国内外研究学者更多的关注(Yep *et al.*, 2019),目前就系统设计(Palm *et al.*, 2018)、曝气和过滤技术(Danaher *et al.*, 2013)、植物和鱼类的选择(Endut *et al.*, 2010)、营养平衡(Delaide *et al.*, 2016)、环境调控(Tyson *et al.*, 2011)、病害管理(Folorunso *et al.*, 2021)和智能化监测(刘永军等, 2022)等开展了广泛研究和讨论,为鱼菜共生系统的构建和运行提供了一定的技术支撑。

鱼菜共生系统运行的基本原理是利用水培蔬菜将水产养殖所产生的废弃物进行资源化利用,从而改

\* 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心基本科研业务费(2023JBFR01)、国家特色淡水鱼产业技术体系(CARS-46)和中国水产科学研究院基本科研业务费(2023TD18)共同资助。徐慧敏, Email: xuhuimin@ffrc.cn

① 通信作者: 孟顺龙, 研究员, Email: mengsl@ffrc.cn

收稿日期: 2024-01-22, 收修改稿日期: 2024-02-21

善养殖水环境,节约水资源,提高整个系统的氮磷等营养物质的使用效率(刘慧等, 2022)。在水产养殖单元所产生的废弃物主要是有机质和氨氮,其中氨氮可以被植物直接吸收利用,但有机质则需要经过微生物的降解作用逐步转化为无机营养盐,供植物吸收利用。氮循环是鱼菜共生系统中最为关键的元素循环过程。鱼菜共生系统中氮素的形态转化由氮循环功能微生物所调控。过高的氨氮浓度会同时对鱼类和植物造成胁迫(徐景涛, 2012; 何雅琪等, 2022),而过高的亚硝氮浓度对鱼类具有毒性作用(张蓉等, 2019)。除此以外,微生物在调控鱼类和植物生长方面也发挥着重要作用(Parfrey *et al.*, 2018)。因此,要维持鱼菜共生系统的稳定运行,不仅需要合理的系统设计,还需要深入理解鱼菜共生系统中鱼、植物以及微生物之间的生态平衡,其中微生物作为生物地球化学循环的关键驱动因子,对于维持鱼菜共生系统的生态平衡具有重要意义(Wongkiew *et al.*, 2017)。

近年来,随着分子生物学技术和生物信息技术等快速发展,学者们逐渐认识到了鱼菜共生系统中微生物群落组成与功能的高度多样化(Kasozi *et al.*, 2021)。了解鱼菜共生系统相关的微生物群落多样性、组成、功能及其环境驱动机制,对未来应用微生物技术调控鱼菜共生系统具有重要理论意义。因此,本文回顾与总结了近年来鱼菜共生相关的微生物群落研究进展,并对未来的研究方向进行了展望,旨在促进对鱼菜共生系统中微生物生态的深入理解,为未来开发微生物技术来发展和优化鱼菜共生养殖模式提供一定的见解。

## 1 鱼菜共生技术模式简介

鱼菜共生技术具有悠久的发展历史,最早可以追溯到中国农耕社会的稻田养鱼模式(李建柱, 2016)。联合国粮食及农业组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)将鱼菜共生技术进一步定义为循环水养殖和水耕栽培在一个生产系统中的集成(Somerville *et al.*, 2014)。此外, Baganz 等(2022)对鱼菜共生技术提出了更加细化的定义,认为狭义上的鱼菜共生技术是指水族箱养殖与植物水培进行结合的循环水养殖技术,其中水产养殖产生的水和废弃物在微生物作用下可用于植物灌溉及提供营养;而池塘鱼菜共生、鱼稻共生等将非水族箱水产养殖与植物种植结合起来的综合种养技术可以被定义为变式鱼菜共生技术(trans-aquaponics),与狭义上的鱼菜共生技术一起形成了鱼菜共生农业技术体系(aquaponics faming)。

尽管目前鱼菜共生技术并没有明确的统一定义,但鱼菜共生技术强调的是水产养殖和水耕栽培结合后形成的资源循环利用,本文讨论的鱼菜共生技术也是指这一资源循环利用技术。

根据水产养殖与水耕栽培的结合方式不同,鱼菜共生模式可以划分为原位鱼菜共生模式和异位鱼菜共生模式。原位鱼菜共生模式最常见的有池塘养殖-生态浮床模式,而异位鱼菜共生模式以循环水鱼菜共生为主,根据水培技术不同又可以划分为深水栽培式(deep water culture technique, DWC)、营养膜栽培式(nutrient film technique, NFT)、基质床栽培式(media bed technique, MBT)等模式。Maucieri 等(2018)指出,在已发表鱼菜共生技术相关文献中,43%使用的是MBT模式,33%使用的是DWC模式,15%使用的是NFT模式,仅有9%使用的是其他模式。在此,本文对常见的鱼菜共生模式进行简介,其包含的主要功能单元及其可能为微生物提供的微生境,详见表1。此外,早期鱼菜共生系统以耦合型系统(coupled aquaponics)为主,即水产养殖单元和水耕栽培单元组成的一个闭合水循环系统,整个系统只有一个水流方向(孙锐康等, 2023)。但由于在鱼菜共生系统中鱼类、植物及微生物生长的环境需求有所差异,且养殖尾水中的营养元素种类及浓度无法完全达到植物生长的需求(Ayipio *et al.*, 2019; Monsees *et al.*, 2019)。近年来,解耦型鱼菜共生模式(decoupled aquaponics)应运而生(Baganz *et al.*, 2022; Goddek *et al.*, 2015),该鱼菜共生模式更加注重围绕水生动物和植物的生长需求来进行营养和环境的精准调控,分别建立水产养殖和水耕栽培单元的独立子循环,子循环之间可以根据需要进行连通,从而实现资源循环利用(Rodgers *et al.*, 2022)。尽管鱼菜共生模式呈现多样化发展趋势,但微生物在鱼菜共生系统运行过程中的重要作用已被广泛报道。在鱼菜共生系统中包含着水产养殖、植物水培和生物过滤等多个功能单元,在这些不同的功能单元中存在着多样化的生态位,水体、鱼体及其代谢产物、植物、基质材料等不同微生境支持着鱼菜共生系统中复杂多变的微生物群落多样性、组成及功能,深刻影响着鱼菜共生系统的稳定长效运行。

## 2 鱼菜共生系统中微生物群落的研究手段

微生物在各类生境中广泛分布着,其具有个体微小、繁殖速度快、扩散能力强和易发生变异等特点,因此,准确评估微生物群落组成和功能对于了解微生物在生态环境中的作用机制是至关重要的。据估计,

表 1 常见的鱼菜共生模式及其涉及的微生物生态位简介  
Tab.1 Introduction for common aquaponics modes and their related microbial niche

