

构建池州职院园林人才培养新体系

戴启培

(池州职业技术学院 园林系, 安徽 池州 247000)

中图分类号: G718.5 文献标志码: C 文章编号: 1672-8742(2011)03-0117-03

1. 围绕市场岗位要求, 确立特色人才培养目标与人才培养模式

高等职业教育是“以就业为导向, 以服务为宗旨, 走工学结合的道路”为宗旨, 在教学过程中坚持实践性、开放性、职业性, 注重实验、实训、实习三个关键环节的应用型的高等教育。高等职业教育作为高等教育中的一个类型, 肩负着培养面向生产、建设、服务和管理第一线需要的高技能人才的使命, 在我国加快推进社会主义现代化建设进程中具有不可替代的作用。

近年来, 池州职业技术学院园林技术专业坚持以创新办学理念为先导, 以专业建设为龙头, 以教学工作为中心, 以课程建设与改革为抓手, 以培养服务城市生态环境建设为目标, 不断提升专业的办学特色, 拓宽专业建设思路。

作为省级特色专业建设项目, 项目建设小组在充分分析与论证的基础上, 围绕教育部有关文件精神, 确立了“对准岗位技能设课程, 对准技能要求抓教改”的建设思路, 人才培养体系日渐完善, 如图1所示。

虽然安徽省高职院校60多家, 开办园林专业或类似专业的高校约为26家左右, 但多数学校没有植物专业做支撑, 不太能适应中小型园林企业对设计人员的要求。

在市场调查分析的基础上, 学校多次召开专家讨论会, 经过充分论证, 结合市场岗位需求与高职学生的特点, 确立了独具特色的人才培养目标, 即立足池州, 面向全省, 辐射长三角, 为地方经济建设培养具备掌握园林技术专业基本理论和专门技术, 具有专业素质和综合能力的能在生产一线从事中小型绿地设计、施工和经济管理的高技能人才。

培养目标的确立决定了专业的就业定位为“一主二副”的岗位群, 即以中小企业培养设计岗位为主, 兼顾培养施工员、园林造价、招投标等施工与园林工程经济管理岗位两个为副方向。

新的人才培养目标要求学生在具备一定的基础理论和专门知识的基础上, 重点掌握从事本专业领域实际工作的基本能力。在立足园林岗位群需求基础上, 确立以构建素质、能力为主的“能力主线、实践主导、项目驱动、模块教学”的人才培养新模式, 全面提高学生的职业道德、职业技能和可持续发展的能力。近两年的实践证明, 广泛的校企

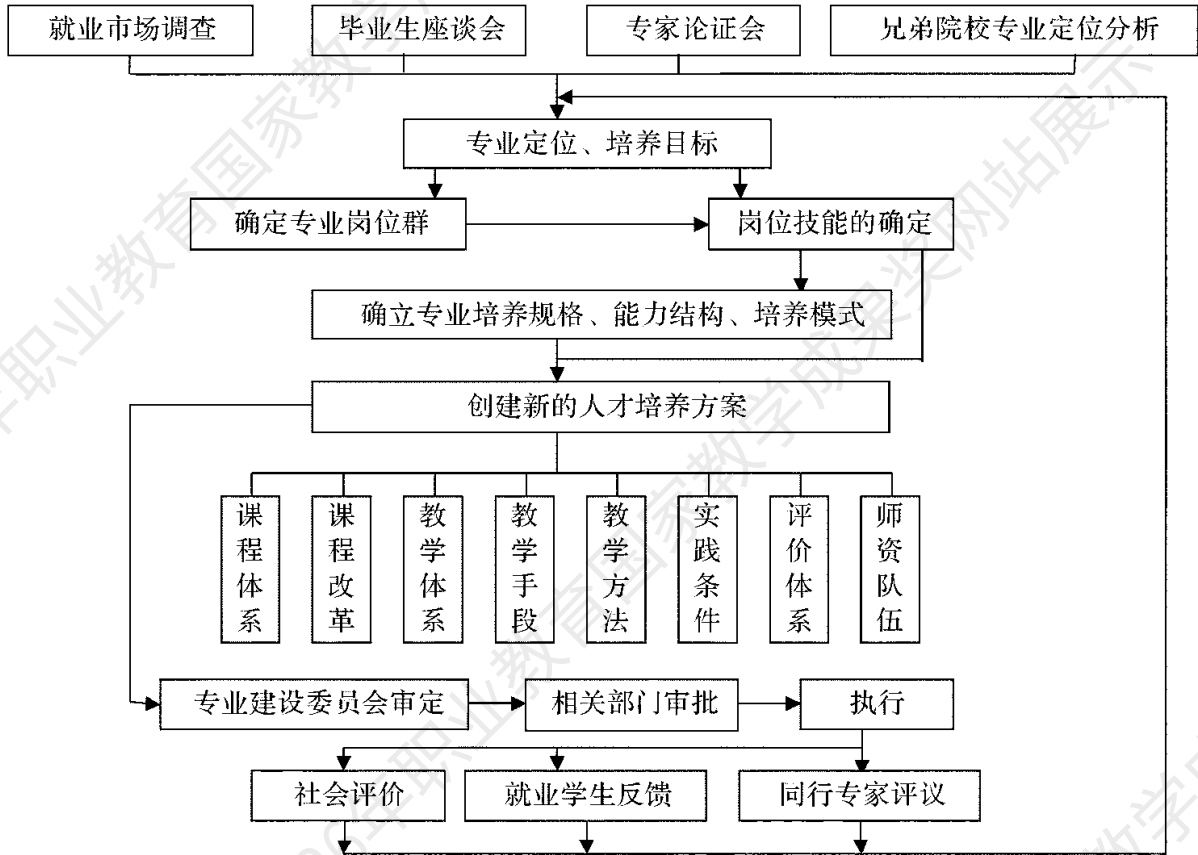


图 1 园林技术专业建设流程图

合作、产学结合,是人才培养的主要途径;工学交替、师生互动,是教学过程的内在要求。

根据工学结合,校企合作的要求,把教学过程分解为“2+1”的培养模式,前两年在校接受基本素质与专业素养的学习,第三年,结合企业对人才零适用期的实际要求,安排学生到实训基地进行顶岗实习。经过几年的实践,证明“2+1”的培养模式适合高职教育,与工学结合相适应。

2. 围绕岗位技能要求构建新的课程体系

根据岗位技能要求,应着力培养学生的动手能力、实践能力。根据职业岗位群与园林职业标准,可把本专业课程分为基本素质和专业技能两个模块,每个模块又可分成多个小模块,模块下对应设置课程如表 1 所示。根据职业岗位要求,在教学内容上把每一门课程分解为若干个模块,每一个模块解决一个实际问题,打破原有的理论框架,每个模块则由若干个项目组成。学生通过完成校企合作项目或模拟工作项目,学习基本理论知识,培养动手、创新、实践等三个方面的能力。

为适应高职人才培养目标强调职业性、适应性的要求,必须在教学中以市场对人才知识结构需

表 1 园林技术专业毕业生基本技能分析表

类别	序号	能力模块组成
基本素质能力	1	政治思想模块
	2	身体与心理素质模块
	3	人文素质教育模块
	4	基础理论教育模块
专业基本能力	1	计算机应用能力模块
	2	园林基础知识模块
	3	园林工程施工管理模块
	4	园林规划设计模块
	5	园林植物模块

求为宗旨,以能力为本位,注重综合素质、综合能力、创新能力的培养来调整教学内容;依照国家职业分类标准及对学生就业有实际帮助的相关职业资格证书的要求,把职业资格证书课程纳入教学计划之中,将证书课程考试大纲与专业教学大纲相衔接,强化学生技能训练,使学生在获得学历证书的同时,顺利获得相应的职业资格证书,增强毕业生就业的竞争能力。依据上述原则,对原有的教学内容进行了“分解、融合、增加或删减”,使教学内容和课程设置贴近园林技术市场的需要。

3. 围绕技能培养,采用新的教学方法和手段

课程内容改革了,课程体系适合新的培养目标了,还不能说是从根本上达到新型高职人才的培养目标,还必须改革教学方法,更新教学手段。要改变过去以“教师为中心、课堂为中心、教材为中心”为“以人才培养目标为中心、以学生为中心、以实训为中心,以职业能力和素质教育为中心”,注重教学手段与教学方法与课程体系、课程改革相适应,突出专业理论知识和实践能力的培养,提高学生的实践力、创新力和执行力。

园林技术专业的学生重点应掌握三个方面的实践技能,即以园林规划设计为核心的设计技能,以工程施工为核心的园林工程技能,以园林工程造价为核心的园林经济管理技能。这些技能,是由不同的课程来支撑的。为此,结合岗位需求和能力要求,组织跨课程的综合实训课程。

高等职业教育强调学生职业能力的培养,而最重要的一点就是培养学生的动手能力和职业竞争力。在教学中坚持与职业要求相结合,将职业技能大赛常态化,每年均结合专业特点和职业要求,组织相应的职业技能大赛。为突出大赛的职业性,坚持“大赛任务项目化、专家评委社会化”。如园林景观设计大赛,设计底图均来源于社会真实的小型绿地,设计要求由业主和专业教师共同制订,组建由专业教师、校外设计人员、业主等多方面构成的专家评委会对作品进行评价。

教学计划要求学生毕业时必须拿到一到两个职业技能证。这些职业技能证的考试,除了必要的理论考试外,重点在于在工程现场进行操作考试,如施工员考试,要求学生在园林工程现场通过看图纸,完成定点放线等施工任务,让学生能真正融入到工程实践中去。真正做到职业技能鉴定实践操作为主,理论考试为辅。

园林毕业生的工作任务其实质就是不断地完成不同的园林项目,这为推行项目教学法提供了极为有利的条件。项目教学法,其实质是教育部倡导的“任务驱动法”。“任务驱动法”要求“任务”有目标性,并创建出真实的教学情境,使学生在强烈的求知欲的驱动下,通过对任务的分析、讨论和对学习资源的积极主动应用,在自主探索和互动协作的学习过程中,在老师的指导、帮助下完成任务,实现知识的建构。在教学过程中,通过“项目引入——项目解析——探索与实践——项目展示——项目评价”五个步骤,层层深入。在教学中,教师可充分运用现场教学、示范教学、案例教学等方法,让学生对项目深入了解,而学生通过现场教学、资料搜集、师生交流探讨、动手实践完成项目任务,通过学生的作品展示、交流互动、师生共同评价完成对项目的评价,促进学生项目运作能力的再提高,真正做到了“教、学、做”一体化。

主持人语：近日，世界职业技术教育发展大会在天津成功举办，大会围绕“数字赋能、创新发展”“产教融合、协同育人”“普职协调、终身学习”“命运与共、合作共赢”等议题共话世界职业教育高质量发展之计。党的十八大以来，我国着力把职业教育摆在教育改革创新和经济社会发展中更加突出的位置，先后实施了一系列增强职业教育适应性的行动计划，尤其是推进建设现代产业学院、稳步发展本科职业教育，不断在创新应用型人才培养模式和构建技能型社会方面展开积极探索。本组文章重在分析“中国做法”，凝练“中国特色”，思考“中国答案”，以期助力职业教育在顺势和求变中更好发挥经济和民生作用。

——邢晖（国家教育行政学院学术委员会主任、研究员）

高职院校产业学院现状调研与思考建议

邢 晖¹ 曹润平² 戴启培³

(1. 国家教育行政学院，北京 102617；

2. 包头职业技术学院，内蒙古 包头 014030；

3. 池州职业技术学院，安徽 池州 247000)

摘 要：产业学院是职业教育深化产教融合、校企合作，突破传统路径依赖，充分发挥产业优势和企业育人主体作用的重要载体和创新实践模式。在充分调研的基础上，深度分析高职院校产业学院的背景与特征、政策与导向、现状与问题，指出产业学院发展的重点、难点问题，提出从规范组织架构、明确利益主体责任、健全运行机制、强化保障机制、建立监督与评价机制、完善风险机制等六个方面引导和规范产业学院的建设与运行。

关键词：高职院校；产业学院；产教融合；体制机制；校企合作

中图分类号：G718.5 **文献标识码：**A **文章编号：**1672-4038 (2022) 09-0020-10

产业学院是产业、行业、企业参与高职院校教学、科研与人才培养，搭建校企“共建、共管、共享”平台，实现产教融合的重要方式。^[1] 为了解高职院校产业学院建设现状及存在的问题，并提出相关对策建议，国家教育行政学院第66期高校中青年干部培训班师生组建课题组，开展了“高职院校产业学院现状调查与思考建

议”调查研究。

课题组主要基于职业院校视角，综合运用问卷调查、深度访谈、政策分析、文献分析等多种方法开展研究。问卷调查基于产业学院基本情况、组织架构、运行机制、保障机制、效益评价5个维度，共设计32个题目。经初测检验，问卷信效度较高，调查结果能够可靠地反

收稿日期：2022-08-27

作者简介：邢晖，女，研究员，国家教育行政学院职业教育研究中心主任，国家教育行政学院第66期高校中青年干部培训班（高职中青第9期）总班主任兼1班班主任，主要从事职业教育和教育管理研究；曹润平，男，副教授，包头职业技术学院党委委员、党政办公室主任、“双高”推进办公室主任，国家教育行政学院第66期高校中青年干部培训班（高职中青第9期）学员，主要从事高职教育内部质量保证研究；戴启培，男，教授，池州职业技术学院教务处处长，国家教育行政学院第66期高校中青年干部培训班（高职中青第9期）学员，主要从事职业教育专业改革研究；课题组成员还有国家教育行政学院第66期高校中青年干部培训班（高职中青第9期）1班学员王英、叶飞、刘衍芬、孙华祥、李欣、杨娟、吴国华、张慧、张凤娟、张宏奎、陈政、周妍、施星君、姜卓茂、黄本兴、曹权、韩彦国、蔡捷。

映出一些现实问题。课题组面向 31 个省（市、自治区）的 375 所高职院校发放了调查问卷（每个产业学院 1 份），共回收问卷 618 份，其中有效问卷 512 份，有效回收率为 82.8%。深度访谈主要聚焦产业学院体制、机制建设，详细了解了 20 所高职院校产业学院建设情况。政策研究方面，共研读国家及地方政府产业学院相关政策文件 22 份（其中国家文件 7 份，地方文件 15 份）。

一、产业学院的内涵与特征

党的十八大以来，我国经济高质量发展，在大力振兴实体经济、加快发展数字经济、全面推动产业转型升级中，对人才培养，尤其是高素质技术技能人才培养提出了新的要求。2017 年国务院办公厅印发的《关于深化产教融合的若干意见》指出人才培养供给侧和产业需求侧在结构、质量、水平上还不能完全适应。习近平总书记多次对职业教育作出重要指示批示，党和国家从战略高度、全局视野、依法治教等角度对职业教育发展作出顶层设计、重要部署和大力支持。推动现代职业教育高质量发展，深化产教融合、校企合作，增强职业教育适应性，是新时代职业教育的主题和使命。在新阶段、新理念、新格局下，一方面对产业和企业来说，从制造大国走向制造强国，技术技能型人才需求迫在眉睫，企业创新极为重要，加强与高等院校特别是应用型、职业技术类高校合作，必然成为企业的需要和诉求；另一方面对职业院校而言，产教融合、校企合作是必由之路，如何在原有基础上深化、强化和更加有效，需要探索新模式、新平台和新资源。正是在校企双方共同的呼唤之下，产业学院应运而生。

如何界定产业学院？事实上，2014 年国务院印发的《关于加快发展现代职业教育的决定》提出，“探索发展股份制、混合所有制职业院校”，这为产业学院概念的提出奠定了基础。2020 年，《现代产业学院建设指南（试行）》从申报条件进一步明晰了产业学院的样态，具体包含如下五个方面。一是多元主体协同。政、行、企、校、社多元共生、多元培养、多方需

求，具有共建共管的组织架构。二是专业（群）与产业高度相关。人才培养专业与区域产业具有高度契合性，体现职业教育服务区域经济社会发展的面向定位。三是专业（群）具有相对优势。人才培养专业大多列入“双高”等重点建设范围，体现了专业选优基础。四是对接产业被列入区域规划。对接产业应是区域支柱产业或国家战略新兴产业。五是参与企业具有产教融合优势。参与的企业主体参考产教融合型企业相关要求，在区域产业链条中居主要地位，或在区域产业集群中居关键地位。从操作意义上讲，上述主要是具有选拔性的要求和条件，不一定适合普遍意义的产业学院，但可以作为界定和理解产业学院的参考。

产业学院有什么样的特征？国内文献研究概括较多，主要集中为以下几点：第一，服务面向的产业性，产业学院面向产业而建，其人才培养、技术研发、社会服务等均具有明确的产业服务指向；第二，建设主体的多元性，产业学院一般由政府、学校、行业协会、企业等不同主体共建；第三，相对独立性，与传统的大学二级学院相比较，产业学院具有更强的独立性和灵活性；第四，功能的综合性，产业学院以培养技术技能型人才为主，集教育、培训、科学研究、技术创新、社会服务、创新创业等功能于一体。^[2]

综上，本研究认为，产业学院是以服务地方主导产业为宗旨，以技术技能型人才培养为目标，以契约或资产为纽带，校企双方共同组建的相互依赖、相互融合、风险共担、利益共享的新型办学实体。

二、产业学院的政策与导向

（一）国家层面

2022 年 5 月 1 日，新修订的《中华人民共和国职业教育法》正式实施，其明确规定职业教育必须坚持产教融合、校企合作，企业可以举办或者联合举办职业学校，对深度参与的企业按照规定给予奖励。这些法律条款，为深度开展校企合作、建立产业学院提供了法律依据。

目前,国务院及相关部委直接提及产业学院建设的政策文件共有4个。2017年,《国务院办公厅关于深化产教融合的若干意见》提出“鼓励企业依托或联合职业学校、高等学校设立产业学院”。2020年,教育部办公厅、工业和信息化部办公厅印发的《现代产业学院建设指南(试行)》提出“以区域产业发展急需为牵引,面向行业特色鲜明、与产业联系紧密的高校,重点是应用型高校,建设一批现代产业学院”。2021年,中共中央办公厅、国务院办公厅印发的《关于推动现代职业教育高质量发展的意见》明确提出“推动校企共建共管产业学院、企业学院,延伸职业学校办学空间”。2022年,工业和信息化部等五部门联合发布的《关于推动轻工行业高质量发展的指导意见》提出“鼓励普通高校、职业院校(含技工院校)、科研机构和企业建立联合培养模式,建设一批现代产业学院,加快建立多层次的职业教育和培训体系”。

通过梳理国家政策文件,可以总结出三个方面的导向:一是产业学院建设已被提上日程,明确作为深化产教融合、高质量发展的重要举措,“做不做”的问题,毋庸置疑;二是产业学院的建设任务基本明确,《现代产业学院建设指南(试行)》中提出了七项任务,回答了“做什么”的问题;三是产业学院建设的主导方没有统一,政府主导、企业主导、学校主导都被提及,但最终谁来牵头还不明确。

(二) 地方层面

据不完全统计,目前有15个省(市、自治区)出台了产业学院的政策文件,其中重庆、北京、广西、辽宁等4个省(市、自治区)出台了关于职业教育产业学院建设的相关文件和试点政策。

重点梳理职业院校产业学院的地方政策文件,总结有以下几个导向。一是把建设产业学院作为打造地区职教品牌的重要举措。例如,广西提出把产业学院打造成广西职教品牌;北京提出建设工程师学院和技术技能大师工作室,打造一批具有辐射引领作用的高水平专业化产教融合创新平台;辽宁规划建设一批兴辽产业学院。二是建设内容基本遵循了《现代产业学

院建设指南(试行)》中提出的七项任务,个别省(市、自治区)略有延伸。三是在产业学院体制机制建设上,结合地方特点,已有一定的政策突破。例如,重庆明确由市教委会同有关部门协同职业院校、地方政府与合作企业,加强对现代产业学院建设及运行的指导;开展招生改革试点,允许职业院校根据产业人才培养需求,设立单独招生计划,在招生指标和项目评审方面给予政策倾斜;探索建立产业学院理事会(董事会)、专家指导委员会的管理模式;设立产业学院专项资金保障产业学院的正常运行;支持参与现代产业学院建设的职业院校加大现代产业学院高端研究人才和产业人才引进力度。广西提出以校中院、企中院、园中院等方式吸引行业优质企业与学校共建产业学院;建立理事会(董事会)管理体制,负责重大事项决策;建立校企双方利用投入要素共建体制机制,按投入要素依法参与收益分配的机制;鼓励高校成立股份制、混合所有制等产权明晰的实体性产业学院;设立产业教授、企业教师等专岗、特聘岗位。

三、产业学院的现状与问题

(一) 基本现状

通过调研分析,可以从以下六个方面总结高职院校产业学院现状。

第一,产业学院建设得到高职院校的积极响应,具备深入推行的实践基础。接受调研的375所院校中,已有311所院校开展了产业学院建设,占比82.93%,其中有101所院校建有2个及以上产业学院。可见,把产业学院作为深化产教融合、校企合作的重要新载体,得到高职院校的普遍认同。

第二,产业学院的模式呈现多样化。按治理主体有学校-企业型、学校-协会型、政-校-行-企多主体型模式;按运行模式有校企整合型、引企入校型、入企建设型;按合作形式和特征有共建共享型、学校主导型、企业主导型;按组织内生逻辑有产业助推主导型、资本增值主导型、人才提质主导型,等等。^[3]

