

文章编号: 1674-5566(2024)05-1132-12

DOI: 10.12024/jsou.20231204366

## 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群结构、营养成分及肌肉风味比较

刘明伟<sup>1,2</sup>, 魏捷<sup>2</sup>, 洪坤浩<sup>2</sup>, 王亚坤<sup>2</sup>, 刘付柏<sup>2</sup>, 朱新平<sup>2</sup>, 于凌云<sup>2</sup>

(1. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306; 2. 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 广州 510380)

**摘要:** 肠道菌群在动物的营养代谢和免疫功能中发挥了重要作用。为探究种草养虾和稻田养虾两种模式对罗氏沼虾肠道菌群和肌肉风味的影响, 以相同养殖周期不同养殖区域的种草养殖(种草组)和稻田养殖(稻田组)的罗氏沼虾为对象, 对其肠道内容物的肠道菌群结构、肌肉氨基酸以及其肌肉中微量元素的含量进行了测定。首先, 在虾肠道菌群的门级分类表明: 厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和软壁菌门(Tenericutes)是两种模式下均有的优势菌门(相对丰度>5%), 此外, 蓝藻细菌门(Cyanobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)是种草组的特异优势菌门; 在属级分类方面: 乳球菌属(*Lactococcus*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)和 *Candidatus\_Hepatoplasma* 为两者的优势菌属。其次在菌群的多样性分析方面: 稻田组的肠道菌群OTUs显著高于种草组, 表明稻田养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群物种多样性高; 对肠道菌群功能的预测亦发现, 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群的功能都聚集于新陈代谢调控通路上。最后, 在营养成分含量分析和肌肉风味评估中证明: 两者的鲜味氨基酸和甜味氨基酸总含量并无显著差异, 但稻田组肌肉中丝氨酸、甘氨酸和精氨酸均显著高于种草组; 稻田养殖模式下罗氏沼虾肌肉中的铁元素含量显著高于种草组, 而铜、锌元素含量显著低于种草组; 其他矿物质元素含量无显著差异。总之, 稻田养殖模式下罗氏沼虾的肌肉风味更佳且肠道菌群多样性丰富, 本研究的结果可为罗氏沼虾不同健康养殖模式提供技术参考和技术指导。

**关键词:** 罗氏沼虾; 养殖模式; 肠道菌群; 游离氨基酸; 微量元素

**中图分类号:** S 966.12 **文献标志码:** A

罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*), 又称马来西亚大虾、淡水长臂虾, 隶属甲壳纲(Crustacea)十足目(Decapoda)长臂虾科(Palaemonidae)沼虾属(*Macrobrachium*), 自1976年引入我国后, 经过40余年的发展, 罗氏沼虾现已成为我国重要的淡水养殖品种<sup>[1]</sup>。据渔业统计年鉴统计, 2022年罗氏沼虾总产量为177 836 t, 位列全国淡水虾类养殖产量第4位<sup>[2]</sup>。目前, 我国罗氏沼虾养殖主要以池塘种草养殖为主, 属于集约化养殖, 具有周期短、产量大等优点, 但集约化养殖带来高产量的同时, 也会因养殖规模的快速增长而带给水体生态环境一些不利的影响<sup>[3]</sup>。为响应国家实施乡村振兴, 建设生态文明的号召, 近些年来, 水产养殖业也逐渐朝

着“绿色健康、生态养殖”的方向发展。稻田养殖模式作为生态种养的主要措施之一, 对稳定粮食生产、维护食品安全、增加农民收入、降低环境危害和提高稻田综合生产能力等方面均起到了积极作用<sup>[4]</sup>, 并在全国各地得到了大规模的推广与发展, 现已成为部分地区罗氏沼虾池塘种草养殖模式的重要补充。

在水产养殖业中, 不同养殖模式之间除了产量、养殖环境和日常管理存在差别之外, 其水产品肠道菌群结构亦存在差异。如赵柳兰等<sup>[5]</sup>对稻田和池塘养殖的中华绒螯蟹肠道菌群结构进行检测发现, 稻田养殖模式下中华绒螯蟹肠道中软壁菌门和厚壁菌门的丰度均高于池塘养殖模式, 而变形菌门的丰度则相反; 也有张海耿等<sup>[6]</sup>研究

收稿日期: 2023-12-09 修回日期: 2024-02-07

基金项目: 广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目(2022-SPY-00-008); 广东省基础与应用基础研究基金项目(2023A1515010297)

作者简介: 刘明伟(1999—), 男, 硕士研究生, 研究方向为水产动物育种。E-mail: 727179366@qq.com

通信作者: 于凌云, E-mail: lysnp@163.com

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)发现,生物絮团养殖模式下虾肠道的下水道球菌属(*Amaricoccus*)显著高于循环水养殖模式;还有学者<sup>[7]</sup>研究得到稻田养殖的金边鲤(*Cyprinus carpio* var. *Jinbian*)和建鲤(*Cyprinus carpio* var. *Jian*)肠道菌群多样性高于相应的池塘养殖模式。

而在不同养殖模式下,水生动物肌肉营养成分和肌肉风味同样存在异同。如克氏原螯虾(*Procambarus clarkia*)在池塘养殖和稻田两种养殖模式下发现:稻田养殖模式下虾肌肉的谷氨酸、丙氨酸高于池塘养殖的,并且其鲜味氨基酸和甜味氨基酸也具有同样的趋势,该研究证明水产动物肌肉的营养成分及其风味与养殖模式存在相关性<sup>[8]</sup>。另外,水产品肌肉中含有的铁、铜、锌、锰、硒等矿物质是维持机体生理功能的主要成分,也是多种酶的激活剂<sup>[9]</sup>。例如锰离子能激活生物体内水解酶、脱羧酶、磷酸化酶和梭化酶等多种酶<sup>[10]</sup>。更有意义的是,微量矿物质元素对提高人体免疫能力和降低恶性疾病风险也尤其重要<sup>[11]</sup>。比如人体内保证适量的硒含量可以维持机体内抗氧化系统和氧化系统之间的平衡,预防癌症和恶性细胞增殖<sup>[12]</sup>。因此,消费市场上已有许多富硒水产品供大众消费,如安康市的富硒甲鱼<sup>[13]</sup>。

目前,有关不同养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群结构仅见董学兴等<sup>[14]</sup>,分析了池塘纯养和池塘混养[罗氏沼虾+背角无齿蚌(*Anodonta woodiana*)+鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)]两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群结构,结果证明两者的肠道菌群结构存在较大差异;同样,湖泊和池塘两种不同养殖模式下,肌肉氨基酸含量存在区别<sup>[15]</sup>。但是有关池塘和稻田养殖两种模式中的罗氏沼虾肠道菌群、肌肉风味以及微量矿物质含量的综合分析比较仍为空白。鉴于此,本研究以两种养殖模式下的罗氏沼虾为研究对象,一方面探讨其肠道菌群的结构和多样性,另一方面对两种养殖模式下虾肌肉中游离氨基酸含量以及微量元素进行比较分析。最后,厘清两种养殖模式罗氏沼虾肠道菌群结构与肌肉品质的异同,以及掌握两者虾肌肉中的微量元素含量,以期为我国罗氏沼虾的不同养殖模式提供技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