模式 Mode	简介 Description	主要功能单元 Main functional units	主要微生境 Main microhabitats	文献 References
原位模式: 水产养殖单元与 水培单元直接共 生, 不存在固定 的水流方向。	池塘养 殖-生 态浮床 模式 在养殖池塘直接铺设生态浮床, 浮床上 种植经济水生植物, 为防止植物根部被 鱼类摄食, 一般采用 PE 网片作为固定 植物的载体。	水产养殖单元(池 塘)、水培单元(即 生态浮床)	水体、沉积物、 鱼肠道、根际、 根内等。	范立民 等(2023); 李建柱 等(2016); 刘晓峰 等(2023)
异位模式: 在循环水养殖 系统的基础上 增加水培单元, 存在单向的水 流方向。	基质床 栽培式 植物定植在基质填充的种植床内(例如 陶粒、鹅卵石、火山石等), 基质的多 孔特征及其丰富的矿物质有利于植物 根系吸收营养。在水位的动态变化下, 植物根部处于有氧-缺氧的波动环境 中。	水产养殖单元、生 物过滤单元、植物 水培单元	水体、沉积物(鱼 类排泄物)、鱼肠 道、根际、根内、 基质材料表面 等。	Fischer 等(2021); Khalil 等 (2021); Lennard 等(2006); Schmautz 等 (2017)
	深水栽 培式 植物依托浮床、种植篮等支撑性配件悬 浮在水中, 植物的根系完全暴露在水中 进行养分吸收, 需要增加曝气装置为植 物根系供氧。			
	营养膜 栽培式 一般使用塑料材质管道顶部开孔方式 对植物根系进行固定, 植物的根系完全 暴露在水中进行养分吸收, 但植物根系 生长空间有限。			

超过 90% 的微生物均无法在实验室进行纯培养 (Kellenberger, 2001), 因此, 纯培养技术和显微镜细胞计数等传统方法对分析环境中微生物群落组成与功能具有较大的限制性。近年来, 随着分子生物学和生物信息学等技术的快速发展, 以扩增子高通量测序和宏基因组测序为代表的基因组学技术为分析复杂的微生物群落组成提供了有力支撑(孙欣等, 2013), 研究学者也逐渐意识到该技术在鱼菜共生技术研究中的重要性(Munguia-Fragozo *et al*, 2015)。扩增子高通量测序技术已经被应用于探究鱼菜共生系统中的细菌群落多样性与组成。例如, 李建柱(2016)使用 16S rRNA 基因扩增子高通量测序技术探究了鱼菜共生模式下养殖水体、沉积物及鱼肠道中的细菌群落组成。Schmautz 等(2017)运用同一技术手段分析了鱼菜共生系统中养殖池、生物过滤池、蔬菜池等不同部分的细菌群落组成。此外, 荧光定量 PCR 技术也被应用于鱼菜共生系统中氮循环功能微生物丰度的测定分析。Derikvand 等(2021)应用荧光定量 PCR 技术分析鱼菜共生系统生物过滤器中的氨氧化细菌(ammonia-oxidizing bacteria, AOB)和氨氧化古菌(ammonia-oxidizing archaea, AOA)等氮循环功能微生物的丰度。同样地, Gao 等(2022)使用这一技术定量分析了鱼菜

共生系统中硝化过程相关功能基因的丰度。整体而言, 这些分子生物学和生物信息学等技术的应用加深了我们对鱼菜共生系统中微生物群落多样性、组成及其在氮素循环中的功能机制的理解。

### 3 鱼菜共生系统中的微生物群落多样性、组成与功能

#### 3.1 鱼菜共生系统中的微生物群落多样性

微生物多样性对于维持生态系统的功能、系统稳定与恢复具有至关重要的作用, 物种数、ACE 指数、Chao 1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数等群落丰富度和均匀度指标对于评估微生物群落多样性具有关键指示意义。目前, 已有相关研究探索了不同模式下的鱼菜共生系统中微生物群落多样性特征。例如, 李建柱等(2016)研究表明, 空心菜浮床增加了养殖水体和沉积物中细菌群落的丰富度, 但相对于对照池塘, 鱼菜共生池塘养殖水体中细菌群落的 Shannon 多样性与 Simpson 多样性均有所下降。另一项相似的研究结果表明, 在蔬菜长势较好的情况下, 铺设了生态浮床的鱼菜共生池塘中养殖水体细菌群落丰富度要明显高于对照池塘(杨天燕等, 2019)。但是在沉积物

中,鱼菜共生池塘养殖模式下细菌群落多样性与精养池塘并无显著差异(章海鑫等, 2021)。在循环水鱼菜共生系统(DWC 和 MBT 模式)与循环水养殖系统的比较分析中,有研究表明,鱼菜共生系统水体中的细菌丰富度(种水平)和 Shannon 多样性指数均高于循环水养殖系统(Fischer *et al*, 2021)。目前,尽管鱼菜共生系统和普通水产养殖系统中微生物多样性的比较研究不够充足,但鱼菜共生系统中的生态位要更加多样化和复杂化,基本可以发现鱼菜共生系统水体细菌群落多样性高于普通水产养殖系统,这种更高的微生物多样性趋势可能意味着对鱼菜共生系统多功能性的积极推动作用(van der Plas, 2019)。

在鱼菜共生系统内部,不同功能单元的微生物群落多样性也存在明显的差异。一项基于 16S rRNA 扩增子高通量测序技术的实验研究表明,在循环水鱼菜共生系统(DWC 模式)中,鱼池附生细菌群落与生物过滤器、根际等微生物群落多样性(Shannon 多样性指数)保持相近的水平,但远远高于鱼粪中细菌群落多样性(Schmautz *et al*, 2017)。此外, Kasozi 等(2020)分析了循环水鱼菜共生系统(MBT 模式)植物水培单元不同区域(干燥区、植物根际区、有机质矿化区和出水区)的微生物多样性,发现植物根际区域和有机质矿化区域的细菌群落多样性明显高于干燥区和出水区。Schmautz 等(2022)研究了鱼菜共生系统(DWC 模式)中好氧环境(养殖池、蓄水池、蔬菜池、植物根际)和厌氧环境(鱼粪和活性污泥等)中的细菌和古菌群落多样性,发现好氧环境中微生物多样性更高。整体而言,鱼菜共生系统内部的微生物多样性存在明显的空间分布特征,多种因素可能驱动着微生物多样性的形成,并深刻影响着微生物群落功能和系统稳定性。

### 3.2 鱼菜共生系统中的微生物群落组成

鱼菜共生系统中的微生物群落组成信息对于反映系统特征、指示水生生物的健康水平和生长状态具有重要作用(Vallance *et al*, 2011; Parfrey *et al*, 2018; 刘培敏等, 2022)。Eck 等(2019)使用高通量测序技术探究了循环水养殖系统、耦合及解耦型循环水鱼菜共生系统中的微生物群落组成,发现所有样品中仅存在着 4 个共有可操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU),分别隶属于  $\alpha$ -变形菌纲(Alphaproteobacteria)、草酸杆菌科(Oxalobacteraceae)、丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)和醋杆菌属(*Cetobacterium*),而这些类群普遍存在于水产养殖系统和鱼菜共生系统中,主要分布在鱼肠道、植物根系等微生境中(Itoi *et al*, 2007; Schmautz *et al*, 2017)。此外, 2 种鱼菜共生系统生物过滤器中

的优势细菌类群仍然与循环水养殖系统存在明显差异,植物的存在极大地影响着细菌群落的组成(Eck *et al*, 2019)。但是,水生动物的存在是否深刻影响着植物相关的微生物群落组成仍是未知的。