第三,产业学院组建以学校主导为主,且在校生规模已有一定的基础,但大多仍处于自主探索阶段。调研发现,产业学院建在学校的占 78.59%,建在合作企业的占 14.59%,建在政府产业园区的占 4.94%,其他占 1.88%;在校生规模大于 100 人的占比 76%,其中大于 500 人的占 31%。在政策上,国家层面还没有关于职业院校产业学院的专项文件,地方层面也只有 4 个省(市、自治区)出台了建设文件。这表明,学校是推动产业学院建设的主要动力方,产业动力明显不足;职业院校产业学院建设基本处于学校自主探索阶段,地方政府主动推进产业学院建设还远远不够。

第四,产业学院的企业主体从多维度呈现出“职业教育校企合作”特点。调研发现,从企业性质看,民营企业占主导地位,占比超过 50%,国有企业占 15%—25% (见图 1)。民营企业参与产业学院比例明显高于国有企业。调研组尝试得出两个判断:一是民营企业与国有企

业相比,参加产业学院具有更加灵活的体制、机制,政策、制度相对灵活,障碍少;二是民营企业的市场意识更加强烈,对产业学院带来的人才、技术、创新等利益更加敏感和看重。反之,国有企业的组织架构、制度约束、风险机制等多方限制及人才观念等导致其参与产业学院的积极性和可行性相对较低。从企业规模看,大、中型企业占主导地位,占比超过 85%,在“一校一企”的合作模式中尤为突出;小、微企业也有参与,尤其在“一校多企”的合作模式中,占比有较大提升(见图 2)。大、中型企业,尤其是大型企业,在产业覆盖、产品质量、技术创新、人员储备、设施设备先进性方面具有较大优势,更加符合产业学院的合作要件,更加受院校欢迎。在产业学院有多个合作主体时(不包括学校本身),行业组织的作用得以发挥。其平台作用、协调和沟通的便利性成为“一校多企”式产业学院的需要。总体来看,产业学院的企业合作主体选择取决于当地

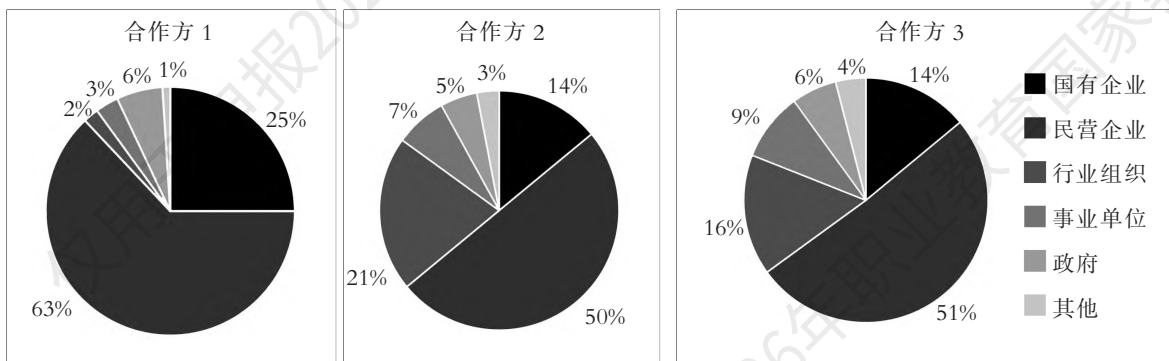


图1 产业学院合作方性质

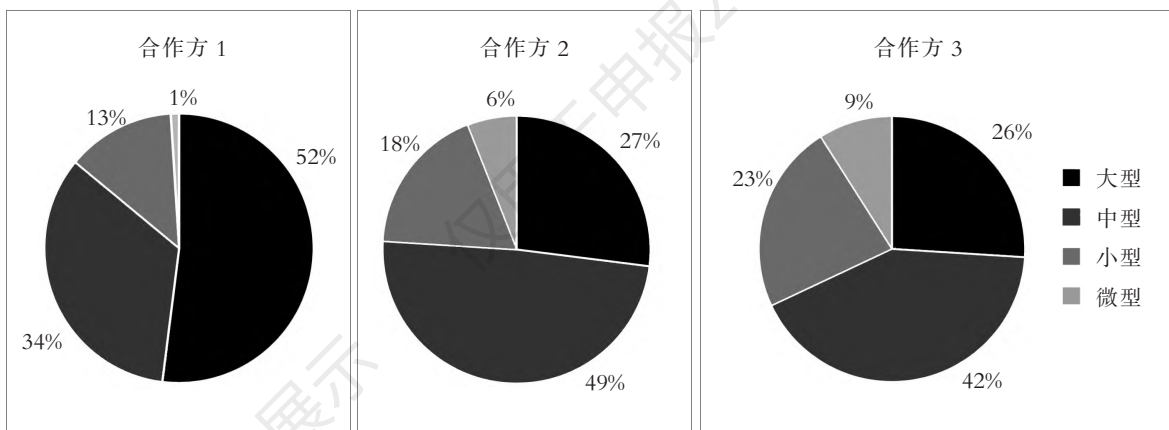


图2 产业学院合作方规模

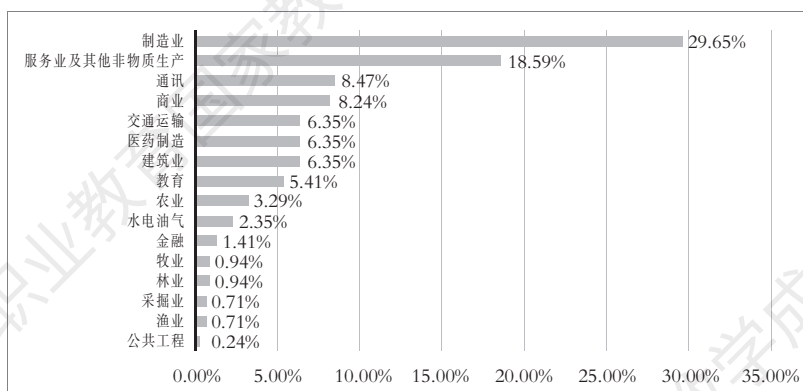


图3 产业学院对接产业情况

产业形态、经济发展水平和院校专业面向及发展水平。

第五，产业学院随产业发展需求和国家政策导向对接产业。调研发现，对接制造业的产业学院占比最高，依次是服务业及其他非物质产业、通讯业、商业、医药制造、建筑业、交通运输等。农、林、牧、渔等一产类产业和采掘业、公共工程产业建设产业学院比例最低（见图3）。经分析，产业学院对接产业的数量差异有以下几点原因：一是产业对应专业的种类、数量，覆盖院校和人群的多少，影响产业学院的数量；二是国家产业战略导向、政策支持，如“中国制造2025”引导了产业学院的发展；三是产业学院的发展要素，如技术、设备、人员、资金、场地等在各产业间是不平衡的，农林牧渔等一产类产业在校企合作上确实存在场地、设备设施等困难。

第六，产业学院育人属性已经凸显。调研发现，现有产业学院在发挥企业育人主体作用、企业要素融入育人环节、推进人才培养模式改

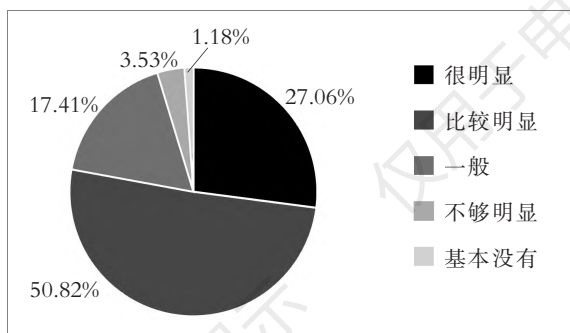


图4 产业学院推动“新规范、新技术、新工艺”融入人才培养情况

革等方面发挥了显著作用。77.64%的产业学院具有真实的企业生产场景，77.88%的产业学院在推动行业企业“新规范、新技术、新工艺”融入人才培养过程中发挥作用明显（见图4），产业学院在创新人才培养模式、提升专业建设质量、开发校企合作课程、打造实习实训基地方面发挥作用最突出（见图5）。

（二）主要问题

调研发现，目前产业学院存在概念不清晰、定位不准确、行业企业参与度低、平台创设不够、课程体系开发不足、师资队伍乏力、人员流动不畅等各方面问题，但主要集中在管理体制、机制方面。

1. 组织架构不规范

一是没有建立起具有独立决策权的组织架构及高效的执行机构。77.24%的产业学院不具备独立法人资格，现有架构基本脱胎或依附于学校的行政管理机构。二是体现多方主体共建共管不够，产业主体方介入程度浅。只有34.15%的产业学院建立了理事会。

2. 运行机制不健全

一是各方主体责权利不清晰，尤其是在产权划分、利益共享方面缺乏明确界定，导致各利益主体没有发挥最大效能。在对产业学院“利益主体投入与预期收益的冲突因素”调研中，认为运行机制不完善的占54.67%，认为产权关系界定不清的占28.86%。

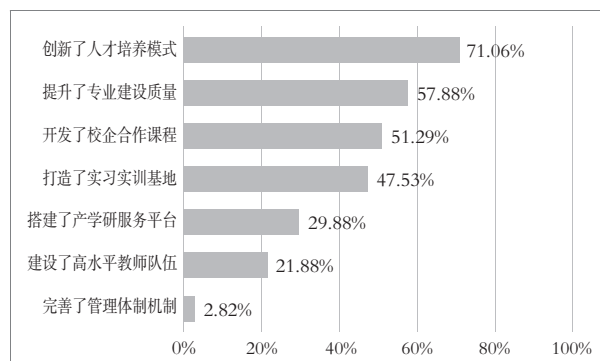


图5 产业学院作用发挥情况

二是决策机制不完善,产业主体方参与决策不够。58%的产业学院决策机构是学校党委会或二级院系党政联席会。

三是日常运行中,执行、沟通、协调机制不完善,相关规章制度不健全,甚至相当数量的产业学院没有章程,没有建立完备的例会、通报等会议制度。在对产业学院“建设中的主要问题”的调研中,居于前两位的分别是制度保障问题(占 52.64%)和运行管理问题(占 46.75%)。

3. 保障、产出、评价和风险防范机制有缺失

一是对产业学院前期建设相关政策、资金、资源支持不到位。在对“产业学院投入”的调研中,选择“学校和行业企业共同投入为主”的占 64.71%,而选择“政府投入为主”的仅占 0.94%(见图 6);在关于“产业学院认定形式”的调研中,政府部门发文或备案予以确认的只占 10%左右;政府对建设产业学院的企业在土地、财税、金融方面予以支持的占 19.29%。

二是在产业学院运行发展中政府在政策供给和保障上有缺位,尤其是在地方政府落实和细化国家相关政策、明晰和突破一些政策边界

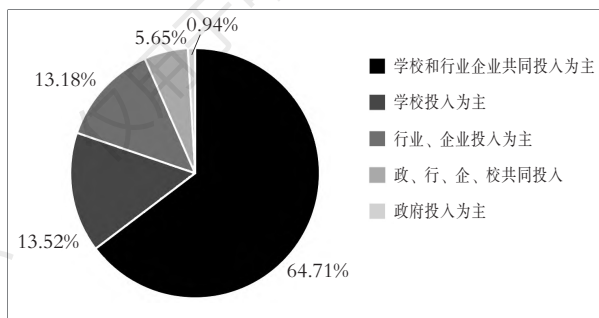


图 6 产业学院各方主体投入情况

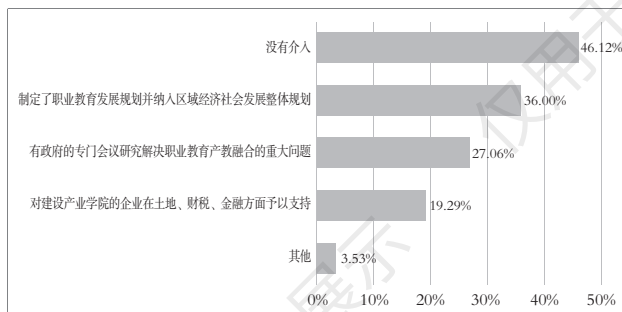


图 7 政府推动和支持产业学院措施情况

方面更为突出。在对“政府推动和支持产业学院具体措施”的调研中,选择“政府没有介入”的占比最高,达 46.12%(见图 7)。

三是产业学院的自我发展能力不足。问卷结果表明,产业学院有真实工作环境且有真实产出的不足 30%,这意味着大多数产业学院无直接经济效益。没有直接经济效益表明产业学院的生产属性显现不足。片面强调产业院校在人才、创新等方面的需求而忽视企业追求赢利的必然诉求,企业积极性不足也是情理之中。

四是没有建立起科学、系统的评价机制和风险防范机制。调研中,调研组从产业学院的组建水平、运行水平、产出水平 3 个维度 23 个指标构建评价体系,并进行了重要性调查。对收回的 436 份有效问卷进行信效度分析。采用熵值法确定权重,按照 Like5 级评分法(非常重要 5 分,极不重要 1 分)量化后,运用信息熵计算公式求各指标信息熵后排序(见图 8)。

通过分析,教学指导委员会组织运行 b201,成果研发及转化水平 b308,创新创业支持能力 b305,科技研发平台建设 b307,标志性教学成果 b301,解决企业人才、技术难题 b302,行业企业参与思政育人 b209,多元投入机制 b102,利益共享机制 b104,社会声誉及评价 b304,协同育人模式创新 b203,行业企业参与教学评价 b208 这 12 个指标排序靠前。技术技能培训水平 b306,学生就业支持 b210,行业企业参与教学改革 b207,培养方案、教学标准制定 b202,共建教学资源 b206,共建实习基地 b205,人才培养质量 b303,共建教师队伍 b204,可持续发展与保障机制 b105,企业深入参与 b103 排在后十位。熵越大说明系统越混乱,携带的信息就越少;熵小说明系统越有序,携带的信息越多。可见,排在后十位的指标在产业学院建设绩效评价中被认为重要程度更高。

四、产业学院建设的思考与建议

(一) 发展思考

在影响产业学院发展的众多因素中,哪些是重点和难点,并有针对性地采取措施,值得职教

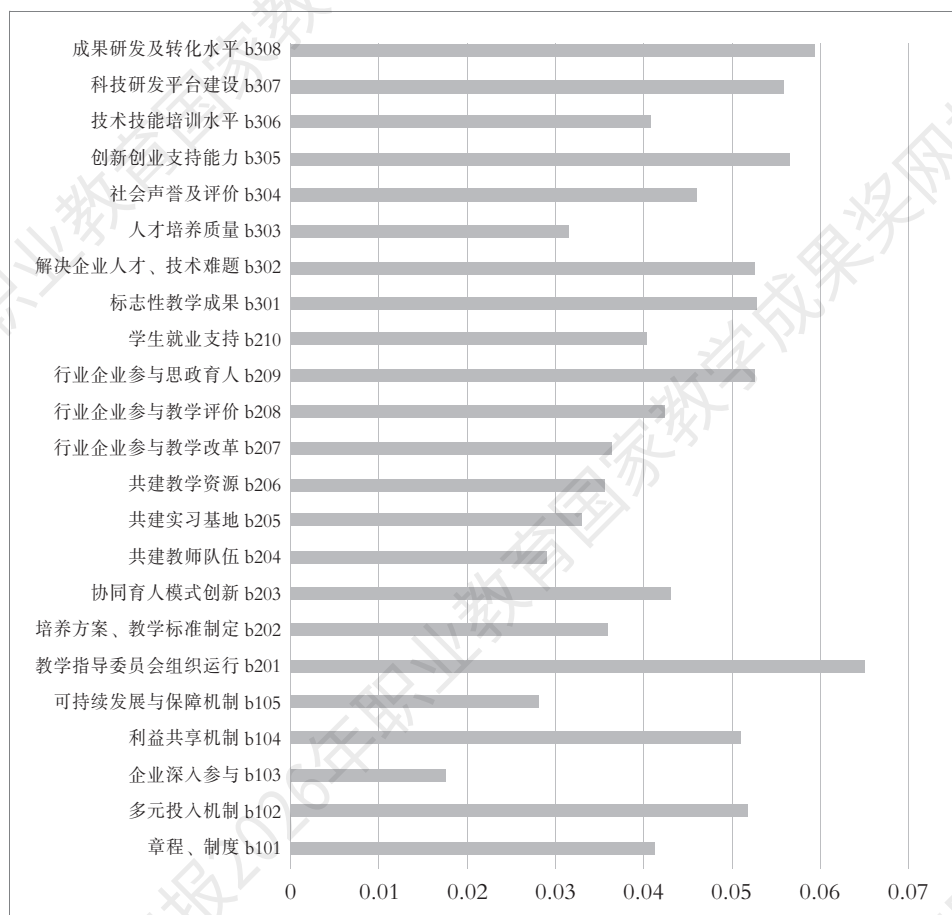


图8 产业院校建设绩效评价信息熵权重图

同仁思考。通过调研，本研究认为打通体制机制障碍，仍然是产业学院建设的重点和难点。

1. 组织架构是基石

组织架构是顶层设计，直接决定了产业学院的运行模式。从调研可以看出，在组织架构上如何体现党对产业学院的领导，如何保证产业学院独立决策和高效运行，如何提高各方利益主体的参与度，是各个院校关注的焦点问题。因此，构建相对完善的组织架构显得尤为关键。

2. 责权明确是前提

产业学院共建共管特征属性，决定了各方主体的利益共生、共联、共享。目前大部分高职院校的产业学院是由学校主导建设，不免受到学校管理体制的行政干预，市场化运作效能不足，分配制度和利益保障机制不灵活。在利益相关者视域下，责权利的界定和分配显然是产业学院健康发展的前提。

3. 制度建设是保障

制度是刚性约束，具有长久性和稳定性，是组织机构有序、稳定运行的保障。产业学院作为产教融合、校企合作的新型组织，本身的运行积累相对薄弱，制度建设沉淀不足，加之多方主体参与，理念、文化、模式、方法的融合都存在更多挑战。为此，系统设计产业学院的制度体系，规范权力范畴，理顺工作程序，加强流程控制，显得重要而迫切。

4. 共建共赢是关键

产业学院建设的关键是整合政、行、企、校等多方资源，深化产教融合，共同投入，多方获益。“共建”既有前期的投入问题，也有过程的管理问题，重点是叠加和融合。显然，争取各方的最大投入，尤其是政府的投入和支持，是产业学院建设的关键。“共享、共赢”是产出的体现，要从人才培养属性和生产属性等多个角度去满足各方主体的利益差距，重点解决隐性利益和显性利益在内的多要素利益共享。正视利益分化、利益差异并寻求将差距保持在合理范围内是关键。

5. 双元育人是目的

产业学院的第一属性是育人属性，产业学院建设始终不能偏离育人目标。《现代产业学院建设指南（试行）》提出，创新人才培养模式、提升专业建设质量、开发校企合作课程、打造

实习实训基地、建设高水平教师队伍、搭建产学研服务平台、完善管理体制机制是产业学院建设的基本任务。为达成这些任务,发挥校企双元主体作用,特别是企业作为育人主体承担产业学院基本任务的作用,把企业生产要素融入人才培养过程至关重要。

6. 评价激励是动能

落实《深化新时代教育评价改革总体方案》精神,建立科学的评价体系和激励机制,对于产业学院的建设发展有重要的导向作用。建立健全评价体系能够帮助各投入主体洞悉产业学院建设重点、评判运行成效、明晰改进措施。建立激励机制,关键是让企业主体切实获得投入的价值回报,保障企业的基本权益。学校要提升对企业人才、技术需求的满足能力。

7. 风险防范是底线

产业学院作为深化产教融合、校企合作的创新载体,必须在现有法律法规下建立底线思维,做好风险防范。要厘清涉及资产、产权、利益等各方面的风险,加大风险评估,采取前置措施,做好保底准备,确保政治安全、法律安全、人身安全和财产安全。

(二) 改进建议

产业学院建设是一项系统性工程,理应从多个角度通盘考虑和统筹规划。其中,机制建设是关键。一方面,国家和地方要从法律、政策层面对产业学院建设予以机制保障;另一方面,产业学院自身也必须形成良序的管理和运行机制。

1. 规范组织架构

第一,坚持党的领导。产业学院应建立基层党组织,全面加强党的领导,保证正确办学方向,帮助解决工作中存在的实际困难;产业学院的相关重要事项要经过党组织会议研究,接受党组织监督;党组织主要负责同志要参与产业学院决策会议。

第二,组建理事会(管委会)。逐步实行理事会领导下的产业学院院长负责制。理事会由政、行、企、校等相关机构代表组成,制定产业学院建设发展规划,进行重大事项决策。理事会设常务理事会,负责在理事会闭会期间行

使职能。建立理事会章程,明确理事会组织机构、性质、作用、权利和义务、活动方式等内容,完善理事会议规则、联席会议制度等。^[4]建立院长负责制下的包括教学、生产、科研、服务的运行管理机构,确立并实施项目负责人为主体的下一级执行组织。

第三,推进产业学院法制化。建议逐步探索基于独立法人视域来规划产业学院建设,条件成熟时,赋予产业学院独立法人资格。

2. 明确利益主体责权利

一是明确产业学院与学校、企业的行政关系,重点解决产业学院的独立性问题。二是明确产业学院理事会的责权利,重点明晰理事会是在决策、执行、统筹、协调四个方面的责权利。三是明确政府的责权利,重点明晰地方政府、教育主管部门、政府产业园区三个相关方的责权利。四是强化行业协会的责权利,建议重点明确行业协会在产业学院建设内容指导、行业内企业协调、行业内信息和技术资源分享三个方面的责权利。五是厘清学校和合作企业的责权利,重点是针对产业学院建设任务逐一分解、认领。六是确认各利益主体责权利,完善产业学院合作协议、章程和事务清单三项文本。