实验对象为种草池塘和稻田两种养殖模式下的罗氏沼虾成虾。种草池塘养殖点在肇庆,分别为肇庆1和肇庆2(缩写为ZQ1、ZQ2),其养殖基本情况:池塘中种植轮叶黑藻,养殖面积约为2 700 m<sup>2</sup>,养殖密度为37尾/m<sup>2</sup>。稻田养殖点分别为南沙(缩写为NS)和梅州(缩写为MZ),稻田养殖基本情况:稻田面积约为2 700 m<sup>2</sup>,环沟深1 m,沟宽2 m,稻田中种植中稻(水稻品牌为香黏丝苗王),罗氏沼虾养殖密度为15尾/m<sup>2</sup>,采样点位置见图1。本实验日常管理:每日投喂青云牌罗氏沼虾配合饲料(投喂量按体质量的4%),一日2次。养殖4个月后,分别到各个养殖点随机采集样品120只虾。样品的基本情况:ZQ1组体质量为(27.43 ± 7.79)g,体长为(10.09 ± 0.78)cm;ZQ2组体质量为(28.35 ± 5.59)g,体长为(10.12 ± 0.53)cm;NS组体质量为(18.34 ± 5.27)g,体长为(9.1 ± 0.68)cm;MZ组体质量为(23.72 ± 3.99)g,体长为(9.6 ± 0.43)cm。罗氏沼虾经过正常处理后,分别用镊子挑取肠道组织并置于冻存管内,随机用剪刀剪取第3腹节和第4腹节的肌肉,放于准备好的干冰泡沫箱内。每个养殖点分别取3份肠道(0.2 g/份)和3份肌肉(15 g/份)。肠道组织用于肠道菌落结构分析检测,肌肉组织用于肌肉营养成分含量测定。

### 1.2 16S rDNA 序列PCR 扩增和高通量测序

通过粪便DNA提取试剂盒(广州美基生物科技有限公司)提取肠道组织的微生物总DNA(4组养殖点样品,每组3个生物学重复),经NanoDrop微量分光光度计(赛默飞世尔科技,上海)检测DNA质量合格后,用带有barcode的特异引物扩增16S rDNA的V3~V4高变区。选取的引物序列为341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和806R(GGACTACHVGGGTATCTAAT)。经过第一轮PCR扩增利用AMPure XP Beads进行PCR产物纯化,纯化后用Qubit 3.0定量。然后进行第二轮扩增,扩增结束后仍使用AMPure XP Beads对第二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pooling上机测序。16S rDNA高通量测序工作由广州基迪奥生物技术有限公司完成。

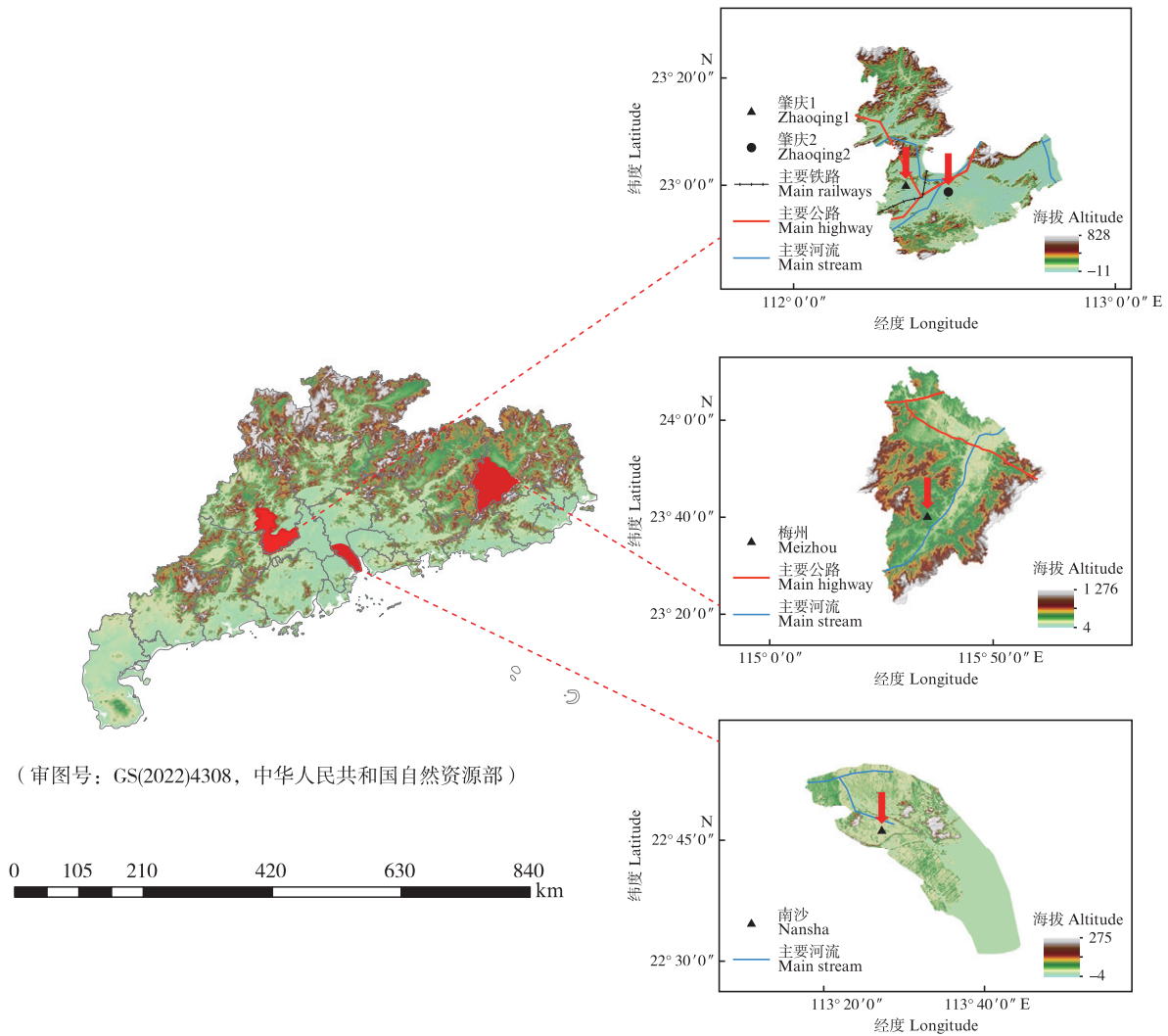


图1 采样点示意图

Fig. 1 Schematic diagram of sampling sites

### 1.3 肌肉游离氨基酸以及微量元素含量测定

肌肉游离氨基酸测定参考 GB 5009.124—2016《食品安全国家标准 食品中氨基酸的测定》的方法,不同养殖模式下罗氏沼虾肌肉中氨基酸测定内容(4组养殖点样品,每组3个生物学重复):天冬氨酸 Asp、苏氨酸 Thr、丝氨酸 Ser、谷氨酸 Glu、脯氨酸 Pro、甘氨酸 Gly、丙氨酸 Ala、缬氨酸 Val、蛋氨酸 Met、异亮氨酸 Ile、亮氨酸 Leu、酪氨酸 Tyr、苯丙氨酸 Phe、赖氨酸 Lys、组氨酸 His、精氨酸 Arg、色氨酸 Trp、胱氨酸 Cys\_Cys 等 18 种。采用火焰原子吸收光谱法测定铁(GB 5009.90—2016)、铜(GB 5009.13—2017)、锌(GB 5009.14—2017)、锰(GB 5009.242—2017)4种矿物质元素;使用氢化物原子荧光光谱法测定硒(GB 5009.93—2017)元素含量。肌