近年来,核心菌群的概念已经被广泛应用于微生物生态的各项研究中,识别生态系统中的核心菌群对于理解微生物在维持生态系统稳定性方面的作用具有关键意义(Neu *et al*, 2021)。有研究显示, 2 种不同的鱼菜共生系统(耦合型和解耦型)中存在着由 17 个 OTUs 所组成的核心微生物群组,其分类学信息包含蛭弧菌属(*Bdellovibrio*)、*Luteolibacter* 属、红杆菌属(*Rhodobacter*)和硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)等(Eck *et al*, 2019)。但是,也有研究阐释了在鱼菜共生系统中不同功能单元的微生物群落组成存在显著差异(Schmautz *et al*, 2017、2022)。例如, Schmautz 等(2017)研究表明,生物过滤单元、水产养殖单元及植物水培单元的优势菌群不同;生物过滤单元中会富集隶属于放线菌门(Actinobacteria)的类群,隶属于鞘脂单胞菌目(Sphingomonadales)和黄色单胞菌目(Xanthomonadales)的类群则更加倾向于富集在水产养殖单元的附生细菌群落中,植物水培单元的根际附生群落中则以嗜甲基菌目(Methylophilales)为优势类群。不同功能单元的优势菌群差异可能意味着整个鱼菜共生系统呈现更加多样化的功能特征。此外,针对氮循环功能微生物,尤其是参与硝化反应的功能微生物的研究表明,鱼菜共生系统中的主要硝化微生物隶属于硝化杆菌属(*Nitrobacter*)、亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)和硝化螺旋菌属,其中隶属于硝化螺旋菌属的微生物类群是丰度最高的硝化微生物(Bartelme *et al*, 2017; Schmautz *et al*, 2017; Wongkiew *et al*, 2018)。这些硝化微生物也常见于其他脱氮系统(张龙等, 2023; 李秋芬等, 2024)。

### 3.3 鱼菜共生系统中的微生物群落功能

#### 3.3.1 微生物在鱼菜共生系统元素循环中的作用

微生物在水产环境中具有可观的生物量和多样性,在维系水产养殖系统的生态平衡、促进元素良性循环过程中发挥着无可替代的巨大作用(刘培敏等, 2022)。在循环水鱼菜共生系统构建过程中,建立高效的“硝化”功能单元(即生物过滤器)是系统设计及构建的重点之一(Somerville *et al*, 2014)。在池塘养殖-生态浮床模式下,植物根际的硝化潜力也是近年来的研究热点(邱楚雯等, 2021)。由此可见,在鱼菜共生系统中,氮循环是最重要的元素循环过程之一。鱼菜共生系统中的氮循环包含了硝化作用(nitrification)、

反硝化作用(denitrification)、固氮(nitrogen fixation)等过程。其中,参与硝化作用的硝化微生物被认为是鱼菜共生系统中的有益菌群,受到了广泛的关注与研究。硝化微生物可以将对鱼类有害的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  和  $\text{NO}_2^-\text{-N}$  氧化为无害的  $\text{NO}_3^-\text{-N}$ ,且高浓度  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  也会对植物产生胁迫(Hu *et al.*, 2015)。 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  可以通过多种途径氧化为  $\text{NO}_3^-\text{-N}$ ;首先,在氨氧化细菌或者氨氧化古菌的作用下,  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  可以先氧化为  $\text{NO}_2^-\text{-N}$  (Rotthauwe *et al.*, 1997; Francis *et al.*, 2005),再在亚硝化细菌(nitrite-oxidizing bacteria, NOB)的作用下进一步氧化为  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  (Daims *et al.*, 2001)。此外,随着完全硝化过程(complete ammonia oxidation, Comammox)被发现,在 Comammox 细菌的作用下  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  可以一步被氧化为  $\text{NO}_3^-\text{-N}$ ,不会产生中间产物  $\text{NO}_2^-\text{-N}$  (Daims *et al.*, 2015)。

在鱼菜共生系统中,生物过滤器和植物根际是硝化微生物极易富集和定植的微生物微境。Schmautz 等(2017)在循环水鱼菜共生系统的生物过滤器样本中检测到了较高丰度的硝化螺旋菌属细菌。隶属于硝化螺旋菌属的细菌类群具有较高的系统发育多样性,是典型的 NOB 类群,但隶属于硝化螺旋菌属谱系 II 的部分细菌类群可以执行完全硝化过程(Daims *et al.*, 2015)。Schmautz 等(2017)同样发现,在生物过滤器和植物根际样本中存在少量的隶属于亚硝化单胞菌目(Nitrosomonadales)和硝化杆菌属的微生物类群。隶属于亚硝化单胞菌目的细菌类群具有氨氧化功能,是 AOB 类群,但硝化杆菌属细菌是 NOB 类群(Pepper *et al.*, 2015)。此外,另一项鱼菜共生系统中微生物群落组成研究中也发现,生物过滤器和植物生长环境中具有较高丰度的隶属于硝化螺旋菌属的细菌类群(Schmautz *et al.*, 2022)。他们还发现,在这 2 个功能单元中还存在着疑似 AOA 的古菌类群,隶属于奇古菌门(Thaumarchaeota)。另外,在水产养殖单元检测到了隶属于 Brocadiales 菌目的微生物类群,该类微生物可以执行厌氧氨氧化过程(anammox)(van Niftrik *et al.*, 2012)。由此可见,在鱼菜共生系统中存在着功能丰富的硝化微生物,但由于缺乏功能基因丰度数据,仍然无法区分该循环水鱼菜共生系统的生物过滤器中的主要硝化过程。

除了硝化过程,反硝化过程在鱼菜共生系统中也有相关报道。邹艺娜等(2015)研究表明,在鱼菜共生系统运行过程中,以氧化亚氮( $\text{N}_2\text{O}$ )形式释放的氮素约占氮素总输入的 1.54%,说明反硝化微生物在鱼菜共生系统同样发挥着重要作用(Zou *et al.*, 2016a、2016b)。固氮过程也是氮循环的重要组成部分,有研

究表明,在鱼菜共生系统的多个组分中均检测到固氮微生物的存在,例如,隶属于新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)的细菌类群和隶属于甲烷八叠细菌科(Methanosarcinaceae)的古菌类群(Schmautz *et al.*, 2022)。此外,在鱼菜共生系统的厌氧污泥样本中还发现了参与异化硝酸还原为铵过程(dissimilatory nitrate reduction to ammonium, DNRA)的微生物类群,例如,隶属于脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)、*Ignavibacterium* 菌属、*Draconibacteriaceae* 菌科、全噬菌科(Holophagaceae)以及暖绳菌科(Caldilineaceae)的相关细菌类群。

整体而言,鱼菜共生系统中存在着非常活跃的氮循环功能微生物,参与系统中的氮素转化,但大部分功能主要基于扩增子测序数据的分类学注释,这些氮循环功能微生物是否功能活跃,鱼菜共生系统中不同组分的氮循环主导过程是什么,仍然是不清晰的。此外,目前也仍然缺乏对于鱼菜共生系统中参与碳、磷、硫、铁等其他元素循环的功能微生物的研究,这也在很大程度上限制了我们对于鱼菜共生系统运行机制的理解。

**3.3.2 微生物与鱼类和植物健康的关系** 在鱼菜共生系统中,对鱼类和植物健康有风险的致病微生物可能在系统构建及运行过程中被引入系统,而鱼菜共生系统的水循环为这些致病微生物的繁殖与扩散提供了有利环境(Mori *et al.*, 2019)。因此,对于致病微生物的防治也至关重要。Mori 等(2019)研究发现,尽管在水产养殖系统和水培系统中均有关于致病微生物传播的相关报道,但并无关于鱼菜共生系统中致病微生物传播的报道。此外,有研究指出,罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)循环水养殖环境中的微生物群落可以作为促进植物生长微生物(plant growth promoting microorganisms, PGPMs)的潜在物种库(Sanchez *et al.*, 2019),水产养殖单元的微生物在植物水培单元的定植可能对于植物产量有着正向影响(Bartelme *et al.*, 2018; Eck *et al.*, 2019)。此外,在循环水养殖系统和鱼菜共生系统中分离得到的多个菌株对于植物抵抗霉菌感染具有积极作用(Khalil *et al.*, 2021; Stouvenakers *et al.*, 2023)。在理论上,尽管鱼菜共生系统水产养殖单元可能存在对植物有利的微生物类群,但目前我们仍不清楚这些有益微生物能否在植物根部定植,进而调控植物的健康(Parfrey *et al.*, 2018)。