3. 健全运行机制

以产业学院章程为统领,在充分考虑多方主体管理模式差异的基础上,科学设计运行机制。一是完善相关会议制度。主要包括决策会议制度、落实会议制度、通报会议制度、例会制度等,重点明确各项会议的议事范围和议事规则。二是完善岗位职责制度。根据产业学院特点设计岗位类型,并完善各岗位的职责和考核要求。三是完善人事管理制度。给予产业学院更多用人自主权,在岗位设置、人才引进、人事管理、兼职兼酬、考核评价等方面建立相对独立的管理制度。四是完善财务管理制度。重点明确资金筹措、分配使用、绩效评价、收支审计等事项内容。五是完善产权制度。建立明晰的产权格局,签订产权合作协议,有效规避产权矛盾和分歧。制定产权合作协议样本,明确产权归属、价值界定、效益分配等要素内容。六是完善绩效分配制度。本着利益共享原

则,制定绩效标准、发放办法,最大限度激发各参与主体的积极性和创造性。

4. 强化保障机制

第一,从国家层面来看,一是规范职业教育产业学院概念的内涵和外延,明确界定条件;二是加快制定推进职业院校产业学院建设的专项政策;三是将产业学院纳入国家产教融合激励范围,纳入部省共建职业教育高地和技能社会体系建设试点任务清单;四是组织认定一批国家级职业教育产业学院,同步完善考核评价、动态调整机制。

第二,从地方政府层面来看,出台本地区产业学院建设方案及相关配套政策,给予产业学院建设以明确支持和指导。具体包括:一是政府要充分发挥主导作用,将产业学院直接建在产业园区或面向产业链,引导学校将专业群建在产业链上,使人才资源与产业资源高度集成并跨界融合;^[9]二是设立产业学院发展专项资金,为产业学院提供场地租金补贴、企业培训补贴、师资培养补贴、学生实习岗位补贴等多方面支持;三是鼓励企业深度参与产业学院建设,落实《中华人民共和国职业教育法》等相关法律、文件规定,建立产教融合型企业认证制度,对认定为产教融合型企业给予“金融+财政+土地+信用”的组合式激励,并按规定落实税费减免优惠等政策;四是在人才选聘、人事管理和考核激励等方面给予产业学院政策支持,鼓励学校成为人事制度改革先行先试单位,制定产业导师特设岗位计划,明确产业兼职教师引进、认定与使用政策;五是积极推动产业学院新体制建设,创新相对固化的学校产权政策,破解难题,支持产业学院股份制和混合所有制办学体制改革试点;六是将产业学院建设成效纳入学校评价和领导班子年度考核内容。

5. 建立监督与评价机制

第一,推进实施产业学院发展质量年报制度。由第三方机构或校、企质量管理部门编制产业学院质量年报,推动产业学院自觉履行责任义务、加强价值自律、宣传发展成绩、接受社会监督、回应社会关切。

第二,建立科学的评价机制。一是明确评

价体系构建原则:系统性,要充分考量全国产业学院地域、产业、模式、规模等差异;客观性,要立足多维视角,充分考虑多方投入主体价值诉求;科学性,要运用辩证唯物主义思维和方法科学设计评价体系;发展性,要兼顾现状与成效、阶段性成果与终极成果、发展基础与发展前景等。二是建立合理的评价指标体系。在文献梳理、现行政策剖析及实证调研基础上,本研究从产业学院的组建水平、运行水平、产出水平3个维度23个指标构建产业学院建设绩效评价指标体系(见表1)。三是提升评价指标体系应用水平。首先,要加强评价工具设计。可根据各指标内涵差异,采用主客观相结合、定

表1 产业学院评价指标体系

因子	指标	权重
组建水平 a1	章程、制度 b101	0.041292
	多元投入机制 b102	0.051845
	企业深入参与 b103	0.017593
	利益共享机制 b104	0.051155
	可持续发展与保障机制 b105	0.028233
运行水平 a2	教学指导委员会组织运行 b201	0.065073
	培养方案、教学标准制定 b202	0.036082
	协同育人模式创新 b203	0.043015
	共建教师队伍 b204	0.029142
	共建实习基地 b205	0.032944
	共建教学资源 b206	0.035592
	行业企业参与教学改革 b207	0.036437
	行业企业参与教学评价 b208	0.042484
	行业企业参与思政育人 b209	0.052562
	学生就业支持 b210	0.040466
产出水平 a3	标志性教学成果 b301	0.052851
	解决企业人才、技术难题 b302	0.052651
	人才培养质量 b303	0.031571
	社会声誉及评价 b304	0.046187
	创新创业支持能力 b305	0.056717
	技术技能培训水平 b306	0.040840
	科技研发平台建设 b307	0.055865
	成果研发及转化水平 b308	0.059403

性定量相结合的数据采集方式，加强数字化平台的应用，确保数据采集准确、简便、翔实。其次，要做好平衡性调适。根据产业学院评价的主体诉求及应用场景差异，评价指标及权重可以做一定程度上的调适，如为企业开展的评价可以适度提高企业效益产出指标的权重，为政府开展的评价要更多考虑到不同地域特征、产业学院建设模式的普适性以及一般性数据采集的便捷性。最后，要强化评价结果应用。学校、企业、行业、政府需进一步健全常态化、过程性评价机制，实时洞悉产业学院建设运行情况，及时制定调整对策，推进产业学院模式创新与高质量发展。

6. 完善风险机制

在产业学院章程及合作协议中明确争议处理程序和退出机制。清晰界定并全程记录校企双方在产业学院建设运行中的投入情况，明确设备资产折旧计算方式，以及在合作中取得成果的知识产权归属；明确在产业学院运行中遇到的各种风险承担分成机制和第三方纠纷的协

同抗辩机制；明确产业学院的投入方退出机制以及产业学院的终止要件和终止程序。

参考文献：

- [1] 段明. 基于产教融合的高职产业学院治理模式、问题与路径 [J]. 教育与职业, 2021 (16): 28-35.
- [2] 欧阳育良, 林仕彬. 产业学院的组织特征和体系设计 [J]. 职教论坛, 2021 (4): 39-43.
- [3] 陈伟, 易芬云. 产业学院治理的实践逻辑反思 [J]. 江苏教育, 2021 (89): 6-15.
- [4] 刘建生, 卢跃生, 代刃. 重庆工商职业学院 政行校企合作办学理事会管理运行机制的实践 [J]. 职业技术教育, 2014 (24): 56-59.
- [5] 孙锋申, 邹翠兰, 张志锋. 产教深度融合的人工智能产业学院人才培养机制内涵及建设路径探究 [J]. 职业, 2022 (3): 55-57.

(责任编辑 吴满剑)

Research and Suggestions on the Present Situation of Industrial College in Higher Vocational Colleges

Xing Hui Cao Runping Dai Qipei

Abstracts: Industrial college is an important carrier and innovative practice model for vocational education to deepen the integration of industry and education, school-enterprise cooperation, break through the traditional path dependence, and give full play to industrial advantages and the main role of enterprise education. On the basis of full investigation, the research group deeply analyzed the background and characteristics, policies and guidance, current situation and problems of industrial college in higher vocational colleges, and pointed out the key and difficult problems in the development of industrial college. It is proposed to guide and standardize the construction and operation of industrial colleges from six aspects: standardizing the organizational structure, clarifying the responsibilities and rights of interest subjects, perfecting the operation mechanism, strengthening the guarantee mechanism, establishing the supervision and evaluation mechanism, and perfecting the risk mechanism.

Key words: Higher vocational colleges; Industrial college; Integration between industry and education; System and mechanism; Cooperation between enterprises and colleges



Article

Characterization of the *cpt1b* Gene in Response to a Tributyrin-Supplemented Diet: Cloning, Tissue-Specific Expression, and Intestinal Metabolic Function in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*)

Er-Xue Xu ^{1,†}, Yi Guo ^{2,†}, Yi-Huan Xu ^{2,3} , Teng-Fei Bao ¹, Cheng-Bin Wu ², Xiao-Wei Gao ^{2,*}
and Chun-Guang Gong ^{2,3,*}

¹ Department of Biology and Health, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou 247000, China; czyxex@sohu.com (E.-X.X.)

² Ocean College, Hebei Agricultural University, Qinhuangdao 066003, China; gy020302@163.com (Y.G.)

³ Hebei Key Laboratory of Aquaculture Nutritional Regulation and Disease Control, Qinhuangdao 066003, China

* Correspondence: hyxygaoxw@hebau.edu.cn (X.-W.G.); gongcg2005@163.com (C.-G.G.); Tel.: +86-0335-3150103 (X.-W.G.)

[†] These authors contributed equally to this work.

Abstract

Tributyrin (TB), as a novel feed additive, holds broad market prospects and is crucial for promoting fish growth and maintaining intestinal health. We first identified the fatty acid metabolism-related gene *cpt1b* in the intestines of mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) from the TB-supplemented group. A total of 600 mandarin fish (200.0 ± 5.0 g) were evenly allocated into three groups. The control group (C) received only the standard extruded feed, while the experimental groups were supplemented with tributyrin (TB) at concentrations of 500 mg/kg (T1 group) and 1000 mg/kg (T2 group), respectively. Cloning yielded a 2364 bp open reading frame (ORF) encoding 787 amino acids, with the gene possessing two conserved transmembrane domains. Phylogenetic analysis further indicated a close phylogenetic relationship between largemouth blackbass (*Micropterus salmoides*) and mandarin fish. Tissue distribution and intestinal enzyme activity analyses revealed that supplementation with varying concentrations of TB upregulates *cpt1b* gene expression in different tissues, while modulating intestinal digestive enzyme and antioxidant enzyme activities. Our findings suggest a potential mechanism involving enhanced intestinal enzyme activity, reduced fat accumulation, increased expression of lipid oxidation-related genes, and accelerated TB degradation in the intestine.

Keywords: *Siniperca chuatsi*; *cpt1b*; tributyrin; molecular cloning



Academic Editor: Sung-Kun (Sean) Kim

Received: 9 January 2026

Revised: 6 March 2026

Accepted: 10 March 2026

Published: 12 March 2026

Copyright: © 2026 by the authors.

Licensee MDPI, Basel, Switzerland.

This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the [Creative Commons Attribution \(CC BY\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/) license.

1. Introduction

Fish growth and health are closely related to intestinal enzyme activity and gut morphology [1], and the integrity of gut structure is essential for digestive and absorptive function [2]. Carnivorous fish generally exhibit higher protease and lipase activities than other trophic types, which are strongly influenced by diet composition and gastrointestinal structure. Mandarin fish (*Siniperca chuatsi*), a typical carnivorous species, naturally preys on live baitfish but can be gradually domesticated to accept formulated artificial feed [3]. Domesticating mandarin fish through artificial feeding expands their aquaculture scale

and reduces the ecological damage caused by harvesting large quantities of baitfish [4]. However, formulated feeds contain ingredients such as starch and plant proteins that are difficult for carnivorous fish to fully digest, and they differ substantially from live baitfish in nutritional composition. These differences may impair growth performance and even affect overall fish health. Studies have shown that under formulated feeding regimes, both hybrid mandarin fish (*Siniperca chuatsi* × *Siniperca scherzeri*) and mandarin fish exhibit slowed growth rates [5], reduced thickness of the gastric submucosal and muscular layers, decreased branching of intestinal villi, and diminished intestinal protease activity [4,6]. To improve this situation, butyric acid has attracted considerable attention as a vital energy source for intestinal epithelial cells, promoting intestinal development and thereby enhancing feed digestion and absorption [7,8]. Extensive in vitro and in vivo studies indicate that butyrate can improve lipid and glucose metabolism, enhance energy homeostasis, and modulate immune function in mammals [9,10]. In fish, multiple studies have indicated that butyric acid can enhance growth performance, improve intestinal health, and boost non-specific immunity [11–13]. However, butyric acid is highly volatile and possesses an irritating odor, making it difficult to incorporate into aquatic feed. Furthermore, it is readily digested and absorbed before reaching the small intestine, hindering its delivery to the hindgut where it could exert its physiological effects. These drawbacks significantly limit the adoption and application of butyric acid in aquaculture feed. To address this industry challenge, butyrate salts have been added to feed as an alternative. However, these salts are prone to deliquescence, which impedes their widespread use [14]. Tributyrin (TB), a butyric acid precursor composed of *N*-butyric acid and glycerol, has emerged as an effective solution. Upon entering the intestine, this short-chain fatty acid is hydrolyzed by pancreatic lipase into butyric acid, which is rapidly absorbed by intestinal epithelial cells. It possesses excellent palatability, delivers the same physiological effects as butyric acid, and readily reaches target sites to exert its functions, effectively bypassing the stomach to reach the intestines and enter systemic circulation [15], where it acts on organs such as the liver, muscles, and adipose tissue. TB addresses the challenges of incorporating butyric acid into feed, including its liquid state at room temperature, high volatility, and pungent odor, while also mitigating the hygroscopic nature of butyrate salts. As such, TB presents broad research prospects.

Fatty acid metabolism, particularly the beta-oxidation pathway, plays a critical role in tissue proliferation, energy production, and cell growth [16]. Following the administration of TB-supplemented feed to mandarin fish, our intestinal transcriptome analysis identified a set of differentially expressed genes (DEGs) involved in fatty acid metabolism pathways [17]. Among these DEGs, carnitine palmitoyltransferase 1B (CPT1B) was prioritized as a key target due to its well-documented role as a rate-limiting enzyme in mitochondrial fatty acid β -oxidation [18], which is closely related to our hypothesized metabolic regulatory effects of TB [17]. Fatty acid oxidation is a central catabolic pathway utilized by diverse eukaryotic cells to provide energy for mitochondria. Cellular long-chain fatty acid oxidation in mitochondria is facilitated by the regulated translocation of activated fatty acids from the cytoplasm to the mitochondrial matrix through the coordinated action of two enzymes: CPT1, located on the outer mitochondrial membrane facing the cytoplasm, and CPT2, located on the inner mitochondrial membrane facing the matrix. CPT1 catalyzes the conversion of long-chain acyl-coenzyme A (CoA) to long-chain acylcarnitines, which then traverse the inner mitochondrial membrane via carnitine/acylcarnitine translocase. Subsequently, CPT2 regenerates long-chain acyl-CoA from acylcarnitine, enabling fatty acid oxidation to yield acetyl-CoA. The regulated step in fatty acid oxidation occurs at *cpt1* [19], which can regulate fatty acid oxidation according to the energy demands of the organism, effectively maintaining a balanced state of fat metabolism, and is therefore also known

as an energy sensor. Among the various CPT1 isoforms, the most extensively characterized in mammals and teleosts are the hepatic isoform CPT1A (CPT1 α) and the muscular isoform CPT1B (CPT1 β), both of which were initially identified in rats [20,21]. Gutierrez et al. [22] successfully cloned the full-length cDNA sequence of the *cpt1* gene in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*), providing the first evidence of *cpt1* gene presence in fish tissues, though without determining the precise number of its subtypes. Subsequent investigations in rainbow trout [23] and yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) [24] revealed five distinct *cpt1* isoforms—*cpt1 α 1a*, *cpt1 α 1b*, *cpt1 β 1a*, *cpt1 β 1b*, and *cpt1 α 2*—and four isoforms—*cpt1 α 1a*, *cpt1 α 1b*, *cpt1 α 2a*, and *cpt1 β* , respectively. These findings indicate that a genome duplication event may have driven the diversification of the *cpt1* gene family in fish [23]. Subsequent extensive studies on *cpt* genes in numerous fish species revealed high homology with mammalian *cpt* genes, with relatively conserved amino acid sequences across mammals and teleosts. However, research on the functional characterization and regulatory mechanisms of the CPT family within mandarin fish remains scarce in both domestic and international fields.

To this end, the present study first cloned the coding region of the *cpt1b* gene in mandarin fish, obtained its open reading frame (ORF) sequence, and performed bioinformatics analysis. Concurrently, by integrating existing vertebrate genomic data, we investigated the sequence conservation of the *cpt1b* gene across vertebrates to elucidate the evolutionary relationship between CPT proteins in fish and other vertebrates. Building on this foundation, we further analyzed the effects of dietary TB supplementation on intestinal digestive enzyme activities and *cpt1b* gene expression levels in different experimental groups of mandarin fish. Notably, as a precursor of butyrate, TB may exert its regulatory effects through butyrate-mediated activation of signaling pathways such as AMPK, leading to upregulated *cpt1b* gene expression in tissues including the intestine and liver. This, in turn, could enhance β -oxidation of long-chain fatty acids, ultimately improving intestinal digestive function and systemic lipid metabolic homeostasis. This proposed regulatory mechanism requires experimental validation. The findings of this study will provide theoretical support for elucidating the molecular mechanism by which TB regulates intestinal function and lipid metabolism in mandarin fish through modulation of *cpt1b* gene expression.

2. Materials and Methods

2.1. Animal Ethics

This study was conducted following the Laboratory Animal Welfare Guidelines of China (GB/T 35892-2018), and the experiment was approved by the Animal Experimentation Ethics Committee of Hebei Agricultural University (Grant No. 2023036).

2.2. Fish Sampling

The experimental mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) were supplied by Anhui Xinong Ecological Aquaculture Co., Ltd. (Hekou Village, Qidu Town, Shitai County, Chizhou City, Anhui Province, China). Prior to the commencement of the study, dietary conversion of mandarin fish had been successfully accomplished. A total of three hundred healthy, disease-free mandarin fish with robust feeding capacity, each weighing approximately 200 g (average body weight of 200.0 ± 5.2 g), were selected for the experiment. The fish were evenly allocated into three groups and reared in net cages ($1.5 \text{ m} \times 1.5 \text{ m} \times 1.2 \text{ m}$), one hundred fish per group ($n = 100$), with mandarin fish extruded feed provided throughout an eight-week trial period. The control group (C) received only the standard extruded feed, while the experimental groups were supplemented with tributyrin (TB) at concentrations of 500 mg/kg (T1 group) and 1000 mg/kg (T2 group), respectively, then administered twice daily (7:00 a.m. and 5:00 p.m.). Throughout the rearing period, water quality pa-

parameters were maintained as follows: temperature at 25 ± 1 °C, pH 7.8–8.2, and dissolved oxygen ≥ 5.0 mg/L. After two months of feeding, five fish from each group were randomly selected and dissected following anesthesia with MS-222 (100 mg/L; Cat. D0063637, Shanghai Amperexperiment Technology Co., Anpel, Shanghai, China). The brain, intestine, liver, and muscle tissues were excised on ice, immediately frozen in liquid nitrogen, and subsequently stored at -80 °C for further analyses.

2.3. Total RNA Isolation and cDNA Synthesis

The total RNA was isolated using TRIzol reagent (Cat. 15596026, Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) following the method described by Zhang et al. [25]. Total RNA was extracted from each sample. The quality and concentration of total RNA were assessed using 1% agarose gel electrophoresis and a micro-volume nucleic acid and protein detector (Monad GD30102, Suzhou, China). Reverse transcription was performed using the HiScript® III 1st Strand cDNA Synthesis kit (Catalog No.: R312-01, VAZYME, Nanjing, China) to synthesize cDNA template strands.

2.4. Cloning of the *cpt1b* Gene in Mandarin Fish

Based on partial gene sequences retrieved from the mandarin fish genome database, combined with transcriptome sequencing data generated in our laboratory and the reference sequence of the mandarin fish *cpt1b* gene (NCBI Accession No.: XM_044192898.1). The amplifications were performed using 2X FidCycle Fast High Fidelity PCR Mix (containing blue dye) (Product No.: B639300, BBI, Shanghai, China), and multiple pairs of nested PCR primers were designed using Primer5 software for the cloning of the *cpt1b* gene coding region. All primers were synthesized by the Sequencing Department of Sangyo Biotech Co., Ltd. (Beijing, China), with detailed information listed in Table S1. For cloning of the *cpt1b* coding region, due to its large fragment size, we adopted a strategy of “segmented amplification followed by overlapping extension PCR (OE-PCR) assembly” to obtain the full-length coding sequence (CDS). Specifically, the complete CDS of *cpt1b* was divided into two overlapping segments (Segment 1 and Segment 2). The first round of nested PCR was performed using cDNA from mandarin fish intestine as templates, with two pairs of specific outer primers: F1/R1 for Segment 1 and F2/R2 for Segment 2. After amplification, 1.0% agarose gel electrophoresis showed multiple diffuse bands or no distinct target bands. To improve the amplification specificity and sensitivity, the first-round PCR products were diluted 100-fold as templates for the second round of nested PCR. Specifically, the inner primer pairs F3/R3 and F4/R4 were designed to target the specific region of Segment 1 (amplified by F1/R1 in the first round), and the inner primer pairs F5/R5 and F6/R6 were designed for the specific region of Segment 2 (amplified by F2/R2 in the first round). After the second-round amplification, 1.0% agarose gel electrophoresis was performed again, and four distinct bands with sizes consistent with the expected target fragments were obtained (as shown in Figure 1). Subsequently, the four target bands were separately purified using the EZNA Gel Purification Kit (Omega, Norcross, GA, USA). The purified fragments were sent for sequencing, and the obtained sequences were assembled using DNAMAN software (version: 9.0.1.116). BLAST alignment against the NCBI reference sequence (XM_044192898.1) showed that the assembled full-length CDS had a similarity of 99.96%.

The thermal cycling programs for first-round nested PCR and second-round nested PCR are detailed in Table S1.