肉游离氨基酸以及微量元素含量测定(共测定 12 个样本)具体操作由广东省食品工业研究所有限公司完成。

### 1.4 数据处理及统计分析

根据 OTUs (Operational Taxonomic Units) 获取相应的物种信息和丰度分布,同时计算分析  $\alpha$  多样性 (QIIME 软件, University of Colorado at Boulder, USA) 和  $\beta$  多样性 (R Vegan package, <https://github.com/vegandevs/vegan>), 得到样本物种丰富度和均匀度信息,以及不同样本或类群之间的 OTUs 信息,并在 GraphPad Prism v9.0.2 (GraphPad Software Inc., San Diego, CA, USA) 中绘图。另外,再利用 OTUs 数据进行多重序列比对,进一步得到样本和群体之间的群落结构差异,并绘制 PCoA 降维图。使用 IBM SPSS

Statistics 26.0 (International Business Machines Corporation, USA)对 $\alpha$ 多样性的计算结果进行非参数检验,采用曼·惠特尼U检验方法分析差异显著性;使用IBM SPSS Statistics 26.0对肠道菌群相对丰度、肌肉氨基酸含量以及微量元素含量进行独立样本t检验并分析差异显著性。试验结果用平均值 $\pm$ 标准差(Mean  $\pm$  SD)表示, $P < 0.05$ 表示差异显著。

## 2 结果

### 2.1 肠道菌群特征分析

利用非参数检验分析两种养殖模式下罗氏沼虾的肠道菌群 $\alpha$ 多样性,结果见表1。稻田组虾的肠道菌群goods\_coverage指数显著高于种草组( $P < 0.05$ ),而Shannon指数、Simpson指数、Chao指数、Ace指数、Pielou指数和Pd指数等均无显著性差异( $P > 0.05$ )。结果表明稻田养殖模式罗氏沼虾的肠道菌群覆盖率高于种草养殖模式。

表1 种草、稻田两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群 $\alpha$ 多样性

Tab. 1 The alpha diversity of the intestinal microbiota of *M. rosenbergii* from two cultivation modes

指数名称 Index name	组别 Group	
	种草 ZC	稻田 DT
Shannon	3.81 $\pm$ 1.12	3.37 $\pm$ 1.35
Simpson	0.82 $\pm$ 0.08	0.71 $\pm$ 0.196
Chao	982.24 $\pm$ 313.69	916.74 $\pm$ 394.77
Aace	1 034.23 $\pm$ 323.80	941.13 $\pm$ 384.29
Goods_coverage	0.997 $\pm$ 0.001	0.998 $\pm$ 0.000 5*
Pielou	0.39 $\pm$ 0.09	0.35 $\pm$ 0.12
Pd	138.95 $\pm$ 33.59	120.06 $\pm$ 40.16

注:\*代表差异显著( $P < 0.05$ )。

Notes: \* represents significant differences ( $P < 0.05$ ).

$\beta$ 多样性分析和PCoA分析结果如图2所示:两种模式下罗氏沼虾的肠道菌群之间存在小范围汇集,而DT组的肠道菌群主要富集在右上方,ZC组的肠道菌群主要富集在左侧及右下方,这表明两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群的组成结构具有差异性。

### 2.2 肠道菌群结构比较

对不同养殖模式罗氏沼虾肠道菌群数据进行高通量测序及处理后共获得肠道菌群为1 962个OTUs(如图3),维恩图分析结果表明,DT组罗氏沼虾肠道菌群总OTUs数量为1 472种,ZC组为

890种,其中两种养殖模式共同拥有肠道菌群的OTUs数量为400种。DT组所含有的特异肠道菌群OTUs数量显著高于ZC组( $P < 0.05$ )。

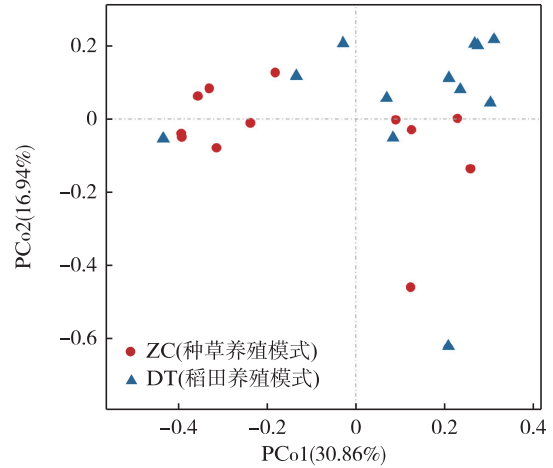


图2 两种养殖模式下的罗氏沼虾肠道菌群OTU水平PCoA分析(n=12)

Fig. 2 Horizontal PCoA analysis of OTUs in the intestinal microbiota of *M. rosenbergii* under two aquaculture modes

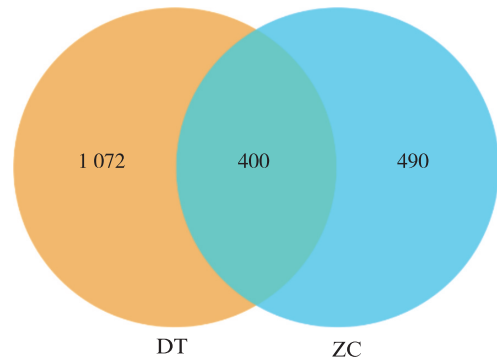


图3 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群OTU组成韦恩图

Fig. 3 Venn diagram depicting the composition of OTUs in the intestinal microbiota of *M. rosenbergii* under two aquaculture modes

不同养殖模式罗氏沼虾肠道菌门组成共检测出18种菌门,其相对丰度排名前十的菌门比较结果如图4所示。菌门分析结果表明,ZC组和DT组两种养殖模式下罗氏沼虾肠道中共同的优势菌门(相对丰度 $> 5\%$ )是厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和软壁菌门(Tenericutes),此外,ZC组的优势菌门还有蓝细菌门(Cyanobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)。其中ZC组的变形菌门相对丰度(46.16%)虽高于DT组(28.46%),但无显著性差异;而ZC组厚壁菌

门(23.37%)和软壁菌门(7.18%)均显著低于DT组(46.33%和17.34%,  $P < 0.05$ )。

肠道菌群的属级分类结果:两种养殖模式罗氏沼虾肠道菌群中共检测到113种菌属,其中肠道菌群中丰度排名前十的菌属如图5所示,两种模式共有的优势菌属(相对丰度 $>5\%$ )均为乳球菌属(*Lactococcus*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)和*Candidatus Hepatoplasma*。两者优势菌属丰度比较结果表明,DT组的乳球菌

属丰度(42.72%)显著高于ZC组(18.96%)( $P < 0.05$ ),而肠杆菌属丰度(9.13%)和*Candidatus Hepatoplasma*丰度(14.70%)虽和ZC组(16.87%和6.34%)具有差异,但差异不显著( $P < 0.05$ )。此外,对两组组内菌属进行独立样本t检验分析发现,ZC组和DT组乳球菌属丰度均显著高于肠杆菌属和*Candidatus Hepatoplasma*( $P < 0.05$ ),证明了乳球菌属是两种模式的主要优势菌属。