在鱼菜共生系统中,鱼类和植物的健康状况同样受到其宿主微生物的显著影响,尤其在抵抗病害方面。肠道微生物和根际微生物群落是促进宿主健康的关键因素,在多个水平上提供保护机制以对抗病原的侵袭(Mueller *et al.*, 2015)。对鱼类来说,肠道微生物

群落是鱼类健康的基石,影响着营养吸收、免疫功能及抵抗病原体的能力(Wang *et al*, 2018)。肠道微生物群落通过多种机制,如生产抗微生物肽和短链脂肪酸,维护肠道上皮屏障的完整性,并激活宿主免疫细胞,从而发挥其抗病功能(Pérez *et al*, 2010)。属于乳杆菌属(*Lactobacillus*)和双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)的益生菌可以提高鱼类对疾病的抵抗力,有助于抑制病原体的生长(Song *et al*, 2014)。此外,肠道微生物的多样性对鱼类的健康影响至关重要,有研究表明,微生物群落的多样性与提高疾病抵抗力之间存在关联(Sullam *et al*, 2012)。在植物方面,根际微生物群落可以为植物提供营养、促进生长和提高对抗病原体的能力。植物根系通过分泌根渗液,吸引并培养了具有益生效应的微生物群体,与植物形成共生关系(Xiong *et al*, 2020)。这些微生物可以直接通过产生抗生素、溶菌酶,继而破坏病原体来抵抗病害,或者通过激活植物的系统性抵抗力来间接对抗疾病(Compant *et al*, 2005)。由于鱼菜共生系统中鱼类健康和植物健康之间存在密切相关性,宿主微生物的健康亦呈现出重要的交互作用。接种特定种类的微生物,如实施肠道益生菌和根际促生菌的接种策略,或许可以提升系统的整体健康和运行稳定性。未来研究需聚焦于深入理解鱼菜共生系统中宿主微生物与宿主抵抗病害的相互作用,并开发出更有效的微生物管理策略,提升鱼菜共生系统的运行稳定性和生产效率。

#### 4 鱼菜共生系统中微生物群落的形成机制

鱼菜共生系统中的微生物群落具有动态变化特征,其多样性和组成受到多个生态过程的共同驱动影响,根据微生物生态学中的群落构建机制理论(Chesson, 2000; 牛克昌等, 2009; Vellend, 2010; 贺纪正等, 2015; Zhou *et al*, 2017),结合鱼菜共生系统特质,我们提出了鱼菜共生系统中微生物群落形成机制的框架(图 1)。

在鱼菜共生系统构建时,微生物主要来源于输入的水、鱼类、植物种子和介质等,因此,宿主选择、生态位选择等过程对于该阶段的微生物群落形成具有重要驱动作用。随着系统运行,微生物群落的时空分布受到系统中的非生物因素的驱动影响,例如,溶解氧和养分水平(Munguia-Fragozo *et al*, 2015)。Kasozi 等(2021)总结了在鱼菜共生系统中温度、pH、溶解氧、碳氮比等多个环境因素显著影响着微生物群落组成和活性,尤其是硝化微生物的组成和活性(Kasozi *et al*, 2021)。这些非生物因素通过同质化选择

或者异质化选择使得不同组分的微生物群落组成趋向相似或者相异。尽管多种非生物因素影响微生物群落组成动态变化,但在鱼菜共生系统运行过程中,这些因素将如何共同调控不同微生物群落组成从而影响系统运行,仍然是未知的。

除了环境变化引起的微生物群落演替,微生物扩散、物种互作、生态漂变以及多样化过程等生态过程对微生物群落的塑造也有着重要影响(Dini-Andreote *et al*, 2015; Röttgers *et al*, 2018; Castledine *et al*, 2020)。鱼菜共生系统作为一个小型的复杂生态系统,包含着鱼类、植物等宿主相关的微生物、水体中浮游的微生物、各种生物膜上附生的微生物等,在水流的作用下不同生态位的微生物群落不断进行碰撞和融合,鱼菜共生系统很有可能会逐渐演替形成区别于单独水产养殖/植物水培系统的微生物群落多样性和组成。然而,目前我们仍不清楚鱼菜共生系统中长期存在的微生物混合能否改变不同部分的微生物类群,尤其是鱼类和植物这一类宿主相关的微生物群落组成是否会受到这种过程的影响。此外,这些生态过程相互结合,共同作用于鱼菜共生系统中的微生物群落构建,但不同生态过程对鱼菜共生系统中微生物群落构建的相对贡献如何,仍是未知的。

#### 5 研究展望

综上所述,得益于多学科的融合和多组学技术的发展,近年来鱼菜共生系统中微生物群落研究逐渐兴起。现有研究主要集中在细菌上,详细分析了鱼菜共生系统中细菌多样性、组成、功能以及环境驱动因子等,识别了一系列核心功能微生物,这些微生物涉及氨氧化、亚硝化、全程硝化等关键氮循环过程,直接影响到系统的氮循环和系统运行的稳定性。为了更好地理解鱼菜共生系统中微生物群落对于鱼菜共生系统稳定高效运行的作用机制,我们还需要更加系统地探究鱼菜共生系统中不同微生物类群多样性、组成和功能的分布特征和形成机制,解析不同微生物类群在鱼菜共生系统中的关键功能过程及其对系统稳定高效运行的影响机制,以期将来可以通过微生物控制手段对鱼菜共生系统进行调控。未来关于鱼菜共生系统中的微生物群落研究,还可以在以下几方面深入探讨:

(1)真核微生物在鱼菜共生系统中的分布特征:目前,大部分研究均聚焦于鱼菜共生系统中不同部分的细菌群落组成,但忽略了真菌及其他微型真核生物的重要性。例如,丛枝菌根真菌(*Arbuscular mycorrhizal fungi*, AMF)是典型的根际微生物类群,在磷元素含量不高的情况下可以促进植物对磷元素的吸收利用,尤