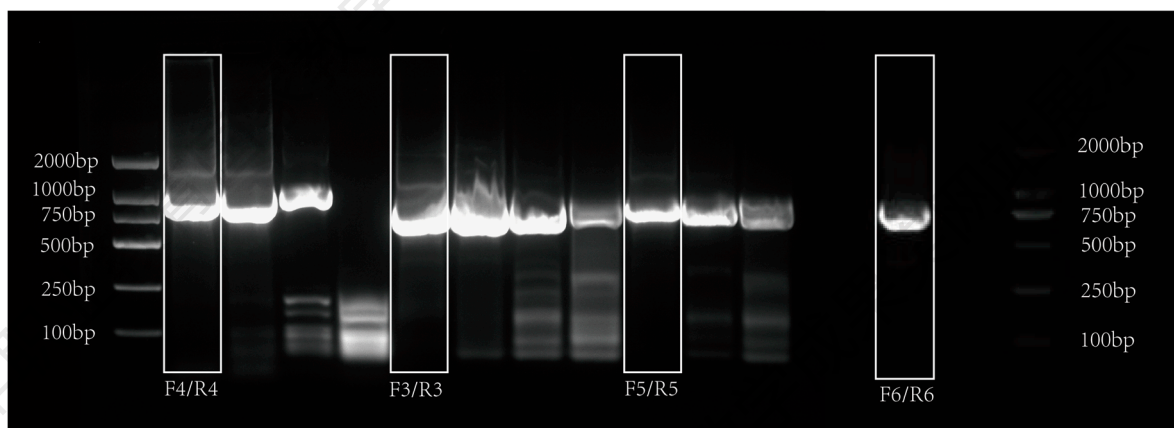


Figure 1. PCR-specific amplification results in mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) intestines.

2.5. Data Processing and Analysis of Results

The physicochemical properties and structural characteristics of CPT1B in mandarin fish were predicted using online analytical tools (Table S2). Amino acid sequences of CPT1 from other fish species were retrieved from the NCBI database, and protein similarity percentages were calculated with MEGA 11.0 software in conjunction with the BLAST function of NCBI. Multiple sequence alignments of CPT1 proteins were performed using the ClustalW algorithm within the DNAMAN package. A phylogenetic tree was then constructed in MEGA 11.0 employing the neighbor-joining (NJ) method under the JTT+G model [26], with confidence levels assessed through 1000 bootstrap replicates. Furthermore, comparative genomic analyses were conducted to examine the structural organization of *cpt1b* genes across different vertebrates. Protein sequences were subsequently submitted to the SWISS-MODEL server for three-dimensional structural prediction, and the resulting PDB files were processed with PyMOL (version: 3.1.6.1) software to generate 3D protein structure models.

2.6. Tissue Distribution Levels of *cpt1b* in Mandarin Fish

The mRNA expression level of *cpt1b* in different tissues was quantified using quantitative real-time PCR (qPCR). cDNA from each tissue was used as the template, and detection was performed using the SYBR Green I method, with β -actin as the internal reference. Specific primers were designed using the online website Primer3Plus. Gene-specific primers were synthesized by Sangon Biotechnology Co. (Beijing, China) (Table S1). There were three biological replicates per group ($n = 3$). Each 10 μ L reaction system was prepared in a 96-well plate following the protocol of the ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix (Novozymes, Nanjing, China). The amplification program was set as follows: 98 °C for 3 min, followed by 39 cycles of 95 °C for 10 s and 60 °C for 30 s for annealing and extension. Relative expression levels across tissues were calculated using the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method.

2.7. Intestinal Enzyme Activity

Homogenize the intestines in frozen physiological saline, centrifuge, and collect the supernatant for analysis of lipase (LPS), amylase (AMS), trypsin (TRY), superoxide dismutase (SOD), and catalase (CAT) activities. Three replicates were performed for each indicator. Commercially available kits (Nanjing Jiancheng Bioengineering Institute, Nanjing, China) were used for analysis, with the testing procedures strictly adhering to the manufacturer's instructions.

2.8. Statistical Analysis

Enzyme activity data were analyzed using one-way ANOVA in SPSS (version: R26.0.0.0), with Tukey's HSD Test and Duncan's Test applied to assess significant differences. qPCR data underwent two-way ANOVA followed by Duncan's multiple range test. Results are presented as mean $\pm$ standard deviation (mean $\pm$ SD). Differences were considered significant at $p < 0.05$. Graphs were generated using GraphPad Prism 10 (GraphPad Software, San Diego, CA, USA) for graphical representation.

3. Results

3.1. Molecular Cloning and Characterization of CPT1B

Analysis of the amino acid sequence of mandarin fish CPT1B revealed that the open reading frame (ORF) spans 2364 bp. Its physicochemical properties, predicted using the ExPASy ProtParam tool, indicate that mandarin fish CPT1B is a relatively stable protein with partial hydrophilicity, expected to encode 787 amino acids. The predicted molecular weight of CPT1B is 89.44 kDa, the instability index is 39.30 ($II < 40$), and its predicted theoretical isoelectric point is 8.81 ($PI > 7$), indicating that it is a stable alkaline protein. TMHMM--transmembrane prediction server analysis revealed two transmembrane domains in the amino acid sequence of the mandarin fish CPT1B protein, located in the regions 64–84 and 104–126, with no signal peptides present, with no signal peptide present. Prediction of phosphorylation sites using NetPhos 3.0 revealed thirty-eight serine phosphorylation sites, twenty-one threonine phosphorylation sites, and sixteen tyrosine phosphorylation sites (Figure 2).

NetNGlyc-1.0 prediction of *N*-glycosylation sites identified two potential sites in the mandarin fish CPT1B amino acid sequence, located at positions 312 (NTTR) and 367 (NDTS). CDD analysis revealed the presence of a single *N*-terminal structural domain in mandarin fish CPT1B, while PROSITE prediction indicated two putative lipoylcarnitine-binding regions within the amino acid sequence, spanning residues 171–186 and 449–476. Subcellular localization analysis performed with Euk-MpLoc 2.0 indicated that mandarin fish CPT1B is predominantly associated with microsomes and mitochondria. Prediction of the protein's secondary structure using SOPMA showed that mandarin fish CPT1B consists of α -helices (46.00%), extended strands (10.93%), and irregular coiled coils (43.07%). The tertiary structure of mandarin fish CPT1B, modeled by SWISS-MODEL (Figure 3).

3.2. CPT Phylogenetic Analysis

The amino acid sequence of CPT1B was subjected to homology analysis using BLAST in NCBI to identify species with the highest sequence similarity to mandarin fish CPT1B. A phylogenetic tree was subsequently constructed with MEGA 11.0 employing the neighbor-joining (NJ) method. The results revealed that the tree was divided into two principal clades: one comprising teleosts, in which CPT1 from Atlantic salmon (*Salmo salar*), lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*), grass carp, zebrafish, crucian carp (*Carassius auratus*), and common carp clustered together, forming a lineage that was evolutionarily distant from fishes of other families. The second clade included amphibians, birds, mammals, and reptiles. Moreover, it is evident that the mandarin fish CPT1B shares a close phylogenetic relationship with the largemouth blackbass (*Micropterus salmoides*) (Figure 4).



3.3. Construction and Structural Analysis of the Linkage Map of the *cpt1b* Gene in Vertebrates

Through collinearity analysis of teleosts (mandarin fish, largemouth blackbass, zebrafish (*Danio rerio*), European perch (*Perca fluviatilis*), grass carp (*Ctenopharyngodon idella*), amphibians (common frog (*Rana temporaria*), common toad (*Bufo bufo*), avians (rock pigeon (*Columba livia*), gyrfalcon (*Falco rusticolus*), mammals (human (*Homo sapiens*), Norway rat (*Rattus norvegicus*)), and reptiles (Eastern Brownsnake (*Pseudonaja textilis*), rickly gecko (*Heteronotia binoei*)), we observed that *cpt1b*, *shank3/3a*, *arsa*, *mapk8ip2*, and *chkb* consistently appeared across all vertebrate species examined. Despite variations in gene order among different clades, the “collinearity association” of these five genes remained intact, demonstrating high structural conservation. Furthermore, we found that *sephs1*, *bend7*, and *prpf18* were consistently present in teleosts but absent in other vertebrate species, indicating group-specific evolutionary divergence (Figure 5).

Through collinearity analysis of teleosts (mandarin fish, largemouth blackbass, zebrafish (*Danio rerio*), European perch (*Perca fluviatilis*), grass carp (*Ctenopharyngodon idella*), amphibians (common frog (*Rana temporaria*), common toad (*Bufo bufo*), avians (rock pigeon (*Columba livia*), gyrfalcon (*Falco rusticolus*), mammals (human (*Homo sapiens*), Norway rat (*Rattus norvegicus*)), and reptiles (Eastern Brownsnake (*Pseudonaja textilis*), rickly gecko (*Heteronotia binoei*), we observed that *cpt1b*, *shank3/3a*, *arsa*, *mapk8ip2*, and *chkb* consistently appeared across all vertebrate species examined. Despite variations in gene order among different clades, the “collinearity association” of these five genes remained intact, demonstrating high structural conservation. Furthermore, we found that *sephs1*, *bend7*, and *prpf18* were consistently present in teleosts but absent in other vertebrate species, indicating group-specific evolutionary divergence (Figure 5).

-20- <https://doi.org/10.3390/cimb48030305>

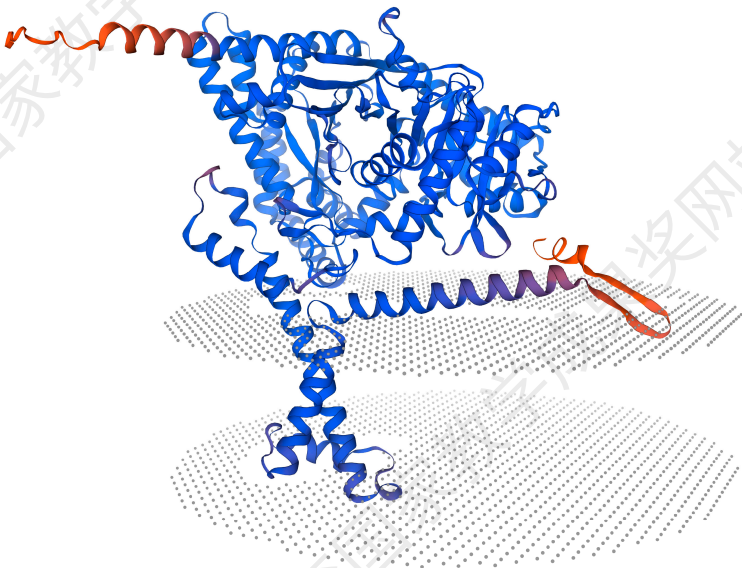


Figure 3. Tertiary structure prediction of CPT1B protein in mandarin fish. The cartoon shows CPT1B embedded in the mitochondrial outer membrane (gray dotted planes): N- and C-terminal transmembrane helices (orange/red) form the membrane anchor, while the catalytic core (blue) extends into the cytosol.

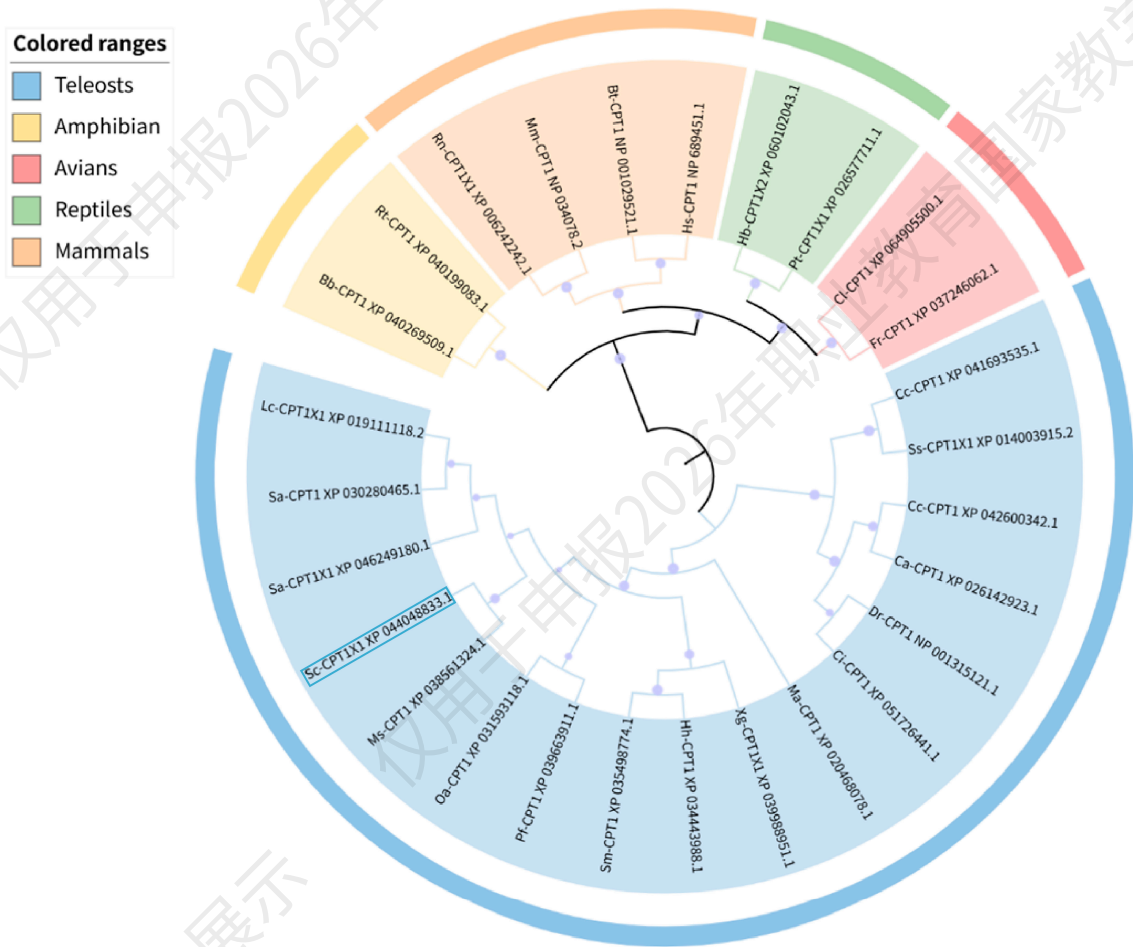


Figure 4. Phylogenetic tree based on the amino acid sequence of CPT1B in mandarin fish and in other vertebrate species. The mandarin fish is highlighted with a blue box (the species and their serial numbers are listed in Supplementary Table S3). Purple dots: represents the self-exposure value, with different magnitudes indicating the magnitude of the self-exposure value.

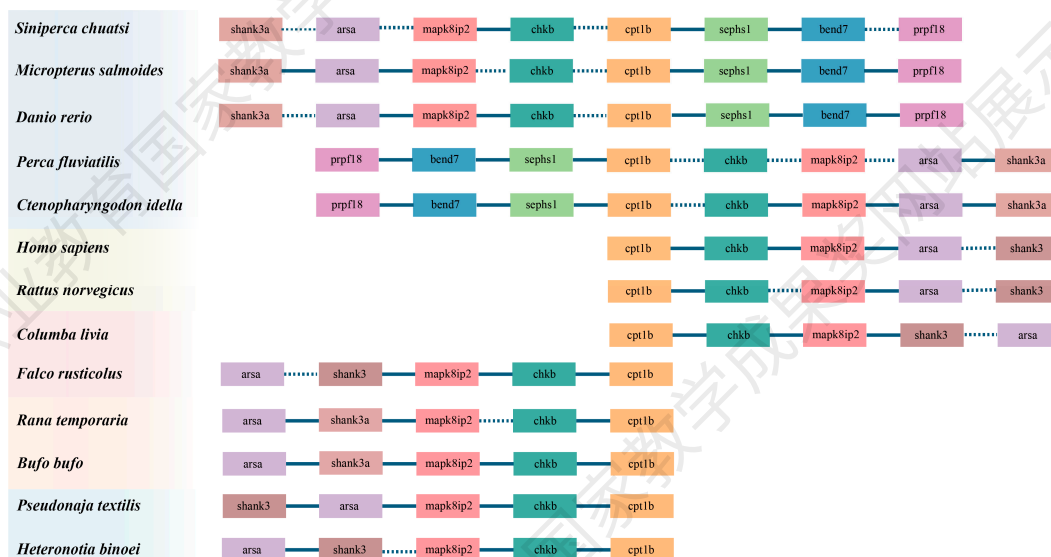


Figure 5. *cpt1* gene synteny comparisons in different vertebrate genomes. The colorful blocks indicate intergenic regions; the solid and dotted lines indicate regions without genes. The different gradient blocks on the left represent different classes.

Analysis of the *cpt1b* gene structure in vertebrates revealed that the number of coding sequences (CDS) remained consistent across the examined species, with only minor variations in length. The coding regions of this gene exhibited high conservation across species, whereas non-coding regions, such as introns, showed significant species-specific differences in length. This resulted in substantial variations in total sequence length among different species, highlighting the evolutionary plasticity of non-coding regions (Figure 6).

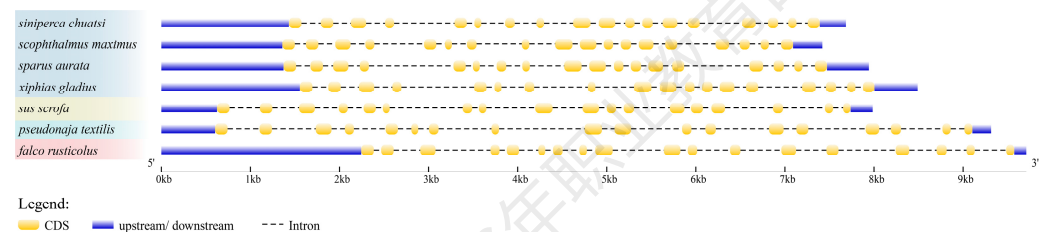


Figure 6. The exon-intron structure of *cpt1b*. The yellow box and violet lines represented CDS and upstream/downstream, respectively. CDS: coding sequences; kb: kilobase pairs. The different gradient blocks on the left represent different classes.

3.4. Comparison of CPT Protein Sequences

The results of amino acid sequence comparison between mandarin fish CPT1B and CPT proteins from other species are presented in Figure 7. The analysis revealed that CPT1B is highly conserved among vertebrates, exhibiting two homologous lipoylcarnitine-binding domains. Homology assessment demonstrated that mandarin fish CPT1B shares strong similarity with largemouth blackbass (95.30%). Moreover, CPT1 exhibits over 60% homology with mammals, amphibians, reptiles, birds, and other teleosts, underscoring the high degree of evolutionary conservation of this protein across diverse taxa.

3.5. Tissue-Specific Distribution of *cpt1b* Gene Expression in Mandarin Fish

To investigate the expression of the *cpt1b* gene in various tissues of mandarin fish, qPCR was employed to detect expression levels in the intestine, liver, and brain tissues, with results shown in Figure 8. The *cpt1b* gene was expressed in all tissues but at varying levels. The addition of TB to feed induced a response in *cpt1b* gene expression in the intes-

tine and liver, while no significant difference was observed in brain tissue. Concurrently, the results indicate that adding different concentrations of triacylglycerol significantly influenced the expression levels of the *cpt1b* gene in various tissues of the mandarin fish. Among these, only the T1 concentration showed a significant enhancing effect on liver expression. The intestine exhibited greater sensitivity to the fatty acid oxidation metabolism of TB at the T1 concentration, with a more pronounced enhancing effect compared to T2.

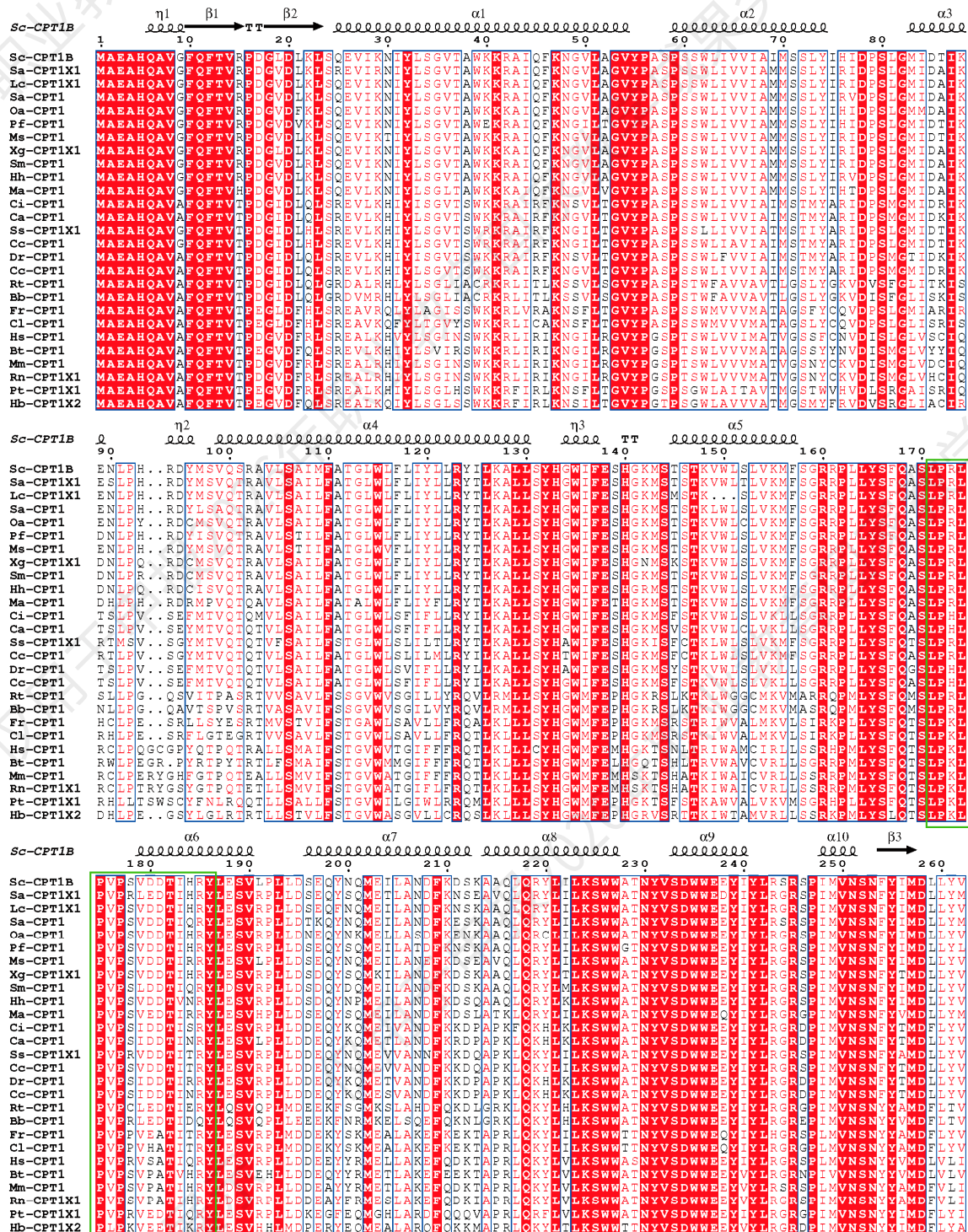


Figure 7. Cont.