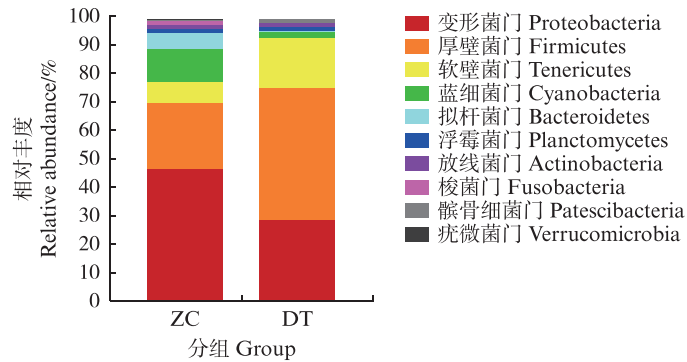


图4 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群门水平结构特征

Fig. 4 Horizontal structural characteristics of the intestinal microbiota at the phylum level in *M. rosenbergii* under two aquaculture modes

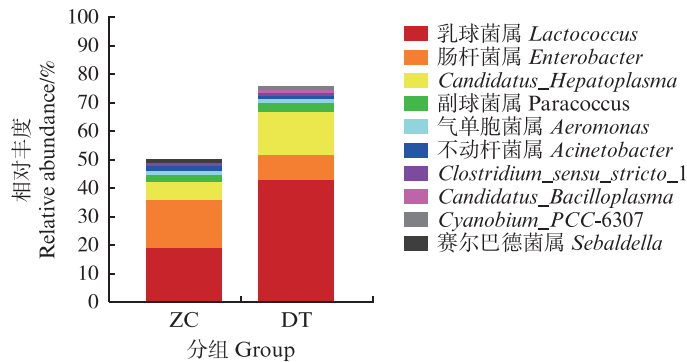


图5 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群属水平结构特征

Fig. 5 Horizontal structural characteristics of the intestinal microbiota at the genus level in *M. rosenbergii* under two aquaculture modes

### 2.3 肠道菌群功能分析

通过Tax4Fun针对16S序列的SILVA注释进行KEGG功能预测,相对丰度排名前十的功能表现如图6所示。可以看到,不管是种草养殖模式还是稻田养殖模式,罗氏沼虾肠道菌群的功能主要集中在代谢上,包含碳水化合物代谢、氨基酸

代谢、能量代谢、核苷酸代谢和类脂物代谢作用等,而膜转运、信号转导、翻译和复制与修复亦属于其重要的功能。差异分析表明,两种养殖模式的功能相对丰度无显著性差异,这表明罗氏沼虾肠道菌群功能稳定,不会受到养殖模式的影响,但无法决定何种模式在这些功能上表现更好。

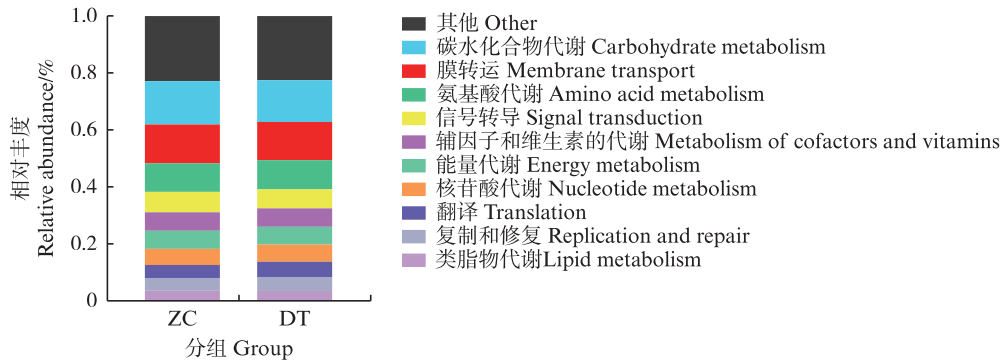


图6 两种养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群KEGG功能预测

Fig. 6 KEGG functional prediction of the intestinal microbiota in *M. rosenbergii* under two aquaculture modes

#### 2.4 肌肉游离氨基酸含量统计

氨基酸检测结果如表2所示,两种养殖模式下的罗氏沼虾肌肉中共检测出18种游离氨基酸,其中呈味氨基酸14种。在种草养殖模式下,游离氨基酸总量为17.91 g/100 g,其中谷氨酸(2.91 g/100 g)含量最高,其次是天冬氨酸(1.93 g/100 g)和精氨酸(1.82 g/100 g),分别占游离氨基酸总量的16.26%、10.76%和10.16%,亮氨酸(1.44 g/100 g)也有较高的占比,为8.03%。与种草养殖模式相似,稻田养殖模式中含量最高的3种氨基酸也为谷氨酸(3.08 g/100 g)、天冬氨酸(2.03 g/100 g)和精氨酸(1.95 g/100 g),分别占游离氨基酸总量的16.30%、10.75%和10.34%。其中,精氨酸含量表现为稻田养殖模式下极显著高于种草养殖模式( $P<0.01$ ),除此之外,稻田养殖罗氏沼虾肌肉中的丝氨酸和甘氨酸的含量也都显著高于种草养殖模式( $P<0.05$ )。而从氨基酸分类结果(表2)来看,甜味氨基酸总量(TSAA) $<$ 鲜味氨基酸总量(TUAA) $<$ 苦味氨基酸总量(TBAA),两种养殖模式下的3种氨基酸总量虽有差异但无显著性。其余4种非呈味氨基酸中,脯氨酸( $P<0.05$ )和色氨酸( $P<0.01$ )含量均表现为稻田养殖模式显著高于种草养殖模式。

#### 2.5 肌肉微量元素含量比较

两种养殖模式下罗氏沼虾肌肉中五种微量元素(铁、铜、锌、锰、硒)的含量见表3。种草养殖模式下含量最高的微量元素是锌元素( $17.8 \pm 1.7$ )mg/kg,然后依次是铜( $8.57 \pm 1.59$ )mg/kg、铁( $6.15 \pm 1.75$ )mg/kg、锰( $1.46 \pm 0.62$ )mg/kg以及硒元素( $0.22 \pm 0.02$ )mg/kg,稻田养殖模式微量元素含量由大到小则是铁( $18.15 \pm 16.64$ )mg/kg、锌( $15.28 \pm 0.8$ )mg/kg、铜( $5.72 \pm 1.59$ )mg/kg、锰

( $1.63 \pm 1.09$ )mg/kg和硒元素( $0.15 \pm 0.06$ )mg/kg。其中,锰和硒元素在两种模式下相比其他元素较低,且不同模式间比较并无显著性差异。而其他微量元素含量对比发现:DT组罗氏沼虾肌肉中的铁元素含量显著高于ZC组( $P<0.05$ ),然而铜元素和锌元素含量显著低于ZC组( $P<0.05$ )。

基于不同地点下罗氏沼虾肌肉中5种微量元素含量(铁、铜、锌、锰、硒)见表4。MZ组的铁元素( $32.55 \pm 1.06$ )mg/kg含量最高,且显著高于其他组。而铜元素含量最高的为ZQ2组( $9.94 \pm 0.08$ )mg/kg,显著高于其他组。ZQ2组的锌元素[( $19.25 \pm 0.07$ )mg/kg]含量显著高于其他组。锰元素含量则以MZ组[( $2.58 \pm 0.11$ )mg/kg]最高,其次是ZQ2组[( $2.00 \pm 0.02$ )mg/kg],ZQ2和NS组则显著低于它们。而4个组的硒元素含量没有表现出显著性差异。