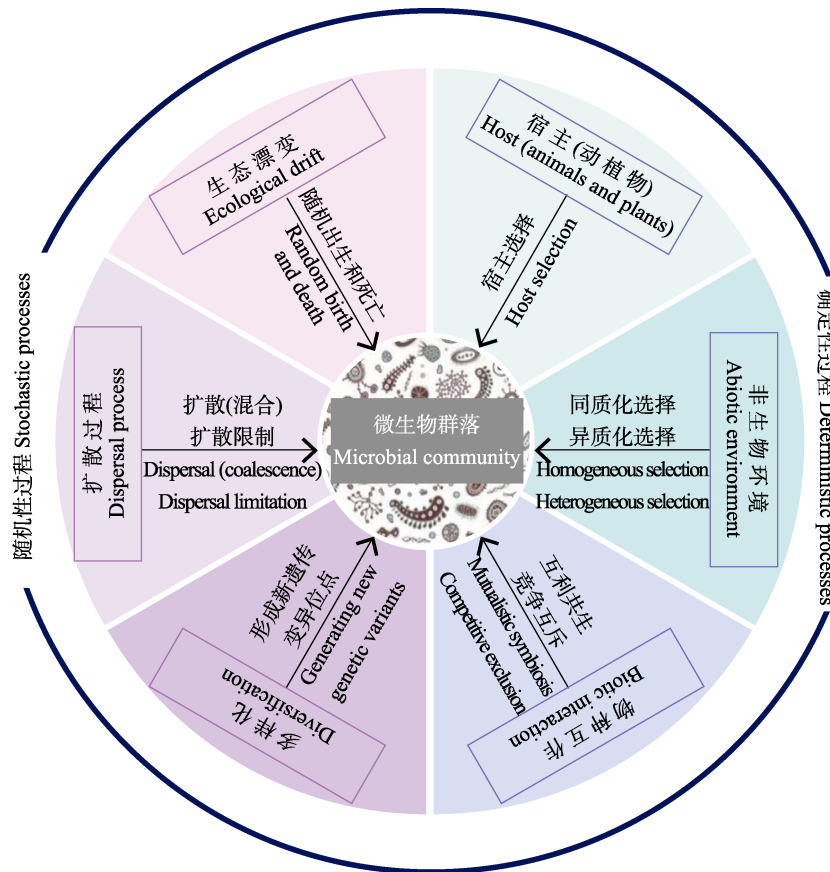


图 1 鱼菜共生系统中微生物群落形成机制框架

Fig.1 The framework of mechanisms of the assembly of microbial communities in aquaponics systems

其在鱼菜共生系统这种相对缺磷的环境中(Cerozi *et al*, 2017)。浮游植物可以降低氨氮浓度, 同时也可能和植物竞争氮磷等营养元素, 而浮游动物作为微生物食物网里的捕食者, 影响着细菌、真菌以及浮游植物的组成和生物量。此外, 浮游动物中的某些类群会破坏植物根系, 从而对系统运行产生负面影响。因此, 未来需要进一步研究真核微生物的群落结构、丰度和多样性, 评估他们对养殖环境和植物生长的具体影响, 识别在系统健康和产量方面的关键真核微生物。

(2)鱼菜共生系统中微生物群落多样性与功能的维持机制: 微生物群落多样性与功能的维持机制研究旨在揭示不同生态过程对微生物多样性和功能的驱动(牛克昌等, 2009; 高程等, 2022)。现有研究已经初步探究了温度、pH、溶解氧等环境因子对细菌群落组成的影响, 但对生物因素驱动细菌、真菌、古菌等不同微生物群落多样性以及微生物群落功能的认识仍然较为缺乏。微生物之间存在着广泛的相互作用, 如共生、共存、寄生、对抗等, 其中, 信号识别与交流、资源竞争与分配、物理和化学对抗、基因流以及群感效应等复杂过程均涉及其中(Röttjers *et al*, 2018)。因

此, 明确不同微生物类群之间的互动模式, 解析非生物因素、生物因素如何共同维持群落结构和功能, 对于未来通过环境和生物调控手段来建立适合鱼菜共生系统的核心微生物群落具有重要意义。

(3)微生物多样性与功能对鱼菜共生系统稳定运行的影响: 生物多样性与生态系统功能之间的关系是生态学的重要研究领域。尽管我们已经初步了解到鱼菜共生系统中的微生物群落多样性、组成及氮循环相关功能特征, 但我们对于微生物群落多样性和功能如何影响鱼类、植物生长与产量、养殖环境稳定等仍然知之甚少。因此, 未来需深入开展微生物多样性与鱼菜共生系统稳定运行之间的关系研究, 识别高效微生物功能群体, 达到提高系统的物质循环效率和最终产量的效果。在此基础上, 可以探索通过增加系统微生物的多样性或增加特定功能微生物丰度来提高系统效率和稳定性的策略。

### 参 考 文 献

AYIPIO E, WELLS D E, MCQUILLING A, *et al*. Comparisons between aquaponic and conventional hydroponic crop yields:

- A meta-analysis. *Sustainability*, 2019, 11(22): 6511
- BAGANZ G F M, JUNGE R, PORTELLA M C, *et al.* The aquaponic principle—It is all about coupling. *Reviews in Aquaculture*, 2022, 14(1): 252–264
- BARTELME R P, MCLELLAN S L, NEWTON R J. Freshwater recirculating aquaculture system operations drive biofilter bacterial community shifts around a stable nitrifying consortium of ammonia-oxidizing *Archaea* and comammox *Nitrospira*. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 101
- BARTELME R P, OYSERMAN B, BLOM J E, *et al.* Stripping away the soil: Plant growth promoting microbiology opportunities in aquaponics. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 8
- CASTLEDINE M, SIEROCINSKI P, PADFIELD D, *et al.* Community coalescence: An eco-evolutionary perspective. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences*, 2020, 375: 20190252
- CEROZI B S, FITZSIMMONS K. Phosphorus dynamics modeling and mass balance in an aquaponics system. *Agricultural Systems*, 2017, 153: 94–100
- CHESSON P. Mechanisms of maintenance of species diversity. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 2000, 31: 343–366
- COMPANT S, DUFFY B, NOWAK J, *et al.* Use of plant growth-promoting bacteria for biocontrol of plant diseases: Principles, mechanisms of action, and future prospects. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(9): 4951–4959
- DAIMS H, LEBEDEVA E V, PJEVAC P, *et al.* Complete nitrification by *Nitrospira* bacteria. *Nature*, 2015, 528(7583): 504–509
- DAIMS H, NIELSEN J L, NIELSEN P H, *et al.* *In situ* characterization of *Nitrospira*-like nitrite oxidizing bacteria active in wastewater treatment plants. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(11): 5273–5284
- DANAHER J J, SHULTZ R C, RAKOCY J E, *et al.* Alternative solids removal for warm water recirculating raft aquaponic systems. *Journal of the World Aquaculture Society*, 2013, 44(3): 374–383
- DELAIDE B, GODDEK S, GOTT J, *et al.* Lettuce (*Lactuca sativa* L. var. *Sucrino*) growth performance in complemented aquaponic solution outperforms hydroponics. *Water*, 2016, 8(10): 467
- DERIKVAND P, SAUTER B, STEIN L Y. Development of an aquaponics microbial inoculum for efficient nitrification at acidic pH. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105(18): 7009–7021
- DINI-ANDREOTE F, STEGEN JC, VAN ELSAS J D, *et al.* Disentangling mechanisms that mediate the balance between stochastic and deterministic processes in microbial succession. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(11): E1326–E1332
- ECK M, SARE A R, MASSART S, *et al.* Exploring bacterial communities in aquaponic systems. *Water*, 2019, 11(2): 260
- ENDUT A, JUSOH A, ALI N, *et al.* A study on the optimal hydraulic loading rate and plant ratios in recirculation aquaponic system. *Bioresource Technology*, 2010, 101(5): 1511–1517
- FAN L M, WANG Q, CHEN X, *et al.* The way of water spinach planting affecting the micro-ecological environment of pond water ecosystem. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2023, 39(2):142–151 [范立民, 王庆, 陈曦, 等. 浮床空心菜对罗非鱼养殖池塘水体微生态环境影响方式分析. *中国农学通报*, 2023, 39(2): 142–151]
- FISCHER H, ROMANO N, JONES J, *et al.* Comparing water quality/bacterial composition and productivity of largemouth bass *Micropterus salmoides* juveniles in a recirculating aquaculture system versus aquaponics as well as plant growth/mineral composition with or without media. *Aquaculture*, 2021, 538: 736554
- FOLORUNSO E A, ROY K, GEBAUER R, *et al.* Integrated pest and disease management in aquaponics: A metadata-based review. *Reviews in Aquaculture*, 2021, 13(2): 971–995
- FRANCIS C A, ROBERTS K J, BEMAN J M, *et al.* Ubiquity and diversity of ammonia-oxidizing archaea in water columns and sediments of the ocean. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(41): 14683–14688
- GAO C, GUO L D. Progress on microbial species diversity, community assembly and functional traits. *Biodiversity Science*, 2022, 30(10): 168–180 [高程, 郭良栋. 微生物物种多样性、群落构建与功能性状研究进展. *生物多样性*, 2022, 30(10): 168–180]
- GAO X T, ZHANG H G, XU Y F, *et al.* Effects of humic acid on the nitrogen utilization efficiency and microbial communities in aquaponic systems. *Aquaculture*, 2022, 547: 737475
- GODDEK S, DELAIDE B, MANKASINGH U, *et al.* Challenges of sustainable and commercial aquaponics. *Sustainability*, 2015, 7(4): 4199–4224
- HE Y Q, REN Z M. Behavior response of zebrafish (*Danio rerio*) under ammonia nitrogen stress based on online biomonitoring system. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2022, 46(6): 903–913 [何雅琪, 任宗明. 基于在线生物监测系统的氨氮胁迫下斑马鱼行为响应. *水生生物学报*, 2022, 46(6): 903–913]
- HE J Z, WANG J T. Mechanisms of community organization and spatiotemporal patterns of soil microbial communities. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(20): 6575–6583 [贺纪正, 王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征. *生态学报*, 2015, 35(20): 6575–6583]
- HU Z, LEE J W, CHANDRAN K, *et al.* Effect of plant species on nitrogen recovery in aquaponics. *Bioresource Technology*, 2015, 188: 92–98
- ITOI S, EBHARA N, WASHIO S, *et al.* Nitrite-oxidizing bacteria, *Nitrospira*, distribution in the outer layer of the biofilm from filter materials of a recirculating water system for the goldfish *Carassius auratus*. *Aquaculture*, 2007, 264(1/2/3/4): 297–308
- KASOZI N, ABRAHAM B, KAISER H, *et al.* The complex microbiome in aquaponics: Significance of the bacterial