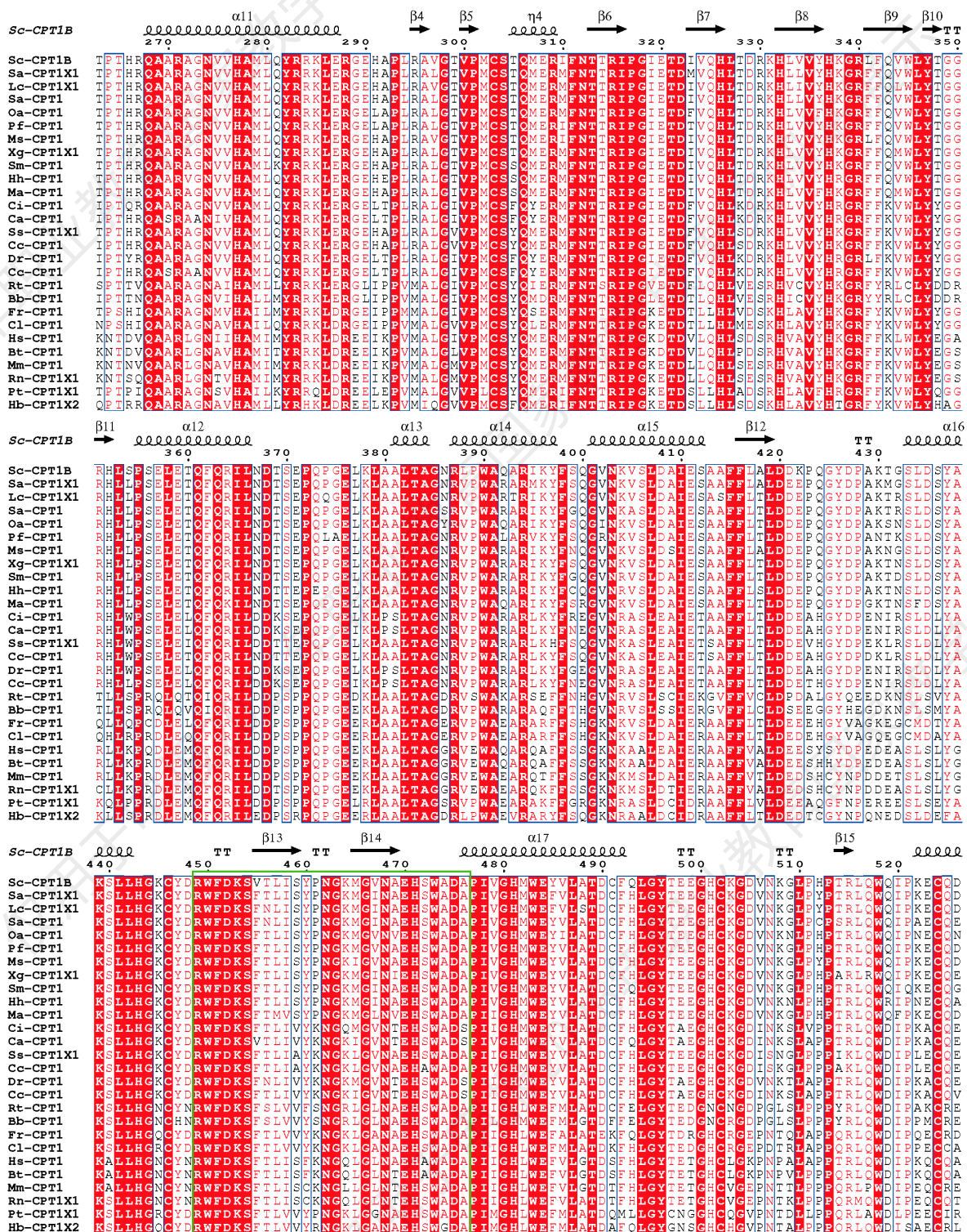


Figure 7. Cont.

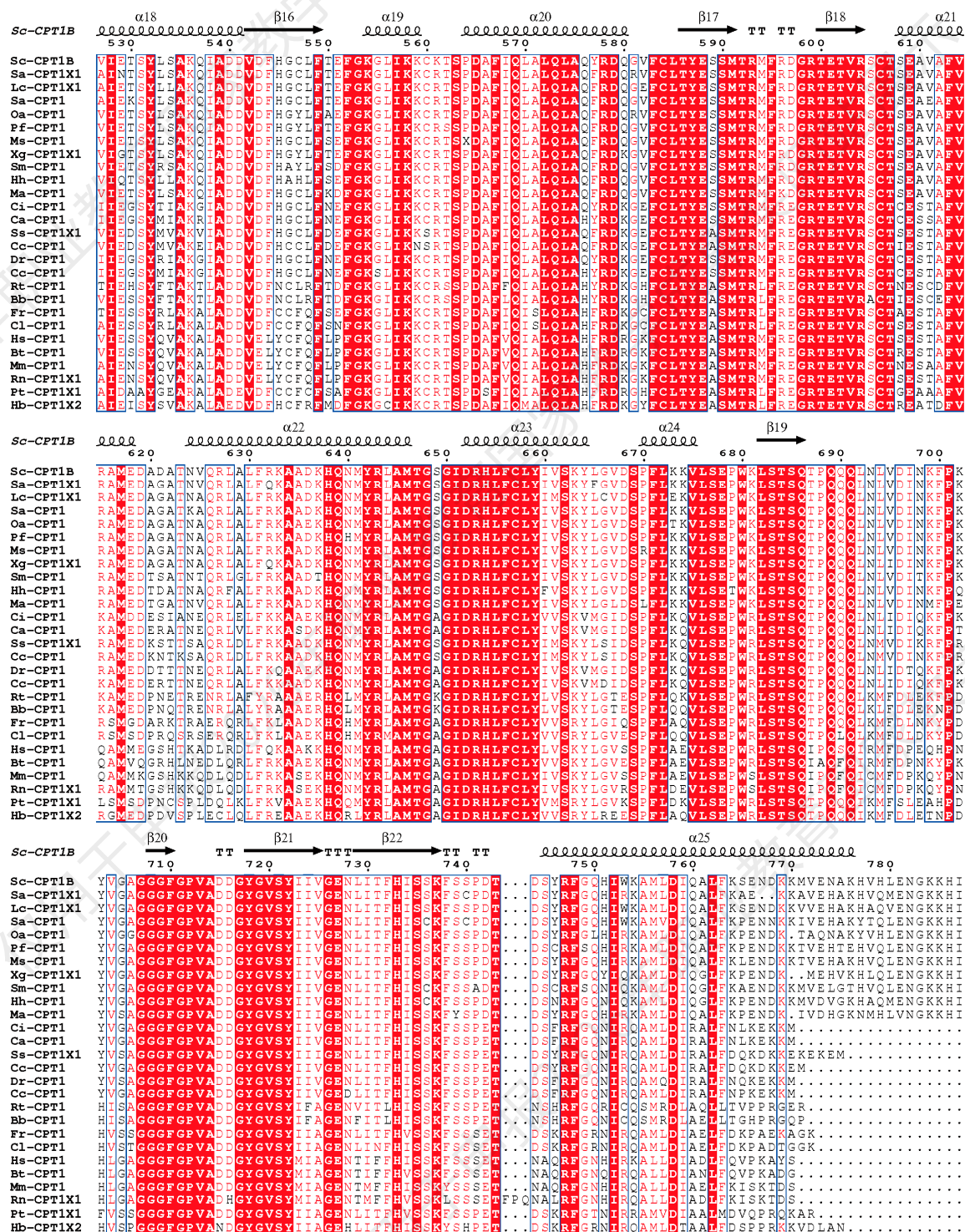


Figure 7. Alignment of CPT1B amino acid sequence of mandarin fish with that of different species. Solid green boxes indicate conserved lipoylcholine binding site (the species and their serial numbers are listed in Supplementary Table S4). White text on a red background: Strict identity; Red text on a white background: High similarity; Blue frame: Block of similarity; Black text on a white background: No similarity.

3.6. Analysis of Intestinal Enzyme Activity in Mandarin Fish

The effects of TB on the intestinal health of mandarin fish were further investigated by measuring the activities of digestive enzymes (AMS, TRY, LPS) and antioxidant enzymes (CAT, T-SOD). Results indicated that TB positively regulated digestive enzyme and

antioxidant enzyme activities in mandarin fish, with effects varying by additional concentration. The T2 concentration significantly enhanced AMS, LPS, CAT, and T-SOD activities, while the T1 concentration most notably increased TRY activity. Adding different concentrations (T1, T2) of TB significantly influenced both AMS and T-SOD in mandarin fish, with the differences in enzyme activity becoming more pronounced as the added concentration increased. Adding TB at T1 concentration significantly affected TRY activity, while T2 concentration showed no significant difference. Conversely, for LPS activity, TB at T2 concentration had a significant effect, whereas T1 concentration showed no significant difference. Both T1 and T2 concentrations affected CAT activity, but no significant difference was observed between them (Figure 9).

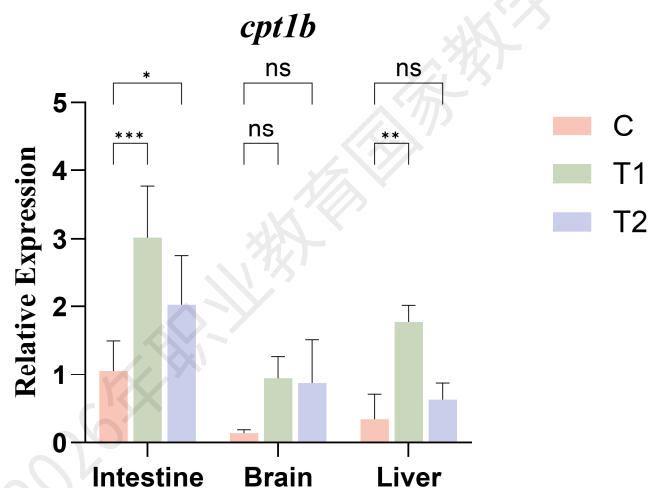


Figure 8. Tissue distribution levels of the *cpt1b* gene. Error bars represent the standard deviation (SD); $n = 3$ biological replicates ($n = 3$). *: significant difference ($p < 0.05$); **: the difference is very significant. ($p < 0.01$); ***: the difference is extremely significant. ($p < 0.001$); ns: no significant difference ($p > 0.05$).

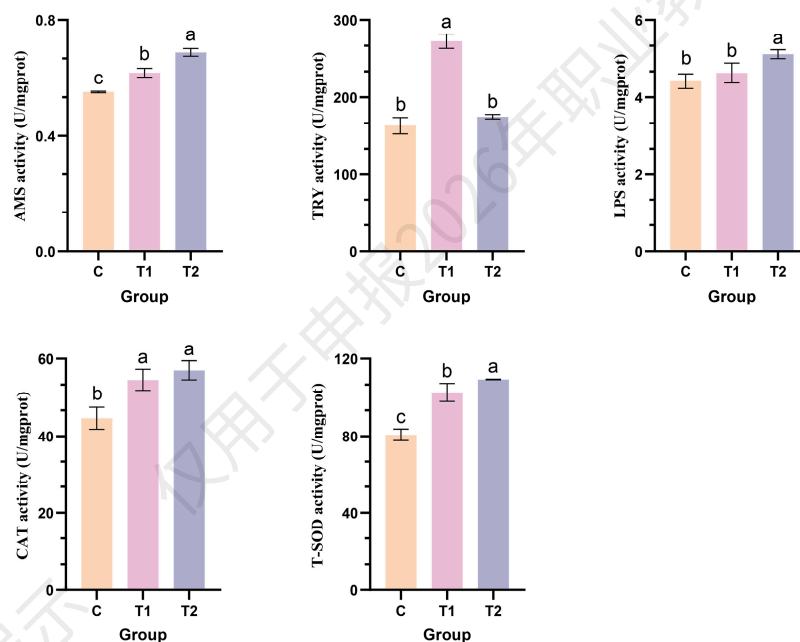


Figure 9. Effects of different concentrations of TB in feed on intestinal AMS (A), TRY (B), LPS (C), CAT (D), and T-SOD (E) levels in mandarin fish. Columns labeled with the same lowercase letter indicate no significant difference ($p > 0.05$), while different lowercase letters indicate significant differences ($p < 0.05$).

4. Discussion

CPT is a pivotal enzyme in animal fatty acid metabolism, comprising two isoforms—CPT1 and CPT2—situated on the outer and inner mitochondrial membranes, respectively. Both isoforms are integral to the process of fatty acid β -oxidation [27,28]. Two genes encode for *cpt1*, *cpt1a* and *cpt1b*, enriched in the liver and the muscle, respectively [19], among which CPT1B is the most abundant in the heart and skeletal muscle, the protein encoded by this gene is a member of the carnitine/choline acyltransferase family, acting as a rate-limiting enzyme in the β -oxidation pathway of long-chain fatty acids within muscle mitochondria, which plays a crucial role in transferring long-chain fatty acid from CoA to carnitine for oxidation in the mitochondrion. This study first isolated the ORF sequence encoding *cpt1b* from the intestine of the mandarin fish, spanning 2364 bp, confirming the presence of the mitochondrial carnitine palmitoyl transferase system. Multiple sequence alignment and homology analysis of the CPT1B amino acid sequence from mandarin fish with other teleosts (e.g., zebrafish, Atlantic salmon) revealed significant amino acid sequence homology, indicating this gene is highly conserved throughout the evolutionary history of teleost fishes. Its core biological functions (such as regulation of fatty acid β -oxidation transport) may exhibit consistency across species.

Our research has found that *cpt1b* exhibits a conserved gene structure characterized by the maintenance of exon and intron numbers, while intron lengths show significant variation. This indicates that *cpt1b* gene may have undergone distinct evolutionary trajectories across different species. Furthermore, *cpt1b* genes across different taxonomic groups exhibit chromosomal collinearity (i.e., conserved patterns of adjacent gene arrangement upstream and downstream), corroborating the stability of its exon–intron framework. It has been confirmed that even when gene order is not perfectly aligned, *chkb*, *arsa*, and *shank3a* are consistently found in the vicinity of *cpt1b* across many studied species, providing strong support for their shared origin [18]. The findings of this study are highly consistent with previously reported evolutionary patterns of the vertebrate *cpt1b* gene, indicating that this structural pattern is universal across vertebrate lineages. This further highlights the high conservation of the core functional region of the *cpt1b* gene and the evolutionary plasticity of its non-coding regions (exons).

Protein post-translational modifications are highly diverse, with glycosylation and phosphorylation serving as key regulatory mechanisms for protein function. Glycosylation enhances the recognition specificity of proteins, not only providing targeting signals for protein sorting and transport but also optimizing biological functions by stabilizing protein conformation [29]. This study identified two *N*-glycosylation sites in the mandarin fish CPT1B protein. It is hypothesized that this modification may safeguard the physiological function of CPT1B through a dual mechanism: first, by mediating its targeted transport to mitochondria, and second, by stabilizing the protein's own structure, ultimately ensuring the efficient role of CPT1B in fatty acid oxidation for energy supply. Furthermore, we found that the mandarin fish CPT1B protein contains abundant phosphorylation sites, including 38 serine sites, 21 threonine sites, and 16 tyrosine sites. These three types of sites achieve functional synergy through their distinct structural characteristics: phosphorylation of serine can allosterically modulate proteins and activate enzymatic activity. Threonine and serine are common phosphorylation sites, as the hydroxyl groups at their structural termini are highly reactive and can bind to phosphate groups, participating in various physiological and biochemical reactions. Tyrosine phosphorylation can also induce protein allostery and activate protein activity. Moreover, it facilitates protein binding, promoting interactions between the bound protein and other proteins to form complex multi-protein complexes, thereby further enhancing protein phosphorylation [30]. In summary, the abundant phosphorylation sites in the mandarin fish CPT1B protein suggest that

it may achieve multifunctional regulation through combinatorial phosphorylation at different sites (i.e., selective phosphorylation combinations at specific sites). This enables both activation of its own enzymatic activity and mediation of specific protein–protein interactions, ultimately fine-tuning the rate of fatty acid transmembrane transport. Consequently, CPT1B can flexibly respond to dynamic changes in the body's energy demands. In addition, we conducted phylogenetic analyses to elucidate the evolutionary relationships of *cpt1* across vertebrates. The results revealed that the *cpt1* gene segregates into two principal clades: one comprising teleosts and the other encompassing mammals, reptiles, amphibians, and birds. Within the teleost lineage, further subdivision into two closely related branches was observed, while scleractinians likewise formed two adjacent sub-branches, a pattern consistent with findings on the *cpt1b* gene in swamp eel (*Monopterus albus*) [31]. These results indicate that the *cpt1b* gene is highly conserved within teleosts and likely performs comparable functions across this group.

As a key rate-limiting enzyme in the fatty acid β -oxidation pathway, the core function of CPT is to mediate the entry of long-chain fatty acids into mitochondria for oxidative breakdown, thereby participating in the regulation of whole-body lipid homeostasis in fish. Most studies have confirmed that its upregulation can reduce body fat by accelerating lipolytic metabolism [32,33]. Existing research has shown that when exogenous fatty acid intake increases or the body's demand for fatty acids rises, the expression of the *cpt1* gene is significantly enhanced to meet the energy supply needs of fatty acid oxidation [34]. This study found that the addition of different concentrations of TB to the feed significantly upregulates the expression of the *cpt1b* gene in the intestine and liver of mandarin fish, with the intestine being more sensitive to TB concentration—a phenomenon closely related to the intestine being the primary site for nutrient digestion and absorption, where its morphological structure and digestive enzyme activity are easily regulated by external nutritional factors. In the present study, normalization was applied to the qPCR results, whereas in our previous work, relative expression levels were reported directly, and the primers employed differed between the two studies. Despite these methodological discrepancies, both investigations consistently observed upregulation of the target gene in the treatment groups relative to the control group, with significant differences detected in both the T1 and T2 groups, this suggests that the intestine may be a key target for TB's regulatory effects.

Digestive enzyme activity is a critical indicator reflecting intestinal development, digestive capacity, and feed utilization efficiency [35], and feed additives can influence nutrient absorption efficiency in fish by modulating the structure of digestive organs and digestive enzyme activity. Previous studies have confirmed that TB can significantly increase the activity of intestinal lipase, amylase, and trypsin in fish, while also increasing villus length and improving the thickness of the muscular layer, thereby expanding the intestinal absorptive surface area [36,37]. This aligns with the regulatory effects of TB on intestinal function in mandarin fish observed in our previous study [17]. Our findings also further confirm that TB enhances the activity of digestive enzymes and antioxidant enzymes. Notably, the activation of digestive enzymes such as intestinal lipase not only improves nutrient absorption but also directly mediates the hydrolysis of TB in the intestine to produce butyrate. As an important short-chain fatty acid derived from intestinal microbial metabolism, butyrate has been shown to activate the AMPK energy-sensing pathway by modulating the intracellular AMP/ATP ratio [38]. AMPK, a core regulator of cellular energy metabolism, exerts dual regulatory effects on lipid metabolism upon activation: on one hand, AMPK phosphorylates acetyl-CoA carboxylase (ACC) [39,40], leading to reduced ACC activity [40] and thereby inhibiting fatty acid synthesis; on the other hand,

activated AMPK promotes the transcription of the *cpt1b* gene [41,42], enhancing the efficiency of long-chain fatty acid entry into mitochondria for oxidative breakdown.