### 3 讨论

#### 3.1 肠道菌群特征

肠道菌群作为一种处于动态变化且成分多样的微生物群落,对宿主的营养代谢、肠道健康以及免疫调节均起到十分关键的调控作用<sup>[16-17]</sup>。本文中,肠道功能分析结果显示(图6),两种养殖模式下的罗氏沼虾肠道菌群功能均集中于新陈代谢功能上,这表明罗氏沼虾的肠道菌群在积极参与代谢活动,这与日本囊对虾(*Marsupenaeus japonicus*)的功能预测结果相似<sup>[18]</sup>。而影响肠道菌群的因素众多,其中养殖模式作为对水生生物肠道菌群组成的影响之一,已有报道,如金刚虾(*Penaeus monodon*)在高盐高位池养殖模式和低盐高位池养殖模式中被证明虾体肠道中优势菌乳杆菌科(Lactobacillaceae)和红杆菌科

(Rubrobacteraceae)的相对丰度呈绝对优势且显著高于低盐土池,意味着养殖模式影响了肠道菌群优势菌的丰度<sup>[19]</sup>。本研究中,稻田养殖模式下罗氏沼虾的肠道菌群的OTUs数远大于种草养殖模式,与稻田和池塘养殖模式下的建鲤结果类似<sup>[20]</sup>,表明稻田养殖模式下,罗氏沼虾肠道菌群多样性和丰富度更高。针对这一结果,本文从两方面进行了推测。首先,从食物组成影响的角度,虽然稻田养殖和池塘种草养殖都有投喂饲料,但我们认为在稻田养殖模式下,水稻会吸引

昆虫,而由于稻田水位较低,水稻生长过程产生的掉落物或是死去的昆虫尸体很有可能成为罗氏沼虾的潜在食物来源之一,影响肠道菌群多样性;从环境影响的角度看,稻田水深较浅,底层水体受到的阳光照射强度更高,可能促使更多的微生物繁育,因此改变养殖生物的肠道菌群丰度等指标。总体而言,通过在稻田养殖模式下培养的罗氏沼虾,其丰富的肠道菌群可能带来更好的营养吸收和免疫能力,从而对其整体健康和生长发育产生积极影响。

表2 种草、稻田两种养殖模式下罗氏沼虾肌肉中游离氨基酸的含量  
Tab. 2 Contents of free amino acids in *M. rosenbergii* muscle under grass pond and rice fields

分类 Classification	名称 Name	阈值 Threshold/ (mg/100 mL)	种草 ZC			稻田 DT		
			含量 Content/ (g/100 g)	滋味活性 值(TAV) Taste active value	占比 Percentage/%	含量 Content/ (g/100 g)	滋味活性 值(TAV) Taste active value	占比 Percentage/%
鲜味氨基酸 Umami amino acid	天冬氨酸 Asp	100	1.93 ± 0.12	19.28	10.76	2.03 ± 0.07	20.30	10.75
	谷氨酸 Glu	30	2.91 ± 0.12	97.08	16.26	3.08 ± 0.08	102.58	16.30
甜味氨基酸 Sweetish amino acid	苏氨酸 Thr	260	0.71 ± 0.04	2.74	3.98	0.75 ± 0.01	2.87	3.95
	丝氨酸 Ser	150	0.70 ± 0.04	4.63	3.88	0.76 ± 0.01*	5.07	4.03
	甘氨酸 Gly	130	0.96 ± 0.03	7.38	5.36	1.04 ± 0.05*	7.96	5.48
	丙氨酸 Ala	60	1.09 ± 0.02	18.10	6.09	1.10 ± 0.04	18.38	5.84
苦味氨基酸 Bitter amino acid	缬氨酸 Val	40	0.82 ± 0.05	20.56	4.59	0.86 ± 0.02	21.44	4.54
	异亮氨酸 Ile	90	0.87 ± 0.04	9.64	4.84	0.89 ± 0.04	9.86	4.70
	亮氨酸 Leu	190	1.44 ± 0.07	7.56	8.03	1.50 ± 0.04	7.87	7.92
	苯丙氨酸 Phe	90	0.74 ± 0.04	8.25	4.15	0.78 ± 0.02	8.67	4.13
	甲硫氨酸 Met	30	0.43 ± 0.03	14.52	2.39	0.46 ± 0.01	15.42	2.45
	组氨酸 His	20	0.45 ± 0.02	22.25	2.48	0.47 ± 0.01	23.38	2.48
	酪氨酸 Tyr	—	0.62 ± 0.05	—	3.45	0.69 ± 0.02	—	3.63
	精氨酸 Arg	50	1.82 ± 0.05	36.40	10.16	1.95 ± 0.02**	39.05	10.34
其他氨基酸 Other amino acid	脯氨酸 Pro	—	0.66 ± 0.04	—	3.69	0.73 ± 0.01*	—	3.86
	赖氨酸 Lys	—	1.78 ± 0.1	—	9.94	1.82 ± 0.09	—	9.63
	色氨酸 Trp	—	0.16 ± 0.02	—	0.89	0.21 ± 0.01**	—	1.11
	胱氨酸 Cys	—	0.44 ± 0.04	—	2.46	0.47 ± 0.01	—	2.49
合计 Total	鲜味氨基酸总量 TUAA		4.84 ± 0.24		27.02	5.11 ± 0.15		27.05
	甜味氨基酸总量 TSAA		3.46 ± 0.11		19.30	3.64 ± 0.11		19.29
合计 Total	苦味氨基酸总量 TBAA		7.18 ± 0.35		40.11	7.59 ± 0.15		40.19
	其他氨基酸 TOAA		3.04 ± 0.16		13.57	3.23 ± 0.06		13.47
	游离氨基酸总量 TFAA		17.91 ± 0.81		100.00	18.90 ± 0.48		100.00

注:\*代表差异显著( $P < 0.05$ ),\*\*表示差异极显著( $P < 0.01$ )。

Notes:\* means the difference is significant ( $P < 0.05$ ) and \*\* means the difference is highly significant ( $P < 0.01$ ).

表 3 种草、稻田两种养殖模式下罗氏沼虾肌肉中微量元素含量

Tab. 3 Content of trace elements in muscle of *M. rosenbergii* under two cultivation modes of grass pond and rice field

名称 Name	组别 Group	
	种草 ZC/(mg/kg)	稻田 DT/(mg/kg)
铁 Fe	6.15 ± 1.75	18.15 ± 16.64 <sup>*</sup>
铜 Cu	8.57 ± 1.59 <sup>*</sup>	5.72 ± 1.59
锌 Zn	17.80 ± 1.70 <sup>*</sup>	15.28 ± 0.80
锰 Mn	1.46 ± 0.62	1.63 ± 1.09
硒 Se	0.22 ± 0.02	0.15 ± 0.06

注:值为5种元素含量的平均值±SD。\*代表差异显著( $P<0.05$ )。  
Notes: Values are Means±SD of the content of the five elements. \* represents significant differences ( $P<0.05$ ).

表 4 不同地点下罗氏沼虾肌肉中微量元素含量

Tab. 4 Contents of trace elements in muscle of *M. rosenbergii* in different places mg/kg

名称 Name	组别 Group			
	肇庆 1(ZQ1)	肇庆 2(ZQ2)	南沙(NS)	梅州(MZ)
铁 Fe	4.65±0.21 <sup>c</sup>	7.65±0.35 <sup>b</sup>	3.75±0.07 <sup>d</sup>	32.55±1.06 <sup>a</sup>
铜 Cu	7.21±0.29 <sup>b</sup>	9.94±0.08 <sup>a</sup>	4.35±0.16 <sup>c</sup>	7.10±0.01 <sup>b</sup>
锌 Zn	16.35±0.49 <sup>b</sup>	19.25±0.07 <sup>a</sup>	15.9±0.57 <sup>b</sup>	14.65±0.21 <sup>c</sup>
锰 Mn	0.92±0.03 <sup>b</sup>	2.00±0.02 <sup>a</sup>	0.69±0.03 <sup>b</sup>	2.58±0.11 <sup>a</sup>
硒 Se	0.21±0.01	0.24±0.01	0.21±0.00	0.10±0.00

注:值为5种元素含量的平均值±SD。同一列不同字母表示差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

Notes: Values are Means±SD of the content of the five elements. Different letters in the same column indicate statistically significant differences ( $P<0.05$ ).