- ecosystem. *Annals of Microbiology*, 2021, 71(1): 1
- KASOZI N, KAISER H, WILHELMI B. Metabarcoding analysis of bacterial communities associated with media grow bed zones in an aquaponic system. *International Journal of Microbiology*, 2020, 2020: 8884070
- KELLENBERGER E. Exploring the unknown. The silent revolution of microbiology. *EMBO reports*, 2001, 2(1): 5–7
- KHALIL S, PANDA P, GHADAMGAHI F, *et al.* Comparison of two commercial recirculated aquacultural systems and their microbial potential in plant disease suppression. *BMC Microbiology*, 2021, 21(1): 205
- LENNARD W A, LEONARD B V. A comparison of three different hydroponic sub-systems (gravel bed, floating and nutrient film technique) in an aquaponic test system. *Aquaculture International*, 2006, 14(6): 539–550
- LI J Z. Study on microbial community structure and its diversity in aquaponics mode. Master's Thesis of Huazhong Agricultural University, 2016 [李建柱. 鱼菜共生模式中微生物群落结构及多样性的研究. 华中农业大学硕士学位论文, 2016]
- LI J Z, HOU J, ZHANG P F, *et al.* Influence on water quality and microbial diversity in fish pond by *Ipomoea aquatica* floating-bed. *China Environmental Science*, 2016, 36(10): 3071–3080 [李建柱, 侯杰, 张鹏飞, 等. 空心菜浮床对鱼塘水质和微生物多样性的影响. 中国环境科学, 2016, 36(10): 3071–3080]
- LI Q F, TIAN W J, SUN B, *et al.* Research progress and perspective on constructed wetlands treatment system for maricultural wastewater and its nitrogen removal process. *Progress in Fishery Sciences*, 2024, 45(2): 82–95 [李秋芬, 田文杰, 孙波, 等. 海水养殖尾水人工湿地处理系统及其脱氮过程研究进展和展望. 渔业科学进展, 2024, 45(2): 82–95]
- LI Z J, GAO S, LIU Y H, *et al.* Study on closed-loop fish-vegetable symbiosis system mode. *Vegetables*, 2019(6): 13–16 [李志娟, 高帅, 刘永好, 等. 闭环型鱼菜共生系统模式探讨. 蔬菜, 2019(6): 13–16]
- LIU H, WANG X C, SHI Y Y, *et al.* Research status on aquaponics technology system. *Journal of Chinese Agricultural Mechanization*, 2022, 43(12): 75–82 [刘慧, 汪小岳, 施印炎, 等. 鱼—菜共生种养技术模式研究现状. 中国农机化学报, 2022, 43(12): 75–82]
- LIU P M, LUO J P, GAO Q X. Research progress of environmental microorganisms in aquaculture. *Current Biotechnology*, 2022, 12(5): 690–695 [刘培敏, 罗金萍, 高权新. 水产养殖环境微生物研究进展. 生物技术进展, 2022, 12(5): 690–695]
- LIU X F, ZHANG L, ZHU G R, *et al.* Effects of *Ipomoea aquatica* floating-bed coverage on growth and nutrient quality of Qihe crucian carp *Carassius auratus*. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2023, 42(1): 139–145 [刘晓峰, 张莉, 祝国荣, 等. 水蕹菜浮床覆盖度对淇河鲫的生长及营养品质的影响. 华中农业大学学报, 2023, 42(1): 139–145]
- LIU Y J, TIAN Z X, SONG M L, *et al.* Design and implementation of intelligent monitoring and linkage control of aquaponics system. *Agriculture and Technology*, 2022, 42(7): 42–47 [刘永军, 田志新, 宋妙龙, 等. 鱼菜共生系统智能监测与联动控制的设计与实现. 农业与技术, 2022, 42(7): 42–47]
- MAUCIERI C, NICOLETTO C, JUNGE R, *et al.* Hydroponic systems and water management in aquaponics: A review. *Italian Journal of Agronomy*, 2018, 13(1): 1–11
- MONSEES H, SUHL J, PAUL M, *et al.* Lettuce (*Lactuca sativa*, variety Salanova) production in decoupled aquaponic systems: Same yield and similar quality as in conventional hydroponic systems but drastically reduced greenhouse gas emissions by saving inorganic fertilizer. *PLoS ONE*, 2019, 14(6): e0218368
- MORI J, SMITH R. Transmission of waterborne fish and plant pathogens in aquaponics and their control with physical disinfection and filtration: A systematized review. *Aquaculture*, 2019, 504: 380–395
- MUELLER U G, SACHS J L. Engineering microbiomes to improve plant and animal health. *Trends in Microbiology*, 2015, 23(10): 606–617
- MUNGUIA-FRAGOZO P, ALATORRE-JACOME O, RICO-GARCIA E, *et al.* Perspective for aquaponic systems: “Omic” technologies for microbial community analysis. *Biomed Research International*, 2015, 2015: 480386
- NEU A T, ALLEN E E, ROY K. Defining and quantifying the core microbiome: Challenges and prospects. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(51): e2104429118
- NIU K C, LIU Y N, SHEN Z H, *et al.* Community assembly: The relative importance of neutral theory and niche theory. *Biodiversity Science*, 2009, 17(6): 579–593 [牛克昌, 刘悒宁, 沈泽昊, 等. 群落构建的中性理论和生态位理论. 生物多样性, 2009, 17(6): 579–593]
- PALM H W, KNAUS U, APPELBAUM S, *et al.* Towards commercial aquaponics: A review of systems, designs, scales and nomenclature. *Aquaculture International*, 2018, 26(3): 813–842
- PARFREY L W, MOREAU C S, RUSSELL J A. Introduction: The host-associated microbiome: Pattern, process and function. *Molecular Ecology*, 2018, 27(8): 1749–1765
- PEPPER I L, GERBA C P. *Environmental microbiology* (third edition). San Diego: Academic Press, 2015, 195–212
- PÉREZ T, BALCÁZAR J L, RUIZ-ZARZUELA I, *et al.* Host-microbiota interactions within the fish intestinal ecosystem. *Mucosal Immunology*, 2010, 3(4): 355–360
- QIU C W, WANG H X, SHI Y H. Research progress on the plant root microbiota and factors affecting nitrogen transformations in the aquaponics system. *Journal of Fudan University (Natural Science)*, 2021, 60(1): 124–132 [邱楚雯, 王韩信, 施永海. 鱼菜共生系统中植物根系微生物及氮转化影响因素研究进展. 复旦学报(自然科学版), 2021, 60(1): 124–132]
- RODGERS D, WON E, TIMMONS M B, *et al.* Complementary nutrients in decoupled aquaponics enhance basil performance.