Based on the above experimental findings, this study proposes a testable molecular mechanism by which TB regulates lipid metabolism in mandarin fish. Specifically, TB is hydrolyzed by intestinal digestive enzymes to release butyrate, which activates the AMPK pathway in both the intestine and liver. This activation suppresses fatty acid synthesis while upregulating *cpt1b* expression to enhance fatty acid oxidation for energy production. Concurrently, TB improves intestinal morphology and digestive enzyme activity, thereby promoting the absorption of dietary fatty acids and providing sufficient substrates for oxidation—a synergistic effect of “increased substrate supply coupled with activated catabolic pathways”. In addition, TB may also support intestinal health by enhancing antioxidant enzyme activity and attenuating intestinal inflammatory responses, thereby establishing a stable intestinal microenvironment conducive to nutrient absorption and lipid metabolism regulation. This hypothesis provides a theoretical framework for understanding the nutritional regulatory mechanism of TB, although the specific molecular details warrant further experimental validation.

5. Conclusions

The addition of TB to feed can regulate the expression of the lipid metabolism-related gene *cpt1b* in mandarin fish, improving the activity of intestinal digestive enzymes and antioxidant enzymes and thereby maintaining intestinal health. Cloning and bioinformatics analyses of the coding region of the *cpt1b* gene indicate that this gene is highly conserved in vertebrates and possesses a relatively stable gene structure. This study provides theoretical foundations for further investigating the specific regulatory effects of TB as a feed additive on the *cpt1b* gene and its interactions with digestive functions.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/cimb48030305/s1>.

Author Contributions: Writing—Original Draft Preparation and Validation, E.-X.X. and Y.G.; Methodology and Software, Y.G. and Y.-H.X.; Supervision and Formal Analysis, E.-X.X. and T.-F.B.; Conceptualization, X.-W.G. and C.-G.G. Project Administration and Funding Acquisition, C.-B.W.; Writing—Review and Editing, E.-X.X., Y.G., Y.-H.X., T.-F.B., C.-B.W., X.-W.G. and C.-G.G. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This work was supported by the National Natural Science Foundation of China, China (Grant No. 32303030); the Anhui Higher Education Scientific Research Project (Grant No. 2022AH052864); the Science Research Project of Hebei Education Department, China (Grant No. BJK2024012); and the Natural Science Foundation of Hebei Province, China (Grant Nos. C2025204051, C2021204089, 22326320D, and 236Z6701G).

Institutional Review Board Statement: The study was approved by the Animal Experimentation Ethics Committee of Hebei Agricultural University (protocol code 2023036 and date of approval 6 March 2023).

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The original contributions presented in the study are included in the article and Supplementary Materials; further inquiries can be directed to the corresponding authors.

Conflicts of Interest: The authors declare that they have no competing interests.

References

- Mitra, G.; Mukhopadhyay, R.; Ayyappan, S. Modulation of Digestive Enzyme Activities during Ontogeny of *Labeo rohita* Larvae Fed Ascorbic Acid Enriched Zooplankton. *Comp. Biochem. Physiol. A-Mol. Integr. Physiol.* **2008**, *149*, 341–350. [CrossRef] [PubMed]
- Jesus, G.; Pereira, S.; Owatari, M.; Addam, K.; Silva, B.; Sterzelecki, F.; Sugai, J.; Cardoso, L.; Jatobá, A.; Mouriño, J.; et al. Use of Protected Forms of Sodium Butyrate Benefit the Development and Intestinal Health of *Nile tilapia* during the Sexual Reversion Period. *Aquaculture* **2019**, *504*, 326–333. [CrossRef]
- Liu, L.; Liang, X.; Fang, J. The Optimal Stocking Density for Hybrid of *Siniperca chuatsi* (♀) × *Siniperca scherzeri* (♂) Mandarin Fish Fed Minced Prey Fish. *Aquac. Res.* **2017**, *48*, 1342–1345. [CrossRef]
- Shen, Y.; Li, H.; Zhao, J.; Tang, S.; Zhao, Y.; Bi, Y.; Chen, X. The Digestive System of Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) Can Adapt to Domestication by Feeding with Artificial Diet. *Aquaculture* **2021**, *538*, 736546. [CrossRef]
- Li, Y.; Li, J.; Lu, J.; Li, Z.; Shi, S.; Liu, Z. Effects of Live and Artificial Feeds on the Growth, Digestion, Immunity and Intestinal Microflora of Mandarin Fish Hybrid (*Siniperca chuatsi* ♀ × *Siniperca scherzeri* ♂). *Aquac. Res.* **2017**, *48*, 4479–4485. [CrossRef]
- Li, Q.; Fu, B.; Huang, L.; Wang, F.; Zhou, D.; Yang, Q.; Zou, Y.; Xiao, Y.; Liao, S.; Xing, D. Effects of Silkworm Pupae Powder on Growth Performance, Muscle Fatty Acid Composition, and Intestinal Function in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*). *Aquac. Rep.* **2024**, *39*, 102435. [CrossRef]
- Blottière, H.; Buecher, B.; Galmiche, J.; Cherbut, C. Molecular Analysis of the Effect of Short-Chain Fatty Acids on Intestinal Cell Proliferation. *Proc. Nutr. Soc.* **2003**, *62*, 101–106. [CrossRef]
- Lin, Y.-H.; Cheng, M.-Y. Effects of Dietary Organic Acid Supplementation on the Growth, Nutrient Digestibility and Intestinal Histology of the Giant Grouper *Epinephelus lanceolatus* Fed a Diet with Soybean Meal. *Aquaculture* **2017**, *469*, 106–111. [CrossRef]
- De Vadder, F.; Kovatcheva-Datchary, P.; Goncalves, D.; Vinera, J.; Zitoun, C.; Duchamp, A.; Bäckhed, F.; Mithieux, G. Microbiota-Generated Metabolites Promote Metabolic Benefits via Gut-Brain Neural Circuits. *Cell* **2014**, *156*, 84–96. [CrossRef]
- Park, J.; Kim, M.; Kang, S.; Jannasch, A.; Cooper, B.; Patterson, J.; Kim, C. Short-Chain Fatty Acids Induce Both Effector and Regulatory T Cells by Suppression of Histone Deacetylases and Regulation of the mTOR-S6K Pathway. *Mucosal. Immunol.* **2015**, *8*, 80–93. [CrossRef]
- Liu, M.; Guo, W.; Wu, F.; Qu, Q.; Tan, Q.; Gong, W. Dietary Supplementation of Sodium Butyrate May Benefit Growth Performance and Intestinal Function in Juvenile Grass Carp (*Ctenopharyngodon idellus*). *Aquac. Res.* **2017**, *48*, 4102–4111. [CrossRef]
- Tian, L.; Zhou, X.; Jiang, W.; Liu, Y.; Wu, P.; Jiang, J.; Kuang, S.; Tang, L.; Tang, W.; Zhang, Y.; et al. Sodium Butyrate Improved Intestinal Immune Function Associated with NF-κB and p38MAPK Signalling Pathways in Young Grass Carp (*Ctenopharyngodon idella*). *Fish Shellfish Immunol.* **2017**, *66*, 548–563. [CrossRef]
- Wu, P.; Tian, L.; Zhou, X.; Jiang, W.; Liu, Y.; Jiang, J.; Xie, F.; Kuang, S.; Tang, L.; Tang, W.; et al. Sodium Butyrate Enhanced Physical Barrier Function Referring to Nrf2, JNK and MLCK Signaling Pathways in the Intestine of Young Grass Carp (*Ctenopharyngodon idella*). *Fish Shellfish Immunol.* **2018**, *73*, 121–132. [CrossRef]
- Smith, D.; Barri, A.; Herges, G.; Hahn, J.; Yersin, A.; Jourdan, A. In Vitro Dissolution and In Vivo Absorption of Calcium [^{14}C] Butyrate in Free or Protected Forms. *J. Agric. Food Chem.* **2012**, *60*, 3151–3157. [CrossRef]
- Hou, Y.; Wang, L.; Yi, D.; Ding, B.; Chen, X.; Wang, Q.; Zhu, H.; Liu, Y.; Yin, Y.; Gong, J.; et al. Dietary Supplementation with Tributyrin Alleviates Intestinal Injury in Piglets Challenged with Intrarectal Administration of Acetic Acid. *Br. J. Nutr.* **2014**, *111*, 1748–1758. [CrossRef]
- Cheng, X.; Ju, J.; Huang, W.; Duan, Z.; Han, Y. *cpt1b* Regulates Cardiomyocyte Proliferation Through Modulation of Glutamine Synthetase in Zebrafish. *J. Cardiovasc. Dev. Dis.* **2024**, *11*, 344. [CrossRef]
- Xu, E.-X.; Li, H.-Y.; Hou, Z.-G.; Xu, Y.-H.; Wu, J.; Bao, T.-F.; Wu, C.-B.; Gao, X.-W.; Tan, Y.-M. Transcriptome Analysis Suggests Dietary Tributyrin Enhances Feeding Intensity via Modulating Steroid Biosynthesis in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*). *Genes* **2025**, *16*, 1395. [CrossRef]
- Lopes-Marques, M.; Delgado, I.; Ruivo, R.; Torres, Y.; Sainath, S.; Rocha, E.; Cunha, I.; Santos, M.; Castro, L. The Origin and Diversity of *Cpt1* Genes in Vertebrate Species. *PLoS ONE* **2015**, *10*, e0138447. [CrossRef]
- Choi, J.; Smith, D.; Scafidi, S.; Riddle, R.; Wolfgang, M. Carnitine Palmitoyltransferase 1 Facilitates Fatty Acid Oxidation in a non-cell-Autonomous Manner. *Cell Rep.* **2024**, *43*, 115006. [CrossRef] [PubMed]
- Esser, V.; Britton, C.H.; Weis, B.C.; Foster, D.W.; McGarry, J.D. Cloning, Sequencing, and Expression of a cDNA Encoding Rat Liver Carnitine Palmitoyltransferase I. Direct Evidence that a Single Polypeptide Is Involved in Inhibitor Interaction and Catalytic Function. *J. Biol. Chem.* **1993**, *268*, 5817–5822. [CrossRef] [PubMed]
- Yamazaki, N.; Shinohara, Y.; Shima, A.; Terada, H. High Expression of a Novel Carnitine Palmitoyltransferase I Like Protein in Rat Brown Adipose Tissue and Heart: Isolation and Characterization of its cDNA clone. *FEBS Lett.* **1995**, *363*, 41–45. [CrossRef] [PubMed]
- Gutières, S.; Damon, M.; Panerat, S.; Kaushik, S.; Médale, F. Cloning and Tissue Distribution of a Carnitine Palmitoyltransferase I Gene in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Comp. Biochem. Physiol. B-Biochem. Mol. Biol.* **2003**, *135*, 139–151. [CrossRef]

23. Morash, A.; Le Moine, C.; McClelland, G. Genome Duplication Events Have Led to a Diversification in the CPT I Gene Family in fish. *Am. J. Physiol.-Regul. Integr. Comp. Physiol.* **2010**, *299*, R579–R589. [\[CrossRef\]](#)
24. Zheng, J.; Luo, Z.; Zhu, Q.; Chen, Q.; Gong, Y. Molecular Characterization, Tissue Distribution and Kinetic Analysis of Carnitine Palmitoyltransferase I in Juvenile Yellow Catfish *Pelteobagrus fulvidraco*. *Genomics* **2013**, *101*, 195–203. [\[CrossRef\]](#)
25. Zhang, L.; Luo, Z.; Song, Y.; Shi, X.; Pan, Y.; Fan, Y.; Xu, Y. Effects and Mechanisms of Waterborne Copper Exposure Influencing Ovary Development and Related Hormones Secretion in Yellow Catfish *Pelteobagrus fulvidraco*. *Aquat. Toxicol.* **2016**, *178*, 88–98. [\[CrossRef\]](#)
26. Jones, D.T.; Taylor, W.R.; Thornton, J.M. The Rapid Generation of Mutation Data Matrices from Protein Sequences. *Bioinformatics* **1992**, *8*, 275–282. [\[CrossRef\]](#)
27. Joshi, P.; Zierz, S. Muscle Carnitine Palmitoyltransferase II (CPT II) Deficiency: A Conceptual Approach. *Molecules* **2020**, *25*, 1784. [\[CrossRef\]](#)
28. Wang, M.; Wang, K.; Liao, X.; Hu, H.; Chen, L.; Meng, L.; Gao, W.; Li, Q. Carnitine Palmitoyltransferase System: A New Target for Anti-Inflammatory and Anticancer Therapy? *Front. Pharmacol.* **2021**, *12*, 760581. [\[CrossRef\]](#)
29. Schjoldager, K.; Narimatsu, Y.; Joshi, H.; Clausen, H. Global View of Human Protein Glycosylation Pathways and Functions. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* **2020**, *21*, 729–749. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
30. Song, M. cpt1 Gene cDNA Cloning of Micropterus Salmoides and Effects of Dietary Lipid Levels on Intestinal Microbe and cpt1 Expression. Master's Thesis, Southwest University, Chongqing, China, 2020. [\[CrossRef\]](#)
31. Chao, B.H.; Chen, X.; Huang, S.M. Cloning and Tissue Distribution Analysis of the Carnitine Palmitoyltransferase Gene in Swamp Eel (*Monopterus albus*). *Genom. Appl. Biol.* **2024**, *43*, 453–464. [\[CrossRef\]](#)
32. Xu, N.; Ding, T.; Liu, Y.; Zheng, W.; Liu, Q.; Yin, Z.; Xiang, X.; Xu, D.; Mai, K.; Ai, Q. Effects of Dietary Tributyrin on Growth Performance, Body Composition, Serum Biochemical Indexes and Lipid Metabolism-Related Genes Expression of Juvenile Large Yellow Croaker (*Larimichthys crocea*) Fed with High Level Soybean Oil Diets. *Aquac. Nutr.* **2021**, *27*, 395–406. [\[CrossRef\]](#)
33. Morash, A.; Bureau, D.; McClelland, G. Effects of Dietary Fatty Acid Composition on the Regulation of Carnitine Palmitoyltransferase (CPT) I in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Comp. Biochem. Physiol. B-Biochem. Mol. Biol.* **2009**, *152*, 85–93. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
34. Rakhshandehroo, M.; Hooiveld, G.; Müller, M.; Kersten, S. Comparative Analysis of Gene Regulation by the Transcription Factor PPAR α between Mouse and Human. *PLoS ONE* **2009**, *4*, e6796. [\[CrossRef\]](#)
35. Cao, X.; Wang, W. Histology and Mucin Histochemistry of The Digestive Tract of Yellow Catfish, *Pelteobagrus fulvidraco*. *Anat. Histol. Embryol.* **2009**, *38*, 254–261. [\[CrossRef\]](#)
36. Zhao, H.; Hou, D.; Li, P.; Li, M.; Chen, B.; Zhu, X.; Cao, J. The Effects of Dietary Tributyrin on Growth, Intestinal Health, Inflammatory Response and Antioxidant Status in Juvenile Yellow Catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*). *Aquac. Rep.* **2022**, *27*, 101370. [\[CrossRef\]](#)
37. Yin, B.; Liu, H.; Tan, B.; Dong, X.; Chi, S.; Yang, Q.; Zhang, S. Supplementing Tributyrin to Cottonseed Protein Concentrate-Based Diets Can Improve Growth Performance, Lipid Metabolism and Distal Intestinal Immunity in Hybrid Grouper (*Epinephelus fuscoguttatus* $\times$ *Epinephelus lanceolatus* σ). *Aquac. Nutr.* **2021**, *27*, 2378–2391. [\[CrossRef\]](#)
38. Peng, L.; Li, Z.; Green, R.; Holzman, I.; Lin, J. Butyrate Enhances the Intestinal Barrier by Facilitating Tight Junction Assembly via Activation of AMP-Activated Protein Kinase in Caco-2 Cell Monolayers. *J. Nutr.* **2009**, *139*, 1619–1625. [\[CrossRef\]](#)
39. Long, A.; Klimova, N.; Kristian, T. Mitochondrial NUDIX Hydrolases: A Metabolic Link between NAD Catabolism, GTP and Mitochondrial Dynamics. *Neurochem. Int.* **2017**, *109*, 193–201. [\[CrossRef\]](#)
40. Polakof, S.; Panserat, S.; Craig, P.; Martyres, D.; Plagnes-Juan, E.; Savari, S.; Aris-Brosou, S.; Moon, T. The Metabolic Consequences of Hepatic AMP-Kinase Phosphorylation in Rainbow Trout. *PLoS ONE* **2011**, *6*, e20228. [\[CrossRef\]](#)
41. O'Neill, H.; Lally, J.; Galic, S.; Thomas, M.; Azizi, P.; Fullerton, M.; Smith, B.; Pulinilkunnil, T.; Chen, Z.; Samaan, M.; et al. AMPK Phosphorylation of ACC2 Is Required for Skeletal Muscle Fatty Acid Oxidation and Insulin Sensitivity in Mice. *Diabetologia* **2014**, *57*, 1693–1702. [\[CrossRef\]](#)
42. He, Z.; Peng, Y.; Duan, W.; Tian, Y.; Zhang, J.; Hu, T.; Cai, Y.; Feng, Y.; Li, G. Aspirin Regulates Hepatocellular Lipid Metabolism by Activating AMPK Signaling Pathway. *J. Toxicol. Sci.* **2015**, *40*, 127–136. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

Article

Transcriptome Analysis Suggests Dietary Tributyrin Enhances Feeding Intensity via Modulating Steroid Biosynthesis in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*)

Er-Xue Xu ^{1,†}, Hao-Yu Li ^{2,†} , Zhi-Guang Hou ², Yi-Huan Xu ^{2,3}, Jun Wu ¹, Teng-Fei Bao ¹, Cheng-Bin Wu ², Xiao-Wei Gao ^{2,*} and Yan-Miao Tan ^{2,3,*}

¹ Department of Biology and Health Sciences, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou 247000, China; czyxex@sohu.com (E.-X.X.); maggie7697@126.com (J.W.)

² Ocean College, Hebei Agricultural University, Qinhuangdao 066003, China; hyl323@163.com (H.-Y.L.); hzg66888@sina.com (Z.-G.H.); xuyihuan@hebau.edu.cn (Y.-H.X.)

³ Hebei Key Laboratory of Aquaculture Nutritional Regulation and Disease Control, Qinhuangdao 066003, China

* Correspondence: hyxygaoxw@hebau.edu.cn (X.-W.G.); tanyanmiao@hebau.edu.cn (Y.-M.T.); Tel.: +86-0335-3150103 (Y.-M.T.)

[†] These authors contributed equally to this work.

Abstract

Background/Objectives: Tributyrin (TB), a stable derivative of butyric acid, has been widely used in animal feeds for its health-promoting effects. This study evaluated the efficacy of dietary TB serving as a functional feed additive in enhancing intestinal health of mandarin fish (*Siniperca chuatsi*), with a focus on elucidating the associated molecular mechanisms. **Methods:** A total of 300 juvenile mandarin fish (200.0 ± 5.2 g) were randomly assigned to one of three dietary groups: a control group (0 mg/kg TB), a low-dose TB group (TB1, 500 mg/kg), or a high-dose TB group (TB2, 1000 mg/kg). The one-month feeding trial was conducted under strictly controlled conditions, with water quality maintained within optimal range. Fish were fed their respective diets twice daily to apparent satiety. **Results:** Results showed that TB supplementation significantly increased villus height in the mid- and hindgut, with the TB2 group showing the most pronounced improvement. Furthermore, transcriptome analysis revealed that TB altered the expression of genes involved in energy metabolism, fatty acid oxidation, and steroid biosynthesis pathways. Notably, TB supplementation up-regulated key genes such as *gls2b* (energy metabolism) and *cpt1b* (fatty acid oxidation), and modulated especially modulated steroid biosynthesis through genes *sqlea* and *dhcr24h*. Co-expression network analysis further identified hub genes associated with energy metabolism (*etfb*), immune regulation (*il20ra*, *foxp1b*), and cell cycle regulation (*cdc20*, *ccnb1*). **Conclusions:** These findings elucidate the mechanism of action of TB as a functional feed additive, providing a theoretical foundation for its application in aquaculture to enhance intestinal health.

Keywords: transcriptome analysis; dietary tributyrin; feeding intensity; steroid biosynthesis; *Siniperca chuatsi*



Academic Editor: Wenteng Xu

Received: 23 October 2025

Revised: 16 November 2025

Accepted: 19 November 2025

Published: 21 November 2025

Citation: Xu, E.-X.; Li, H.-Y.; Hou, Z.-G.; Xu, Y.-H.; Wu, J.; Bao, T.-F.; Wu, C.-B.; Gao, X.-W.; Tan, Y.-M.

Transcriptome Analysis Suggests Dietary Tributyrin Enhances Feeding Intensity via Modulating Steroid Biosynthesis in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*). *Genes* **2025**, *16*, 1395. <https://doi.org/10.3390/genes16121395>

Copyright: © 2025 by the authors.

Licensee MDPI, Basel, Switzerland.

This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

Studies on animal domestication have been conducted for several years [1]. The domestication of fish with high commercial value can reduce production costs and promote the development of aquaculture. To date, several fish species, including some carnivorous fish,

have been successfully domesticated [2,3]. Given that many behavioral traits in fish have a genetic basis, they can respond to artificial selection during domestication. Furthermore, different rearing conditions can lead to growth differences [2]. A major constraint in the culture of the mandarin fish (*Siniperca chuatsi*), an economically significant species in China, is its strong feeding preference for live prey and consequent poor acceptance of formulated diets [4,5]. This feeding habit necessitates the use of live bait, which increases production costs and elevates the risk of disease transmission, thereby limiting the sustainable development of mandarin fish farming. In recent years, considerable research efforts have been directed toward inducing dietary adaptation. For instance, dietary inclusion of 2% soy lecithin has been shown to enhance the growth performance of juvenile mandarin fish [6]. Similarly, supplementation of culture water with *Bacillus cereus* (10^8 PFU/mL) improved feed intake, growth, and survival under pellet feed conditions, likely mediated by stimulating innate immunity and remodeling the gut flora [7]. Despite this progress, the unique carnivorous nature of mandarin fish means that artificial compounded feeds often suffer from inherent deficiencies of poor palatability and low nutrient absorption. Therefore, screening for useful additives is necessary to improve the utilization of artificial diets for this species.