对于传统养殖模式和立体种养养殖的暗纹东方鲀(*Takifugu obscurus*)而言,养殖模式不仅会影响肠道菌群中优势菌门和优势菌属的表现,还会影响两者的相对丰度<sup>[21]</sup>。在本研究中,厚壁菌门、变形菌门和软壁菌门为两种养殖模式共有的优势菌门,而种草养殖模式下还有蓝细菌门和拟杆菌门,但在3种共有优势菌门丰度比较中,稻田养殖模式的厚壁菌门、软壁菌门丰度均显著大于种草养殖模式( $P<0.05$ ),而变形菌门无显著差异。对斑马鱼(*Danio rerio*)的研究<sup>[22]</sup>发现,厚壁菌门在肠道中富集后通过增加上皮脂滴的数量促进脂肪酸的吸收,这意味着厚壁菌门能够促进斑马鱼肠道对营养的利用。而在营养物质的代谢和吸收方面,厚壁菌门与拟杆菌门具有相互促进的共生关系。在凡纳滨对虾的研究就有表明,高F:B(厚壁菌门:拟杆菌门)会加强宿主的肠道

脂肪代谢和能量吸收,提高对虾肌肉脂肪酸含量<sup>[23]</sup>。本实验中,厚壁菌门在稻田养殖模式下的罗氏沼虾肠道中相对丰度较高(图4),而且拟杆菌门较种草养殖更低,其F:B更高,故推测稻田养殖模式比种草养殖模式下的罗氏沼虾具有更强的营养吸收的能力。因此建议在稻田养殖模式中通过添加微生物制剂等方法制备饲料,从而适当提高F:B,以期促进虾体生长。另外,在厚壁菌门的属水平结构分析中发现(图5),稻田养殖模式群体的乳球菌属的相对丰度显著高于种草养殖模式( $P<0.05$ )。相关研究<sup>[24]</sup>表明,乳球菌属的乳酸乳球菌可以改善宿主优势菌群和提高肠道菌群相对丰度,且对感染无乳链球菌的斑马鱼具有积极的治疗作用,这表明稻田养殖的罗氏沼虾可能对病害具有更高的抵抗力。在两种养殖模式共有的优势菌门中,变形菌门也在肠道行使免疫功能的过程中扮演重要角色。如凡纳滨对虾中的研究发现,变形菌门含有弧菌科、红杆菌科等条件致病菌,其丰度增加会提高养殖对象的致病风险,但同时适量丰度的变形菌门刺激也能够增强虾类的免疫能力<sup>[25]</sup>。在本研究中,种草养殖模式下罗氏沼虾肠道中的变形菌门丰度高于稻田养殖模式但不显著,这表明种草模式下养殖的罗氏沼虾患病的风险略高于稻田养殖模式。因此,对养殖罗氏沼虾而言,种草养殖模式还需要注意日常管理,通过控制罗氏沼虾肠道变形菌门的丰度,以提高养殖个体的免疫力,从而预防病害的发生。肠道菌群特征结果虽是基于养殖模式得出,但未考虑到肠道菌群水平和结构是否受到水体和沉积物微生物的影响,这方面内容还有待研究。

### 3.2 肌肉风味指标分析

游离氨基酸中的呈味氨基酸是影响水产品肌肉风味的重要指标,不同呈味氨基酸对产品口感的贡献大小常用滋味活性(Taste activity value, TAV)来表示。当TAV大于1时,则说明所对应氨基酸对测试产品的口味有显著影响<sup>[26]</sup>。本研究发现不论是稻田养殖模式还是种草养殖模式下养殖的罗氏沼虾,其肌肉中14种呈味氨基酸的TAV均大于1,说明这14种氨基酸对罗氏沼虾的肌肉风味均有显著贡献。从氨基酸的组成来看,对罗氏沼虾肉质鲜味和甜味贡献最大的是谷氨酸、天冬氨酸和丙氨酸(TAV>



10),其次是甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸(10>TAV>1),这与红螯螯虾(*Cherax quadricarinatus*)<sup>[27]</sup>和日本沼虾<sup>[28]</sup>等物种的相关研究结果一致。而稻田养殖模式虾肌肉中检测出的14种氨基酸含量均大于种草养殖模式,其中丝氨酸和甘氨酸含量显著高于种草养殖模式个体( $P<0.05$ ),这表明稻田养殖模式下的罗氏沼虾肌肉风味更为鲜甜、味觉价值更高。除了鲜、甜味氨基酸外,苦味氨基酸中的缬氨酸、甲硫氨酸、组氨酸和精氨酸的TAV也较高(TAV>10),对罗氏沼虾的肌肉风味也有重要贡献。研究表明,肌肉风味的形成源自溶于脂质中的风味物质发生脂质氧化反应与美拉德反应,两者的相互作用维持微妙平衡<sup>[29]</sup>。而脂质含量一定程度上受脂肪含量的影响,厚壁菌门作为和脂肪沉积及储存有关的菌门<sup>[30]</sup>,会促进生物体内脂肪储存从而促进脂质沉积。综上所述,稻田养殖模式下的罗氏沼虾肌肉风味鲜美程度略优于种草养殖模式。

### 3.3 肌肉中微量元素含量

众所周知,矿物质微量元素无法在人体内合成,但在参与维持人体正常的生命活动中发挥了关键作用<sup>[31]</sup>,因此,每日补充适当的微量元素有利于人体健康。如铁参与血红蛋白和肌红蛋白等机体内多种蛋白的合成,对维持人类正常的新陈代谢十分重要<sup>[32]</sup>。而锰和硒具有调节机体免疫能力和促进抗氧化活性的作用<sup>[33-34]</sup>。铜则能促进骨胶原蛋白的合成,增强骨骼发育的强度<sup>[35]</sup>;研究表明,正常成年人每日需摄入铜、锌元素含量分别为2~3 mg和10~15 mg<sup>[36]</sup>。此外,锌是许多在细胞信号通路中重要的酶的组成部分,而缺乏锌元素会引起心肌细胞凋亡、炎症、氧化和一氧化氮途径的改变,导致心肌组织形态和功能的改变<sup>[37]</sup>。本研究发现,种草养殖下的罗氏沼虾肌肉中铜、锌元素含量显著高于稻田养殖( $P<0.05$ ),而铁元素则显著低于其在稻田养殖中的表现( $P<0.05$ )。但罗氏沼虾的肌肉中所含微量元素水平与养殖地点的关系比之养殖模式更为紧密(表3和表4)。如梅州地区采集的罗氏沼虾肌肉中铁元素显著高于肇庆地区和南沙地区,这可能是由于梅州地区采样点海拔较高(图1),土壤环境中富含铁元素;而肇庆两个地点及梅州的铜元素含量均显著高于南沙( $P<0.05$ ),锌元素含量则是肇庆2>肇庆1>南沙>梅州,这意味着肇庆地