- Horticulturae, 2022, 8(2): 111
- ROTHAUWE J H, WITZEL K P, LIESACK W. The ammonia monooxygenase structural gene *amoA* as a functional marker: molecular fine-scale analysis of natural ammonia-oxidizing populations. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(12): 4704–4712
- RÖTTJERS L, FAUST K. From hairballs to hypotheses—biological insights from microbial networks. *FEMS Microbiology Reviews*, 2018, 42(6): 761–780
- SANCHEZ F A, VIVIAN-ROGERS V R, URAKAWA H. Tilapia recirculating aquaculture systems as a source of plant growth promoting bacteria. *Aquaculture Research*, 2019, 50(8): 2054–2065
- SCHMAUTZ Z, GRABER A, JAENICKE S, *et al.* Microbial diversity in different compartments of an aquaponics system. *Archives of Microbiology*, 2017, 199(4): 613–620
- SCHMAUTZ Z, WALSER J C, ESPINAL C A, *et al.* Microbial diversity across compartments in an aquaponic system and its connection to the nitrogen cycle. *Science of the Total Environment*, 2022, 852: 158426
- SOMERVILLE C, COHEN M, PANTANELLA E, *et al.* Small-scale aquaponic food production: Integrated fish and plant farming. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2014
- SONG S K, BECK B R, KIM D, *et al.* Probiotics as immunostimulants in aquaculture: A review. *Fish and Shellfish Immunology*, 2014, 40(1): 40–48
- STOUVENAKERS G, MASSART S, JIJAKLI M H. First study case of microbial biocontrol agents isolated from aquaponics through the mining of high-throughput sequencing data to control *Pythium aphanidermatum* on lettuce. *Microbial Ecology*, 2023, 86(2): 1107–1119
- SUN R K, FU J H, XU M J. Research progress of aquaponics system. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2023, 25(9): 227–233 [孙锐康, 付京花, 徐民俊. 鱼菜共生复合系统研究进展. *中国农业科技导报*, 2023, 25(9): 227–233]
- SUN X, GAO Y, YANG Y F. Recent advancement in microbial environmental research using metagenomics tools. *Biodiversity Science*, 2013, 21(4): 393–401 [孙欣, 高莹, 杨云锋. 环境微生物的宏基因组学研究新进展. *生物多样性*, 2013, 21(4): 393–401]
- SULLAM K E, ESSINGER S D, LOZUPONE C A, *et al.* Environmental and ecological factors that shape the gut bacterial communities of fish: A meta-analysis. *Molecular Ecology*, 2012, 21(13): 3363–3378
- TYSON R V, TREADWELL D D, SIMONNE E H. Opportunities and challenges to sustainability in aquaponic systems. *HortTechnology*, 2011, 21(1): 6–13
- VALLANCE J, DÉNIEL F, LE FLOCH G, *et al.* Pathogenic and beneficial microorganisms in soilless cultures. *Agronomy for Sustainable Development*, 2011, 31(1): 191–203
- VAN DER PLAS F. Biodiversity and ecosystem functioning in naturally assembled communities. *Biological Reviews*, 2019, 94(4), 1220–1245
- VAN NIFTRIK L, JETTEN M S M. Anaerobic ammonium-oxidizing bacteria: Unique microorganisms with exceptional properties. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2012, 76(3): 585–596
- VELLEND M. Conceptual synthesis in community ecology. *Quarterly Review of Biology*, 2010, 85(2): 183–206
- WANG A R, RAN C, RINGØ E, *et al.* Progress in fish gastrointestinal microbiota research. *Reviews in Aquaculture*, 2018, 10(3): 626–640
- WONGKIEW S, HU Z, CHANDRAN K, *et al.* Nitrogen transformations in aquaponic systems: A review. *Aquacultural Engineering*, 2017, 76: 9–19
- WONGKIEW S, PARK M R, CHANDRAN K, *et al.* Aquaponic systems for sustainable resource recovery: Linking nitrogen transformations to microbial communities. *Environmental Science and Technology*, 2018, 52(21): 12728–12739
- XIONG W, SONG Y Q, YANG K M, *et al.* Rhizosphere protists are key determinants of plant health. *Microbiome*, 2020, 8(1): 27
- XU J T. The tolerance and mechanism of typical wetland plants to ammonia and organic pollutant. Doctoral Dissertation of Shandong University, 2012 [杨景涛. 典型湿地植物对氨氮、有机污染物的耐受性及其机理研究. 山东大学博士研究生学位论文, 2012]
- YANG T Y, MENG W, GAO P, *et al.* Bacterial community structure in aquaponics pond and common pond based on high-throughput sequencing technology. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2019, 43(5): 1104–1113 [杨天燕, 孟玮, 高攀, 等. 基于高通量测序的鱼菜共生池塘与普通池塘微生物群落结构比较. *水生生物学报*, 2019, 43(5): 1104–1113]
- YEP B, ZHENG Y B. Aquaponic trends and challenges—A review. *Journal of Cleaner Production*, 2019, 228: 1586–1599
- ZHANG H X, YU Z J, ZHANG Y P, *et al.* Effect of culture modes on microbial community structure of sediments in grass carp *Ctenopharyngodon idellus* ponds. *Freshwater Fisheries*, 2021, 51(2): 3–12 [章海鑫, 余智杰, 张燕萍, 等. 养殖模式对草鱼池塘底泥微生物群落结构影响的分析. *淡水渔业*, 2021, 51(2): 3–12]
- ZHANG R, WANG X W, LIU L L, *et al.* Effects on toxicity and antioxidant indices in *Xiphophorus helleri* and *Poecilia reticulata*: Ammonia and nitrite. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(24): 150–155 [张蓉, 王晓雯, 刘丽丽, 等. 氨氮和亚硝氮对红剑和孔雀鱼毒性及抗氧化指标的影响. *中国农学通报*, 2019, 35(24): 150–155]
- ZHANG L, LI G, WANG Q L, *et al.* Comparative investigation of water treatment performance and microbial communities in different biofilm reactors of a recirculating aquaculture system for *Maccullochella peeli*. *Progress in Fishery Sciences*, 2023, 44(6): 214–224 [张龙, 李刚, 王庆龙, 等. 墨瑞鲑循环水养殖系统中不同生物膜反应器水处理效率及微生物群落对比分析. *渔业科学进展*, 2023, 44(6): 214–224]
- ZHOU J Z, NING D L. Stochastic community assembly: Does it