Tributylin (TB), an organic acid ester, is a stable compound composed of three molecules of butyrate and one molecule of glycerol. Its widespread application in animal feeds stems from its efficacy in promoting health and enhancing growth metrics [8–10]. TB presented significant advantages as a feed additive due to its mild fatty odor, which improves palatability, and its high stability during processing and storage [11,12]. It is suitable for both monogastric and polygastric species. Upon ingestion, pancreatic lipase hydrolyzes TB in the intestinal lumen, liberating butyric acid and glycerol [12,13]. This targeted release allows more butyrate molecules to exert their functions in the intestine, making TB an effective vehicle for butyrate delivery. TB supplementation improves productivity and health in farm animals by enhancing nutrient absorption and protein digestibility, achieved through its positive impacts on intestinal mucosal structure, barrier integrity, and key physiological processes such as antioxidant defense, inflammatory regulation, and mitochondrial efficiency. Studies have demonstrated the efficacy of TB in promoting growth and preserving intestinal morphology in terrestrial farm animals, including piglets [14,15], small-tailed goats [16], and broilers [17]. In contrast, research on TB in aquatic species remains limited. Existing studies suggest that TB supplementation preserves intestinal health by improving villus integrity, increasing digestive enzyme activities, elevating antioxidant capacity, and suppressing inflammatory responses [18]. For example, in grass carp fed high-soybean meal diets, TB enhanced growth performance and attenuated pro-inflammatory responses by improving intestinal morphology, structural integrity, and microbial composition [19]. However, the application of TB in mandarin fish has been scarcely explored. We speculate that butyrate derived from TB may serve as a direct energy source for the intestinal epithelial cells, thereby promoting villus development, increasing the absorptive surface area, and ultimately improving intestinal health.

Transcriptome profiling is a powerful tool for the global assessment of gene expression, enabling the delineation of biological regulatory networks and their operative mechanisms. It generates comprehensive datasets that facilitate comparative analysis of transcriptional differences across various biological conditions, thereby elucidating gene networks associated with specific traits of interest [20]. In aquaculture research, transcriptomic approaches have become a pivotal method for investigating the genetic underpinnings of key physiological processes such as growth, development, and metabolic functions [21,22]. In the present study, alongside histological analysis, we employed transcriptome sequencing to perform an in-depth analysis of the intestinal tract of mandarin fish fed with TB-supplemented

diets. Our objectives were to elucidate TB-mediated regulatory network of intestinal gene expression, delineate its modulatory effects on gut health and physiological function, and establish a scientific foundation for understanding TB’s mechanism of action in fish.

2. Material and Methods

2.1. Ethical Approval

All experimental procedures were approved by the Animal Experimentation Ethics Committee of Hebei Agricultural University (Approval No. 2023036). All procedures strictly adhered to the standards outlined in the Chinese Laboratory Animal Welfare Guidelines (GB/T 35892-2018 [23]).

2.2. Experimental Procedures

A total of 300 uniform-sized juvenile mandarin fish (average body weight of 200.0 ± 5.2 g) were selected from a single cohort sourced from Chizhou, Anhui Province for a one-month feeding trial. The fish were randomly allocated to three experimental groups based on dietary TB supplementation levels: a control group (0 mg/kg TB), a low-dose TB group (500 mg/kg TB), and a high-dose TB group (1000 mg/kg TB), with 100 fish per group ($n = 100$). The fish were reared in separate tanks and fed following a satiety feeding protocol. They were fed twice daily (08:00 and 16:00) until satiety was reached. Detailed information on the formulation and nutritional composition of the mandarin fish diets is provided in Table 1. Water quality parameters were maintained within optimal ranges throughout the trial: temperature, 27 ± 2.0 °C; pH, 7.0 ± 0.5 ; ammonia nitrogen, $<0.15 \pm 0.05$ mg/L; and dissolved oxygen $>5.0 \pm 0.5$ mg/L.

Table 1. Nutritional composition of the experimental diets for mandarin fish.

Item	Content (%)
Crude protein	≥50%
Crude fat	≥9%
Crude fiber	≤5%
Coarse ash	≤12%
Lysine	≥3%
Calcium	≥1.8%
Total phosphorus	≥1.8%
Moisture	≤12%

The experimental period concluded with intestinal tissue sampling, which was performed 12 h after the final feeding. Five fish were randomly sampled from each tank ($n = 5$) for intestinal dissection. The intestines were dissected and divided into three anatomically distinct regions (foregut, midgut, and hindgut). Segments from each region were then processed for different analyses. Samples for histological analysis were fixed in Bouin’s solution at 4 °C, while samples for transcriptomic sequencing were snap-frozen in liquid nitrogen and stored at −80 °C.

2.3. Histological Analysis

For histological observation, tissue specimens were dehydrated through a graded ethanol series, cleared in xylene, and embedded in paraffin. Sections (5 μm) were prepared from the embedded blocks and stained with hematoxylin and eosin (H&E). The muscular thickness (MT) and villus height (VH) of the foregut, midgut, and hindgut were measured from the captured images using ImageJ software (version 1.52a).

2.4. RNA Extraction, cDNA Library Construction, and RNA-Seq

Total RNA was extracted from samples (five biological replicates per group) using TRIzol reagent (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) according to the manufacturer's instructions. RNA quality was assessed using an Agilent 2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA). Sequencing libraries were constructed from qualified RNA samples through mRNA enrichment with Oligo (dT) beads, fragmentation, and cDNA synthesis using an Invitrogen kit with random primers. The libraries were prepared through end-repair, poly (A)-tailing, adapter ligation, size selection (200–300 bp) via agarose gel electrophoresis, and PCR amplification. The final libraries were sequenced on an Illumina HiSeq 4000 platform.

2.5. Screening of DEGs

Gene expression levels were normalized using the FPKM metric [24]. Differentially expressed genes (DEGs) were identified from the five replicates using the DESeq2 package (version 1.20.0) [25], which employs a negative binomial generalized linear model to account for read count variability. The thresholds for DEG screening were set at $|\log_2 \text{fold change}| \geq 1$ and $p\text{-adj} < 0.05$. To functionally characterize the identified DEGs, enrichment analyses of Gene Ontology (GO) terms and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathways were performed. Significantly enriched terms were detected by comparing the DEG set against the genomic background using a hypergeometric test.

2.6. Co-Expression Network Construction and Module Identification

A weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) was performed using the WGCNA R package (version 1.47) to identify co-expressed gene modules [26]. The optimal soft-thresholding power for network [27] construction was determined to be 30, achieving a scale-free topology fit index (R^2) of 0.85. Co-expression networks were subsequently generated with parameters $\text{minModuleSize} = 30$ and $\text{mergeCutHeight} = 0.25$. Module eigengene-based correlation coefficients were calculated to identify biologically relevant modules. Intramodular connectivity (functional soft connectivity) was computed for each gene, and genes ranking in the top 1% or 5% for connectivity within their respective modules were designated as hub genes. The resulting network was visualized using Cytoscape software package (v3.3.0).

2.7. Construction and Analysis of Bayesian Networks

A gene regulatory network (GRN) was constructed using the CBNplot R package (version 1.2.1), with genes from Weighted Gene Co-Expression Network Analysis (WGCNA) modules that correlated with TB supplementation. Genes significantly associated with TB supplementation ($\text{FDR} < 0.05$), identified based on a previously reported Bayesian model [28,29], were used to build the Bayesian network.

2.8. Confirmation of RNA-Seq Data by qRT-PCR

To validate the RNA-seq data, eight selected DEGs were analyzed by quantitative real-time PCR (qRT-PCR). Total RNA was isolated from the intestines of mandarin fish in C, TB1 and TB2 groups. Gene-specific primers were designed and synthesized by Sangon Biotech (Shanghai, China; Table S1). First-strand cDNA was synthesized from total RNA using the Hiscript III Reverse Transcriptase kit (Vazyme, Nanjing, China) according to the manufacturer's protocol. qPCR reactions were performed in a 10 μL volume containing 5.0 μL of $2\times$ ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix (Vazyme), 1 μL of cDNA template, 0.5 μL of each forward and reverse primer (10 μM ; Table 1), and 3 μL of nuclease-free water. The thermal cycling conditions were as follows: initial denaturation at 95 $^\circ\text{C}$ for 30 s;

40 cycles of 95 °C for 5 s and 60 °C for 30 s; followed by a melting curve analysis of 95 °C for 15 s, 60 °C for 1 min, and 95 °C for 15 s [30]. Each sample was run in three technical replicates, and β -actin was used as the reference gene for normalization. The relative expression of target genes was calculated using the $2^{-\Delta\Delta C_t}$ method [31].

2.9. Statistical Analysis

The significance of intergroup differences for all measured parameters was determined by one-way analysis of variance (ANOVA) using SPSS (v26; IBM Corp., Armonk, NY, USA). When ANOVA indicated a significant effect, Tukey's HSD test was applied for post hoc comparisons. Differences were considered statistically significant at $p < 0.05$.

3. Results

3.1. Histological Comparison

Histological analysis revealed significant variations in intestinal villus height (VH) and muscular thickness (MT) across different gut segments and dietary treatments (Figure S1). In the foregut, no significant differences in VH were observed among the groups. However, the MT in the control group (C) was significantly greater than that in both the TB1 and TB2 groups. In the midgut, VH was significantly increased in both the TB1 and TB2 groups compared to the C group, with no significant difference between the two treatment groups. Regarding MT, no significant difference was found between the C and TB1 groups, but both exhibited greater thickness than the TB2 group. In the hindgut, VH exhibited a dose-dependent increase, with the TB2 group showing the highest value, followed by TB1, and then the C group. Conversely, MT was significantly greater in both TB1 and TB2 groups compared to the C group, with no significant difference between the two treatment groups (Figure S2).

3.2. Intestinal RNA-Seq Analysis

To investigate molecular-level alterations induced by TB supplementation, we conducted transcriptomic analysis on the intestinal tract of mandarin fish fed diets containing 0, 500, or 1000 mg/kg TB. The raw sequencing data from all 15 samples have been deposited in the NCBI database. Sequencing generated 668,511,348 raw reads, from which 658,845,572 high-quality clean reads were obtained after quality control. All key quality metrics, including Q20 (97.84–98.35%), Q30 (93.89–95.39%), and GC content (46.34–47.38%), fell within acceptable ranges, confirming the data's suitability for subsequent analyses.

Differential expression analysis identified 121 DEGs between TB1 and C, 164 between TB2 and C, and 144 between TB2 and TB1 (Figure 1A). A Venn diagram illustrated the overlap among these comparisons, showing 25 DEGs common to both TB1 vs. C and TB2 vs. C, 23 shared between TB1 vs. C and TB2 vs. TB1, and 45 overlapping between TB2 vs. C and TB2 vs. TB1 (Figure 1B).

The functional characterization of the DEGs was performed through Gene Ontology (GO) enrichment analysis across the three standard categories: biological process (BP), cellular component (CC), and molecular function (MF). The ten most significantly enriched GO terms for each comparison are displayed in Figure 2A–C. In the TB1 vs. C comparison, the most significantly enriched GO terms were primarily associated with the plasma membrane and its intrinsic and integral components. For TB2 vs. C, DEGs were mainly enriched in the extracellular region, catalytic activity acting on proteins, and transferase activity. The TB2 vs. TB1 comparison showed significant enrichment in metabolic and biosynthetic processes, including organic hydroxy compound metabolism, alcohol biosynthesis, and cellular modified amino acid metabolism.

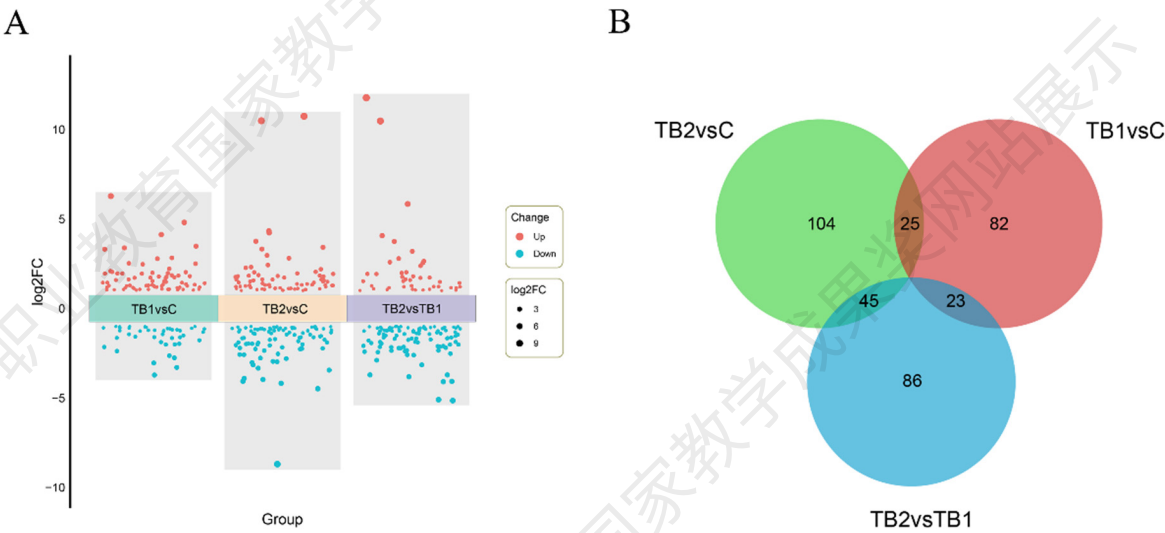


Figure 1. Transcriptomic profiling of intestinal tissue from mandarin fish after tributyrin (TB) supplementation. **(A)** Volcano plot illustrating differentially expressed genes (DEGs) between TB-treated and control groups. The x-axis denotes experimental groups, while the y-axis indicates the log2 fold change (log2FC). Each data point represents an individual gene, with significantly differentially expressed genes ($|\log_2FC| \geq 1$ & $p\text{-adj} < 0.05$) highlighted. Point size corresponds to the absolute value of log2 fold change. Significantly up-regulated DEGs are colored orange, while down-regulated DEGs are in cyan. **(B)** Venn diagram depicting the overlap of DEG sets across experimental comparisons. Numbers in overlapping and non-overlapping regions indicate the count of unique and common DEGs for each comparison, respectively.

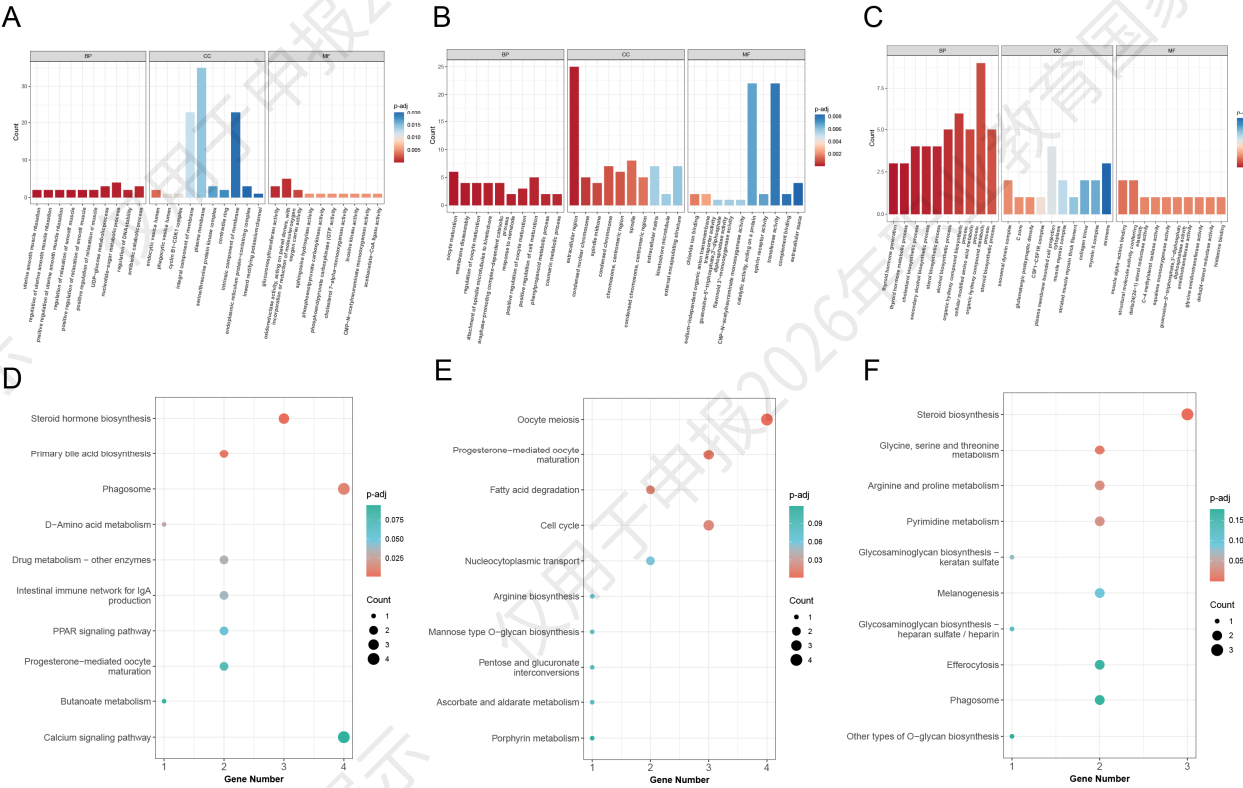


Figure 2. GO terminology and DEG enrichment in the KEGG pathway. **(A–C)** The ten most significantly enriched Gene Ontology terms for the pairwise comparisons TB1 vs. C, TB2 vs. C, and TB2 vs. TB1. **(D–F)** The top ten enriched KEGG pathways for the respective comparisons; the size of the data points corresponds to the number of DEGs assigned to each pathway.

KEGG pathway enrichment analysis was also performed, with scatter plots visualizing the ten most significantly enriched pathways for each comparison (Figure 2D–F). The most significantly enriched pathways in the TB1 vs. C comparison were Steroid hormone biosynthesis, Phagosome, and Primary bile acid biosynthesis. For TB2 vs. C, enrichment was observed in 80 pathways, notably including Oocyte meiosis, Progesterone-mediated oocyte maturation, Fatty acid degradation, and Cell cycle. The TB2 vs. TB1 comparison revealed primary enrichment in Steroid biosynthesis, Glycine, serine and threonine metabolism, Arginine and proline metabolism, and Pyrimidine metabolism pathways. These results indicate that TB supplementation substantially influences steroid and lipid biosynthesis, as well as broader metabolic processes, in the intestinal tissues of mandarin fish.

3.3. WGCNA and Bayesian Analysis

WGCNA identified two functional modules that exhibited significant correlations with TB supplementation. The expression profile of the MEturquoise module was significantly correlated with the TB1 group, while the MEmagenta module was strongly associated with the TB2 group (Figure S3). Hub gene analysis within each module revealed three primary hub genes in the MEturquoise module (*foxp1b*, *il20ra*, and *etfb*; containing 30 genes in total) and three in the MEmagenta module (*cdc20*, *ccnb1*, and *espl1*; Figure 3A,B). Subsequently, a set of thirty pivotal genes from the MEturquoise and MEmagenta modules was used to construct a Bayesian network model of differentially expressed genes (DEGs) using the CBNplot R package (<https://github.com/noriakis/CBNplot>, accessed on 20 November 2024) (Figure 3C,D). Within the MEturquoise module, the Bayesian model identified *rnf44*, *lpar2a*, *foxp1b*, and *pcmt1d1* as key regulatory genes. Similarly, *top2a*, *kif11*, *cdc20*, and *kif14* were identified as key genes within the MEmagenta module.