区所处位置环境中铜、锌元素更加丰富。该结果表明养殖环境特别是土壤中的微量元素能在虾肌肉中富集,对水产品的品质提升具有益处。

### 参考文献:

- [1] 罗金萍,刘培敏,高权新. 罗氏沼虾良种选育研究进展[J]. 生物资源, 2023, 45(1): 16-27.  
LUO J P, LIU P M, GAO Q X. Research progress in selective breeding of *Macrobrachium rosenbergii*[J]. Biotic Resources, 2023, 45(1): 16-27.
- [2] 农业农村部渔业渔政管理局. 中国渔业统计年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2023: 1-180.  
Bureau of Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Fisheries Technology Extension Center, China Society of Fisheries. 2023 China fishery statistics yearbook[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2023.
- [3] YANG S, DUAN Y L, ZHANG J, et al. Observational comparisons of intestinal microbiota characterizations, immune enzyme activities, and muscle amino acid compositions of loach in paddy fields and ponds in Sichuan Province [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2017, 101(11): 4775-4789.
- [4] 王昂,王武,马旭洲. 稻蟹共作模式的发展历程和前景展望[J]. 吉林农业科学, 2013, 38(3): 89-92.  
WANG A, WU W, MA X Z. Development and prospects on rice-crab mode [J]. Journal of Jilin Agricultural Sciences, 2013, 38(3): 89-92.
- [5] 赵柳兰,龙亚男,张乐纪,等. 稻田和池塘养殖模式对中华绒螯蟹肠道菌群、免疫酶活及肌肉游离氨基酸的影响[J]. 上海海洋大学学报, 2022, 31(6): 1404-1412.  
ZHAO L L, LONG Y N, ZHANG L J, et al. Effects of paddy field and pond culture on intestinal microbiota, immune capacity and muscle free amino acids of *Eriocheir sinensis*[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2022, 31(6): 1404-1412.
- [6] 张海耿,吴小茜,姜世豪,等. 不同养殖模式对南美白对虾生长性能及肠道菌群的影响[J]. 渔业现代化, 2023, 50(3): 27-35.  
ZHANG H G, WU X Q, JIANG S H, et al. Growth performance and intestinal bacterial community structure of *Litopenaeus vannamei* under different cultivation systems [J]. Fishery Modernization, 2023, 50(3): 27-35.
- [7] 严雪瑜,叶香尘,韦玲静,等. 稻田和池塘两种模式下金边鲤与建鲤肠道菌群差异分析[J]. 水产科学, 2020, 39(4): 509-516.  
YAN X Y, YE X C, WEI L J, et al. Analysis of difference in intestinal bacterial flora between common carp *Cyprinus carpio* var. *jinbian* and *C. carpio* var. *jian* cultured in paddy fields and in ponds[J]. Fisheries Science, 2020, 39

- (4): 509-516.
- [8] LIU Q, LONG Y N, LI B, et al. Rice-shrimp culture: a better intestinal microbiota, immune enzymatic activities, and muscle relish of crayfish (*Procambarus clarkii*) in Sichuan Province [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2020, 104(21): 9413-9420.
- [9] 王丽娟, 刘菊林. 微量元素对人体健康的作用[J]. *临床合理用药杂志*, 2013, 6(8): 63.  
WANG L J, LIU J L. Effects of trace elements on human health[J]. *Chinese Journal of Clinical Rational Drug Use*, 2013, 6(8): 63.
- [10] 井明艳, 孙建义, 许梓荣. 锰的生物学功能及有机态锰的应用研究[J]. *中国饲料*, 2003(18): 26-28.  
JING M Y, SUN J Y, XU Z R. The biological functions of manganese and the application of organic manganese [J]. *China Feed*, 2003(18): 26-28.
- [11] 鲍羽. 微量元素与人体健康[J]. *鄯阳师范高等专科学校学报*, 2015, 35(6): 16-19.  
BAO Y. Trace element and human body health [J]. *Journal of Yuyang Teachers College*, 2015, 35(6): 16-19.
- [12] 马秀杰, 张跃安. 硒对人体健康影响研究进展[J]. *中国公共卫生*, 2009, 25(8): 1021-1023.  
MA X J, ZHANG Y A. Research progress of selenium on human health [J]. *Chinese Journal of Public Health*, 2009, 25(8): 1021-1023.
- [13] 张斌鑫. 安康市鱼产品富硒状况调查及加硒饲料对多鳞白甲鱼体内硒沉积水平的影响研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2019.  
ZHANG B X. Investigation on the selenium-enriched condition of fish products in Ankang city and the effect of selenium-enriched feed on the selenium deposition level in the *Onychostoma macrolepis* (bleeker, 1871) [D]. Yangling: Northwest A & F University, 2019.
- [14] 董学兴, 吕林兰, 赵卫红, 等. 不同养殖模式下罗氏沼虾肠道菌群结构特征及其与环境因子的关系[J]. *上海海洋大学学报*, 2019, 28(4): 501-510.  
DONG X X, LÜ L L, ZHAO W H, et al. Effects of different cultural patterns on microbial communities in the intestine of *Macrobrachium rosenbergii* and interactions with environment factors [J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2019, 28(4): 501-510.
- [15] 崔光艳, 姜增华, 王假真, 等. 2种养殖模式下罗氏沼虾肌肉营养成分的比较[J]. *江苏农业科学*, 2018, 46(9): 212-214.  
CUI G Y, JIANG Z H, WANG J Z, et al. Comparison of muscle nutrient components of *Macrobrachium rosenbergii* under two cultured modes [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2018, 46(9): 212-214.
- [16] ZHANG M L, SHAN C J, TAN F, et al. Gnotobiotic models: Powerful tools for deeply understanding intestinal microbiota-host interactions in aquaculture [J]. *Aquaculture*, 2020, 517: 734800.
- [17] CHEN C Z, LI P, LIU L, et al. Exploring the interactions between the gut microbiome and the shifting surrounding aquatic environment in fisheries and aquaculture: A review [J]. *Environmental Research*, 2022, 214: 114202.
- [18] 曾晨熾, 林茂, 李忠琴, 等. 基于16S rRNA基因扩增子测序分析日本囊对虾肠道菌群结构与功能的特征[J]. *微生物学通报*, 2020, 47(6): 1857-1866.  
ZENG C X, LIN M, LI Z Q, et al. The structural and functional characteristics of the gut microbiota of *Marsupenaeus japonicus* as revealed by 16S rRNA gene amplicon sequencing [J]. *Microbiology China*, 2020, 47(6): 1857-1866.
- [19] 王伟, 崔茜, 蔡章印, 等. 不同模式金刚虾养殖水体和肠道微生物菌群变化分析[J]. *西昌学院学报(自然科学版)*, 2023, 37(3): 7-14.  
WANG W, CUI X, CAI Z Y, et al. Analysis of changes in the Waterflora and intestinal microflora of *Penaeus monodon* in different cultural models [J]. *Journal of Xichang University (Natural Science Edition)*, 2023, 37(3): 7-14.
- [20] 赵柳兰, 龙亚男, 罗杰, 等. 池塘和稻田两种养殖模式下建鲤肠道菌群、免疫酶活性及肌肉氨基酸比较分析[J]. *中国水产科学*, 2021, 28(1): 48-56.  
ZHAO L L, LONG Y N, LUO J, et al. Analysis and comparison of intestinal microbiota, immune enzyme activities, and muscle flavor of Jian carp in two culture modes [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2021, 28(1): 48-56.
- [21] 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.  
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.
- [22] SEMOVA I, CARTEN J D, STOMBAUGH J, et al. Microbiota regulate intestinal absorption and metabolism of fatty acids in the zebrafish [J]. *Cell Host & Microbe*, 2012, 12(3): 277-288.
- [23] 李婷婷, 夏枫峰, 油九菊, 等. 肠道微生物群落结构对凡纳滨对虾生长的影响[J]. *浙江海洋大学学报(自然科学版)*, 2022, 41(6): 499-507.  
LI T T, XIA F F, YOU J J, et al. Effects of the intestinal microbial community structure on the growth of *Litopenaeus vannamei* [J]. *Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science)*, 2022, 41(6): 499-507.
- [24] TAN C Y, LI Q Y, YANG X J, et al. *Lactococcus lactis*' effect on the intestinal microbiota of *Streptococcus agalactiae*-Infected Zebrafish (*Danio rerio*) [J].