- matter in microbial ecology? *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, 81(4): e00002–17
- ZOU Y N, HU Z, ZHANG J, *et al.* Investigation and optimization of nitrogen transformations in aquaponics. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2015, 9(9): 4211–4216 [邹艺娜, 胡振, 张建, 等. 鱼菜共生系统氮素迁移转化的研究与优化. *环境工程学报*, 2015, 9(9): 4211–4216]
- ZOU Y N, HU Z, ZHANG J, *et al.* Effects of pH on nitrogen transformations in media-based aquaponics. *Bioresource Technology*, 2016a, 210: 81–87
- ZOU Y N, HU Z, ZHANG J, *et al.* Attempts to improve nitrogen utilization efficiency of aquaponics through nitrifies addition and filler gradation. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016b, 23(7): 6671–6679

(编辑 马璀璨)

## Research Progress and Prospects of Microbial Communities in Aquaponic Systems

XU Huimin<sup>1</sup>, CHEN Xi<sup>1</sup>, MENG Shunlong<sup>1</sup>①, ZHOU Jian<sup>2</sup>, FAN Dingyue<sup>1,3</sup>, FAN Limin<sup>1</sup>,  
SONG Chao<sup>1</sup>, QIU Liping<sup>1</sup>, LI Dandan<sup>1</sup>, FANG Longxiang<sup>1</sup>, ZHANG Lu<sup>2</sup>

- (1. *Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Laboratory of Quality and Safety Risk Assessment for Aquatic Products on Environmental Factors (Wuxi), Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Key Open Laboratory of Ecological Environment and Resources of Inland Fisheries, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China;*  
2. *Fisheries Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 611731, China;*  
3. *College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)*

**Abstract** Aquaponics, which is widely considered as an efficient, ecological, and healthy aquaculture mode with notable implications for addressing issues such as aquaculture pollution, freshwater resource scarcity, and aquatic product quality, integrates the aquaculture and hydroponics. The definition of aquaponics remains controversial; however, the key lies in the symbiosis of aquatic animals and vegetables within a single system. Aquaponics encompasses various modes, such as the *in situ* mode combining pond aquaculture with ecological floating beds and the *ex situ* mode combining tank-based recirculating aquaculture and vegetable cultivation. Extensive research and discussion have been conducted on system design, aeration and filtration techniques, selection of plants and fish, nutrient balance, environmental control, disease management, and intelligent monitoring, providing technical support for constructing and operating aquaponic systems. Within the aquaponics system, microorganisms are crucial in nutrient transformation and the health of plants and animals, profoundly impacting the ecological balance of the system. Recently, with the rapid development of molecular biology and bioinformatics, genomic techniques such as amplicon-based high-throughput sequencing and qPCR have provided powerful support for analyzing the complex diversity, compositions, and functions of microbial communities in aquaponic systems. Regarding the diversity of microbial communities, studies have indicated higher bacterial community diversity in aquaponic systems than that in aquaculture systems. However, other studies have found no remarkable difference in bacterial diversity between aquaponic and aquaculture systems. Within the aquaponics system, notable differences were observed in the microbial community diversity among different microhabitats. Generally, the bacterial community diversity was the highest in the plant rhizosphere and biofilter and the lowest in the fish feces, with the bacterial diversity in the aquaculture water lying between the two. Various factors drive the spatial distribution of microbial diversity within the aquaponics system, profoundly impacting the functionality of microbial communities and system stability. Additionally, the composition of microbial communities in aquaponic systems are crucial in reflecting system characteristics and indicating the health and growth status of aquatic

① Corresponding author: MENG Shunlong, Email: mengsl@ffrc.cn

organisms. The composition of microbial communities in aquaponic systems differed from that in aquaculture and plant growth environments. Studies have identified core microbial taxa comprising bacteria belonging to the genus *Bdellovibrio*, *Luteolibacter*, *Rhodobacter*, and *Nitrospira* shared in different modes of aquaponic systems. Furthermore, research has shown that dominant bacterial groups vary between different functional units within the aquaponics system. In the biofilter, bacterial taxa belonging to the phylum Actinobacteria were enriched, whereas bacterial taxa belonging to the orders Sphingomonadales and Xanthomonadales inhabited the biofilm of the fish tank. The rhizosphere bacterial communities were dominated by taxa affiliated with the order Methylophilales. Generally, the presence of plants greatly influences the composition of bacterial communities in aquaponics systems. However, the effect of the presence of aquatic animals on plant-related microbial community compositions remains largely unexplored. Regarding microbial functions, nitrogen cycling is one of the most critical elemental cycling processes in aquaponics systems. Establishing efficient “nitrification” functional unit (i.e., biofilters) is a key aspect of system design and construction. The nitrifying microorganisms involved in the nitrification process are considered as beneficial microbial communities in the aquaponics system, typically colonizing the biofilter or the plant rhizosphere environment. For example, aerobic ammonia-oxidizing, anaerobic ammonia-oxidizing, nitrite-oxidizing, and complete ammonia-oxidizing microorganisms have all been detected in aquaponics systems. Additionally, denitrification, nitrogen fixation, and anaerobic reduction of nitrate to ammonium processes have also been identified in aquaponics systems. However, the existing research has primarily relied on taxonomic annotations of amplicon-based sequencing data according to the current database. Whether the nitrogen cycling microorganisms are functionally active and what the contributions of different nitrogen cycling processes are in the aquaponics system remain unclear. Furthermore, research on functional microorganisms involved in the cycling of other elements such as carbon, phosphorus, sulfur, and iron in the aquaponics system lacks, limiting our understanding of the operational mechanisms of aquaponics systems. In aquaponic systems, pathogenic microorganisms that pose risks to the health of fish and plants may be introduced during the construction and operation of the system. Their dispersal and colonization could be facilitated by the water flow in the aquaponics system. Therefore, the prevention and control of pathogenic microorganisms are crucial. One study has indicated that the aquaculture unit of the aquaponic system harbored microbes beneficial for plant health. However, whether these beneficial microorganisms could colonize the plant roots and consequently regulate plant health remain unclear. Additionally, the gut microbiota and rhizosphere microbial communities are key factors in promoting host health. Given the close correlation between the health of fish and plants in aquaponics systems, these host microorganisms interact. However, the interactions between these host microorganisms and host disease resistance in aquaponics systems remain unclear. The microbial communities in aquaponic systems exhibit dynamic characteristics, with their diversity and compositions being jointly influenced by multiple ecological processes. Drawing on microbial ecology theory of community assembly mechanisms and considering the unique features of aquaponic systems, we propose a framework for the formation of microbial communities within aquaponic systems. Abiotic environmental factors, biotic interactions, host selection, dispersal, speciation, and drift processes collectively govern the assembly of microbial communities in aquaponic systems; however, the relative contributions of these processes still require investigation. For a better understanding of the role of microbial communities in the stable and efficient operation of aquaponics systems the distribution characteristics and assembly mechanisms of the diversity, compositions, and functions of different microbial domains in aquaponics systems (e.g., eukaryotic microorganisms) must be systematically investigated. Additionally, the key microbial functional taxa in aquaponics systems and their impacts on the stability and efficiency of the system must be revealed, with the goal of potentially controlling aquaponic systems through microbial methods in the future.

**Key words** Aquaponics; Microbial communities; Core microbial taxa; Elemental cycling; Community assembly mechanism