- Microbiology Spectrum, 2022, 10(5): e01128-22.
- [25] GAO S, PAN L Q, HUANG F, et al. Metagenomic insights into the structure and function of intestinal microbiota of the farmed Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) [J]. Aquaculture, 2019, 499: 109-118.
- [26] CHEN D W, ZHANG M. Non-volatile taste active compounds in the meat of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) [J]. Food Chemistry, 2007, 104(3): 1200-1205.
- [27] 孙丽慧, 李倩, 姜建湖, 等. 淡水经济虾类红螯螯虾 (*Cherax quadricarinatus*) 不同规格肌肉营养组成及表型性状分析 [J]. 海洋与湖沼, 2023, 54(3): 885-894.
- SUN L H, LI Q, JIANG J H, et al. Analysis on phenotypic traits and muscle nutritional composition of *Cherax quadricarinatus* in different specifications [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2023, 54(3): 885-894.
- [28] 唐金玉, 叶建勇, 戴杨鑫, 等. 江苏日本沼虾 4 个野生种群肌肉营养成分比较 [J]. 水生生物学报, 2021, 45(4): 801-808.
- TANG J Y, YE J Y, DAI Y X, et al. Comparison of muscle nutritional compositions of four wild oriental river prawn *Macrobrachium nipponense* populations in Jiangsu province [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2021, 45(4): 801-808.
- [29] 杨红菊, 乔发东, 马长伟, 等. 脂肪氧化和美拉德反应与肉品风味质量的关系 [J]. 肉类研究, 2004(1): 25-28, 10.
- YANG H J, QIAO F D, MA C W, et al. Effect of lipid oxidation and Maillard reaction on flavor meat [J]. Meat Research, 2004(1): 25-28, 10.
- [30] 王连生, 范泽, 吴迪, 等. 水产动物蛋氨酸营养研究进展 [J]. 动物营养学报, 2020, 32(11): 4981-4991.
- WANG L S, FAN Z, WU D, et al. Research progress of methionine nutrition in aquatic animals [J]. Chinese Journal of Animal Nutrition, 2020, 32(11): 4981-4991.
- [31] WANG X, HE Y F, GAO Q, et al. Approaches to evaluate nutrition of minerals in food [J]. Food Science and Human Wellness, 2021, 10(2): 141-148.
- [32] KOBAK K A, RADWAŃSKA M, DZIĘGAŁA M, et al. Structural and functional abnormalities in iron-depleted heart [J]. Heart Failure Reviews, 2019, 24(2): 269-277.
- [33] WANG G, LIU L J, TAO W J, et al. Effects of replacing inorganic trace minerals with organic trace minerals on the production performance, blood profiles, and antioxidant status of broiler breeders [J]. Poultry Science, 2019, 98(7): 2888-2895.
- [34] 熊咏民, 杨晓莉, 张丹丹, 等. 硒的生物学效应与环境相关性疾病的研究进展 [J]. 土壤, 2018, 50(6): 1105-1112.
- XIONG Y M, YANG X L, ZHANG D D, et al. Research progress in biological function of selenium and environmentally associated diseases [J]. Soils, 2018, 50(6): 1105-1112.
- [35] YIN M Y, CHEN M, LI Z Z, et al. The valuable and safe supplement of macro- and trace elements to the human diet: Capelin (*Mallotus villosus*) [J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2023, 115: 104996.
- [36] 胡亦群, 宁慧青. 人体必需微量元素过量对健康的影响 [J]. 太原科技, 2008(5): 35-36.
- HU Y Q, NING H Q. Influence of Overintaking microelement required to human health [J]. Taiyuan Science and Technology, 2008(5): 35-36.
- [37] TURAN B. A brief overview from the physiological and detrimental roles of zinc homeostasis via zinc transporters in the heart [J]. Biological Trace Element Research, 2019, 188(1): 160-176.

## Comparison of intestinal flora structure, nutritional components and muscle flavor of *Macrobrachium rosenbergii* under two culture modes

LIU Mingwei<sup>1,2</sup>, WEI Jie<sup>2</sup>, HONG Kunhao<sup>2</sup>, WANG Yakun<sup>2</sup>, LIU Fubai<sup>2</sup>, ZHU Xinping<sup>2</sup>, YU Lingyun<sup>2</sup>

(1. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Key Laboratory of Tropical & Fishery Resource Application & Cultivation of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510380, Guangdong, China)

**Abstract:** Intestinal microbiota plays a crucial role in the nutritional metabolism and immune functions of animals. In order to investigate the impact of two cultivation modes, namely grass-based shrimp farming and paddy field shrimp farming, on the intestinal microbiota and muscle flavor of *Macrobrachium rosenbergii*, this experiment focused on specimens raised in different cultivation areas with the same breeding cycle. The specimens were categorized into a grass-based cultivation group (Grass Group) and a paddy field cultivation group (Paddy Group). The study conducted analyses on the structure of intestinal microbiota, muscle amino acids, and trace elements in the muscle content. Firstly, at the phylum level classification of shrimp intestinal microbiota, Firmicutes, Proteobacteria, and Tenericutes were identified as dominant phyla under both cultivation modes (with a relative abundance > 5%). Additionally, Cyanobacteria and Bacteroidetes were identified as specific dominant phyla in the Grass Group. At the genus level classification, Lactococcus, Enterobacter, and Candidatus\_Hepatoplasma were identified as dominant genera in both groups. Secondly, in terms of microbiota diversity analysis, the number of operational taxonomic units (OTUs) in the Paddy Group was significantly higher than that in the Grass Group, indicating a higher species diversity of intestinal microbiota in *Macrobrachium rosenbergii* under paddy field cultivation. The functional prediction of the intestinal microbiota revealed that the functions in both cultivation modes were mainly concentrated in metabolic regulation pathways. Finally, in the analysis of nutritional components and the evaluation of muscle flavor, it was proved that there was no significant difference in the total contents of umami amino acids and sweet amino acids between them. However, the Paddy Group exhibited significantly higher levels of serine, glycine, and arginine in the muscle compared to the Grass Group. The iron content in the muscle of *Macrobrachium rosenbergii* under paddy field cultivation was significantly higher, while copper and zinc content were significantly lower compared to the Grass Group. There were no significant differences in the content of other mineral elements. In conclusion, *Macrobrachium rosenbergii* under paddy field cultivation exhibited superior muscle flavor and a more diverse intestinal microbiota. The results of this study can provide technical references and guidance for different health cultivation modes of *Macrobrachium rosenbergii*.

**Key words:** *Macrobrachium rosenbergii*; breeding mode; intestinal flora; free amino acids; microelement