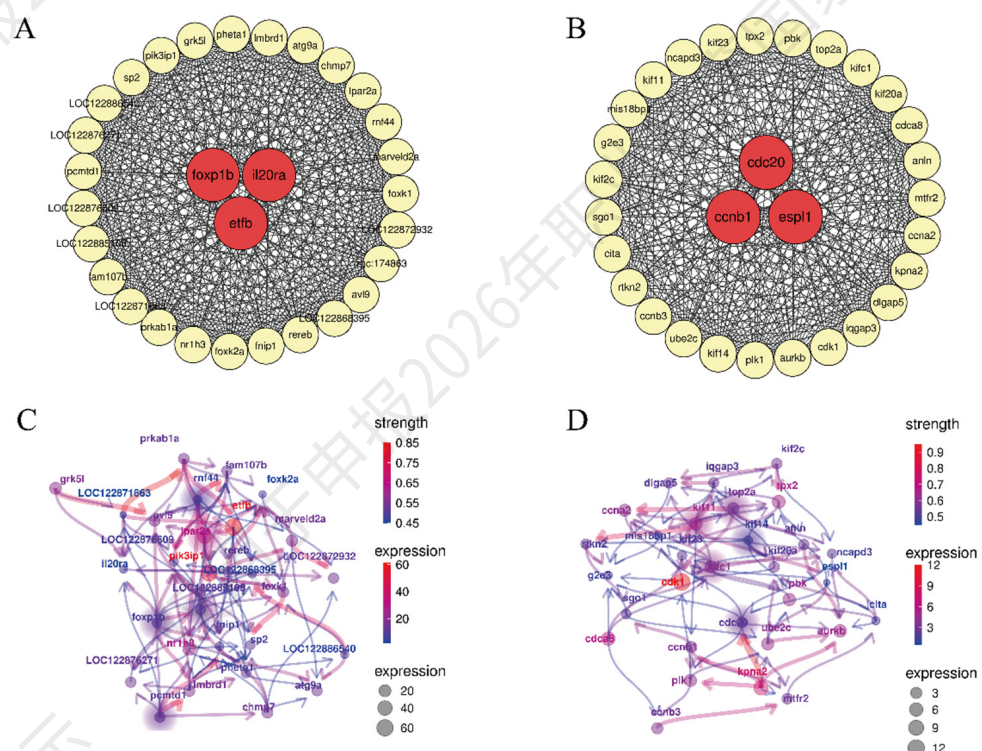


Figure 3. Co-expression network of 30 genes in MEturquoise (A) and MEmagenta (B). Representation of key genes predicted by Bayesian network analysis in the MEturquoise (C) and MEmagenta (D) modules. Key genes are marked by solid circles. The color gradient of the edges (blue to red) indicates the strength of the inferred interactions.

3.4. qRT-PCR Validation of Gene Expression

The expression levels of eight selected genes (*raver1*, *klf13*, *kpna2*, *cpt1b*, *cdc20*, *ccnb1*, *nek2*, and *csf1rb*) were validated by qRT-PCR and compared with the RNA-Seq results (FPKM values). As illustrated in Figure 4, the expression patterns (up- or down-regulation) of all eight genes determined by qRT-PCR were consistent with the trends observed in the transcriptome data. The close agreement between the two methods confirms the reliability of our transcriptomic analysis.

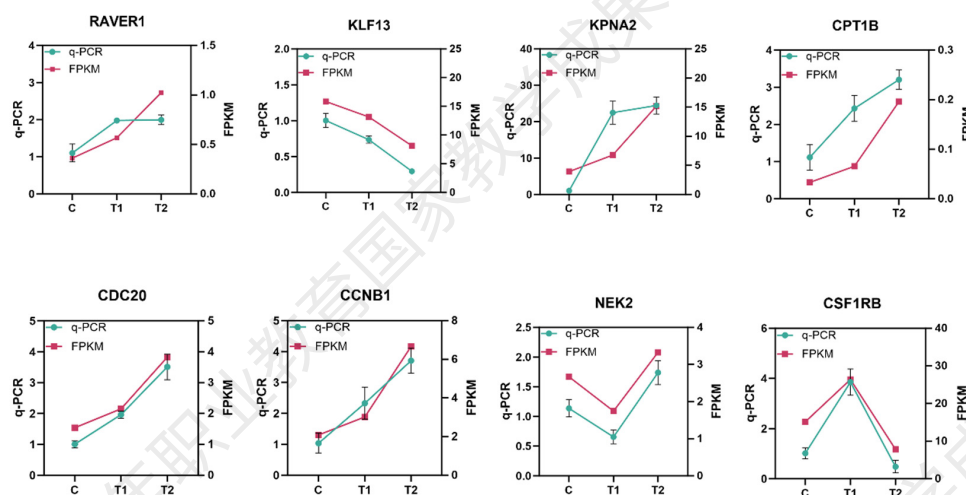


Figure 4. Confirmation of RNA-Seq results through qRT-PCR quantification of eight randomly selected DEGs.

4. Discussion

The intestinal tract is critical to fish physiology, performing essential functions in digestion and nutrient absorption. Villus height and muscular thickness are key morphological parameters indicative of its functional integrity and health status [32,33]. Segment-specific responses in these parameters are vital for mandarin fish to adapt to artificial feed. Previous research indicates that intestinal villus shortening, often associated with inflammatory conditions [34], reduces absorption efficiency by lessening digesta-epithelium contact [35], potentially explaining mandarin fish's poor artificial feed. Additionally, the shortening of midgut and hindgut villus in the control group was more pronounced than that reported in a previous study [36]. In the present study, TB modulated mandarin fish intestinal morphology under artificial feeding, increasing midgut and hindgut villus height and altering muscular thickness across segments such as lower foregut muscular thickness in TB groups. These effects align with findings in grass carp [7] and yellow catfish [37], indicating TB's cross-species role in enhancing intestinal morphology to facilitate nutrient absorption and its potential to improve artificial feed utilization in mandarin fish. Yet, TB inhibited foregut muscular thickness in mandarin fish, likely due to the foregut's role in physical digestion where TB may adjust smooth muscle contraction to align with midgut and hindgut absorption. Additionally, midgut/hindgut villus shortening in the control group was more pronounced than that in a previous study [38], possibly attributable to variations in feed composition, genetics, or aquaculture conditions.

As gene expression regulates complex physiological processes, we employed transcriptome sequencing to analyze the molecular effects of TB-supplemented artificial feed on intestine of mandarin fish, aiming to elucidate the TB's mechanism of action. Key pathways exhibited significant enrichment of DEGs, including Steroid hormone biosynthesis, Cell cycle, and Fatty acid metabolism. In the TB1 vs. C group, *gls2b* within the D-amino acid metabolism pathway was significantly upregulated. Although the function of this gene in

mandarin fish has not been directly validated, human *gls2* can catalyze the conversion of glutamine to glutamate, thereby participating in energy metabolism and oxidative stress regulation [39]. Given that intestinal epithelial cells in mandarin fish rely on glutamate for energy supply and require it to maintain redox balance [40], it is likely that the mandarin fish *gls2b* gene exhibits functional conservation. By upregulating this gene, TB may supply energy for the proliferation and repair of intestinal epithelial cells and boost the intestinal antioxidant capacity. This finding is consistent with the morphological observation of increased midgut villus height in the TB1 group, offering molecular-level evidence for TB's role in enhancing intestinal morphology. In the TB2 and C comparison, the *ccnb1*, *cdc20*, and *plk1* genes within the cell cycle pathway were significantly upregulated. *Ccnb1* facilitates the G2/M phase transition of the cell cycle [41], while *plk1* is a critical regulator of the cell cycle in vertebrates [42]. The upregulation of these genes correlates with the highest hindgut villus height observed in the TB2 group. This suggests that TB promotes intestinal cell proliferation in mandarin fish by activating cell cycle-related genes, consistent with studies in other fish showing the involvement of cell cycle genes in intestinal development regulation [43]. Meanwhile, the *cpt1b* and *gcdha* genes within the fatty acid metabolism pathway were also significantly upregulated. Although short-chain fatty acids derived from TB hydrolysis do not require *cpt1b* for transport, and *cpt1b* is predominantly expressed in muscle tissues in fish [44], its upregulation in mandarin fish intestine suggests that TB may enhance mitochondrial function to boost metabolic activity, thereby providing energy for proliferating intestinal cells. Given the limited research on the *gcdha* gene in fish, its potential auxiliary role in intestinal fatty acid metabolism can only be inferred from reports of its homologous genes participating in fatty acid β -oxidation [45]. Further experimental validation is required to determine its specific function. In the TB2 vs. TB1 comparison, *sqlia*, *msmo1*, and *dhcr24h* within the steroid synthesis pathway were significantly upregulated. Previous studies have shown that under stress conditions, such as exposure to trivalent chromium in coral trout [46] and low-temperature treatment in grass carp [47], the steroid synthesis pathway is activated to enhance lipid metabolism. The TB-induced activation of this pathway in the present study appears consistent with this core mechanism, suggesting that high-concentration TB may promote the conversion of lipids from artificial feed into cholesterol. Notably, the activation of this pathway was concentration-dependent, potentially representing a unique molecular regulatory strategy employed by mandarin fish to adapt to artificial feed. Furthermore, this finding may explain the superior gut health observed in the TB2 group—likely achieved through the synergistic action of multiple pathways, including cell proliferation, energy metabolism, and steroid synthesis, thereby comprehensively regulating intestinal function.

While previous research has established that TB supplementation enhances intestinal health in fish, the complex co-expression networks modulated by TB remain relatively unexplored. Unsurprisingly, our WGCNA of mandarin fish transcriptome data revealed that two modules, designated turquoise and magenta, showed a strong correlation with TB supplementation. Genes within both modules were enriched in energy metabolism, immune regulation, and cell cycle pathways, indicating these biological processes play pivotal roles in mediating responses to TB-containing diets. Several central hub genes were identified in both modules. In the turquoise module, for example, *il20ra* was identified as a hub gene. In mammals, IL-20RA signaling can disrupt the epithelial barrier by reducing filaggrin expression [48]. Although its function in fish requires validation, this suggests a potential conserved role in modulating mucosal integrity. *Foxp1b* is a transcription factor associated with Treg cell differentiation and suppression of excessive inflammation in mammals [49]. *Foxp1b* is likely to play a similar role in fish, promoting Treg-like cells to suppress intestinal inflammation and aid in tissue repair. Electron transport flavoprotein

subunit β (*Etfb*) is essential for mitochondrial fatty acid oxidation, which provides energy for cellular processes [50]. In the magenta module, three mitosis-related hub genes were identified. *cdc20* and *ccnb1* were significantly enriched in the cell cycle pathway. The need for rapid renewal of the fish intestine may be associated with the high expression of *cdc20* and *ccnb1*, and TB may promote rapid repair after intestinal injury by accelerating the cell cycle.

While this study provides valuable insights into the transcriptomic response to TB supplementation, several limitations should be acknowledged. The observed gene expression patterns, although significant, represent associations rather than definitive causal relationships. Additionally, the potential role of gut microbiota as a confounding factor cannot be overlooked, as TB-derived butyrate might mediate its effects through microbiome interactions. Furthermore, the restriction of our analysis to intestinal tissue limits the generalizability of these findings to other metabolic organs. These considerations highlight the importance of future research incorporating mechanistic approaches, microbiome assessment, and multi-tissue analyses to fully understand TB's physiological effects.

5. Conclusions

RNA sequencing demonstrated that dietary TB supplementation upregulates genes involved in energy metabolism (*gls2b*) and fatty acid oxidation (*cpt1b*), thereby enhancing intestinal function through increased energy production and reduced oxidative stress. Furthermore, TB modulated steroid biosynthesis genes (*splea*, *msmo1*, *dhcr24h*) in a dose-dependent manner, a process that promotes the conversion of lipids to cholesterol. Co-expression network analysis identified hub genes involved in energy metabolism (*etfb*), immune regulation (*il20ra*, *foxp1b*), and cell cycle control (*cdc20*, *ccnb1*, *plk1*), highlighting the multi-pathway role of TB in maintaining intestinal homeostasis. Morphological assessment confirmed a significant increase in intestinal villus height, with the TB1 group displaying improved midgut villus architecture and the TB2 group achieving the highest villus height in the hindgut. Collectively, these findings elucidate the mechanistic actions of TB as a functional feed additive and indicate its potential applications in aquaculture to enhance growth efficiency and feed conversion rates in fish.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/genes16121395/s1>, Table S1. Specific primers for eight verified genes used for qRT-PCR; Figure S1. Effects of different concentrations of TB on the morphology of foregut (A,D,G), midgut (B,E,H) and hindgut (C,F,I) in groups C, TB1 and TB2. Images were captured by light microscopy after H&E staining (magnification $\times 4$). MT, Intestinal muscular thickness; VH, Intestinal villus height; scale bar = 200 μm ; Figure S2. Intestinal muscle thickness (MT), and intestinal villus height (VL) were studied for all intestinal sections. (A–C) Height of intestinal villi in the foregut, midgut, and hindgut. (D–F) Intestinal muscle thickness of anterior, middle, and posterior. All data are shown as the mean $\pm$ standard deviation. Significant differences ($p < 0.05$) between groups, as determined by one-way ANOVA, are indicated by different superscript letters; Figure S3. Relationships between modules and TB treatment. The color scale on the right shows module-trait correlation coefficients from -1 (blue) to 1 (red), indicating low to high correlations. All raw data generated in this study have been deposited in the NCBI SRA database (PRJNA1348964).

Author Contributions: Writing—Original Draft Preparation and Validation, E.-X.X. and H.-Y.L.; Methodology, Z.-G.H.; Software, Y.-H.X.; Supervision, J.W.; Formal Analysis, T.-F.B.; Conceptualization, X.-W.G. and Y.-M.T. Project Administration and Funding Acquisition, C.-B.W.; Writing—Review and Editing, Z.-G.H., Y.-H.X., J.W., T.-F.B., C.-B.W., X.-W.G. and Y.-M.T. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This work was supported by the National Natural Science Foundation of China, China (Grant No. 32303030); Anhui Higher Education Scientific Research Project (Grant No. 2022AH052864); Science Research Project of Hebei Education Department, China (Grant No. BJK2024012); the Natural Science Foundation of Hebei Province, China (Grant Nos. C2025204051 & C2021204089 & 22326320D & 236Z6701G).

Institutional Review Board Statement: The study was approved by the Animal Experimentation Ethics Committee of Hebei Agricultural University (Approval Code: No. 2023036; Approval Date: 6 March 2023).

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The original contributions presented in the study are included in the article/Supplementary Materials; further inquiries can be directed to the corresponding author.

Acknowledgments: The authors would like to express their gratitude to Anhui Xinong Ecological Aquaculture Co., Ltd. for providing artificial feed, fry and breeding assistance. The authors are also grateful to the laboratory instrument management teacher for their assistance in using the instrument.

Conflicts of Interest: The authors declare that they have no competing interests.

References

1. Jensen, P. Behavior Genetics and the Domestication of Animals. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* **2014**, *2*, 85–104. [\[CrossRef\]](#)
2. Li, Y.; Li, J.Z.; Lu, J.T.; Li, Z.; Shi, S.C.; Liu, Z.J. Effects of Live and Artificial Feeds on the Growth, Digestion, Immunity and Intestinal Microflora of Mandarin Fish Hybrid (*Siniperca chuatsi*♀ × *Siniperca scherzeri*♂). *Aquac. Res.* **2017**, *48*, 4479–4485. [\[CrossRef\]](#)
3. Lorenzen, K.; Beveridge, M.C.M.; Mangel, M. Cultured Fish: Integrative Biology and Management of Domestication and Interactions with Wild Fish. *Biol. Rev.* **2012**, *87*, 639–660. [\[CrossRef\]](#)
4. Chen, K.; Zhang, Z.; Li, J.; Xie, S.; Shi, L.-J.; He, Y.-H.; Liang, X.-F.; Zhu, Q.-S.; He, S. Different Regulation of Branched-Chain Amino Acid on Food Intake by TOR Signaling in Chinese Perch (*Siniperca chuatsi*). *Aquaculture* **2021**, *530*, 735792. [\[CrossRef\]](#)
5. Li, L.; Fang, J.; Liang, X.; Alam, M.S.; Liu, L.; Yuan, X. Effect of Feeding Stimulants on Growth Performance, Feed Intake and Appetite Regulation of Mandarin Fish, *Siniperca chuatsi*. *Aquac. Res.* **2019**, *50*, 3684–3691. [\[CrossRef\]](#)
6. Wu, D.L.; Peng, D.; Liang, X.F.; Xie, R.P.; Zeng, M.; Chen, J.L.; Lan, J.; Yang, R.; Hu, J.C.; Lu, P.S. Dietary Soybean Lecithin Promoted Growth Performance and Feeding in Juvenile Chinese Perch (*Siniperca chuatsi*) Could Be by Optimizing Glucolipid Metabolism. *Fish Physiol. Biochem.* **2023**, *49*, 1097–1114. [\[CrossRef\]](#)
7. Chen, X.L.; Yi, H.D.; Liu, S.; Zhang, Y.; Su, Y.Q.; Liu, X.G.; Bi, S.; Lai, H.; Zeng, Z.Y.; Li, G.F. Promotion of Pellet-Feed Feeding in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) by *Bdellovibrio bacteriovorus* Is Influenced by Immune and Intestinal Flora. *Aquaculture* **2021**, *542*, 736864. [\[CrossRef\]](#)
8. Ma, J.; Piao, X.; Shang, Q.; Long, S.; Liu, S.; Mahfuz, S. Mixed Organic Acids as an Alternative to Antibiotics Improve Serum Biochemical Parameters and Intestinal Health of Weaned Piglets. *Anim. Nutr.* **2021**, *7*, 737–749. [\[CrossRef\]](#)
9. Pham, V.H.; Kan, L.; Huang, J.; Geng, Y.; Zhen, W.; Guo, Y.; Abbas, W.; Wang, Z. Dietary Encapsulated Essential Oils and Organic Acids Mixture Improves Gut Health in Broiler Chickens Challenged with Necrotic Enteritis. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* **2020**, *11*, 18. [\[CrossRef\]](#)
10. Zhao, H.; Peng, K.; Wang, G.; Mo, W.; Huang, Y.; Cao, J. Metabolic Changes, Antioxidant Status, Immune Response and Resistance to Ammonia Stress in Juvenile Yellow Catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) Fed Diet Supplemented with Sodium Butyrate. *Aquaculture* **2021**, *536*, 736441. [\[CrossRef\]](#)
11. Lum, J.; Sygall, R.; Ros Felip, J.M. Comparison of Tributyrin and Coated Sodium Butyrate as Sources of Butyric Acid for Improvement of Growth Performance in Ross 308 Broilers. *Int. J. Poult. Sci.* **2018**, *17*, 290–294. [\[CrossRef\]](#)
12. Liang, H.L.; Ji, K.; Ge, X.P.; Xi, B.W.; Ren, M.C.; Chen, X.R. Tributyrin Plays an Important Role in Regulating the Growth and Health Status of Juvenile Blunt Snout Bream (*Megalobrama amblycephala*), as Evidenced by Pathological Examination. *Front. Immunol.* **2021**, *12*, 652294. [\[CrossRef\]](#)
13. Sakdee, J.; Poeikhamph, T.; Rakangthon, C.; Pongpong, K.; Bunchasak, C. Effect of Tributyrin Supplementation in Diet on Production Performance and Gastrointestinal Tract of Healthy Nursery Pigs. *Pak. J. Nutr.* **2016**, *15*, 954–962. [\[CrossRef\]](#)
14. Dong, L.; Zhong, X.; He, J.T.; Zhang, L.L.; Bai, K.W.; Xu, W.; Wang, T.; Huang, X.X. Supplementation of Tributyrin Improves the Growth and Intestinal Digestive and Barrier Functions in Intrauterine Growth-Restricted Piglets. *Clin. Nutr.* **2016**, *35*, 399–407. [\[CrossRef\]](#)

15. Hou, Y.Q.; Liu, Y.L.; Hu, J.; Shen, W.H. Effects of Lactitol and Tributyrin on Growth Performance, Small Intestinal Morphology and Enzyme Activity in Weaned Pigs. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* **2006**, *19*, 1470–1477. [\[CrossRef\]](#)
16. Ren, Q.C.; Xuan, J.J.; Wang, L.K.; Zhan, Q.W.; Yin, D.Z.; Hu, Z.Z.; Yang, H.J.; Zhang, W.; Jiang, L.S. Effects of Tributyrin Supplementation on Ruminal Microbial Protein Yield, Fermentation Characteristics and Nutrients Degradability in Adult Small Tail Ewes. *Anim. Sci. J.* **2018**, *89*, 1271–1279. [\[CrossRef\]](#)
17. Li, Y.; Shi, J.; Shi, S.; Liu, Z.; Li, Z.; Li, J. Effect of Live, Frozen and Artificial Feeds on Digestive Enzymes, Aminotransferase, Histology of Liver and Intestine in Mandarin Fish Hybrid (*Siniperca chuatsi*♀ × *Siniperca scherzeri*♂). *Isr. J. Aquac.-Bamidgeh* **2015**, *67*, 41–IJA_67.2015.
18. Xie, D.Z.; Dai, Q.Y.; Xu, C.; Li, Y.Y. Dietary Tributyrin Modifies Intestinal Function by Altering Morphology, Gene Expression and Microbiota Profile in Common Carp (*Cyprinus carpio*) Fed All-Plant Diets. *Aquac. Nutr.* **2021**, *27*, 439–453. [\[CrossRef\]](#)
19. Tan, P.; Wu, X.; Zhu, W.L.; Lou, B.; Chen, R.Y.; Wang, L.G. Effect of Tributyrin Supplementation in High-Soya Bean Meal Diet on Growth Performance, Body Composition, Intestine Morphology and Microbiota of Juvenile Yellow Drum (*Nibea albiflora*). *Aquac. Res.* **2020**, *51*, 2004–2019. [\[CrossRef\]](#)
20. Kondo, H.; Hirono, I.; Aoki, T. Application of High-Throughput Transcriptome Analyses in Aquaculture. *Nippon Suisan Gakkaishi* **2012**, *78*, 267. [\[CrossRef\]](#)
21. Ortí, G.; Lovejoy, N.R.; Shi, Q. Special Issue on Fish Transcriptomics. *Genomics* **2019**, *111*, 213–214. [\[CrossRef\]](#)
22. Guan, W.Z.; Qiu, G.F.; Feng, L. Transcriptome Analysis of the Growth Performance of Hybrid Mandarin Fish after Food Conversion. *PLoS ONE* **2020**, *15*, e0240308. [\[CrossRef\]](#)
23. GB/T 35892-2018; Laboratory Animal—Guideline for Ethical Review of Animal Welfare. General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China. Standardization Administration of the People's Republic of China: Beijing, China, 2017.
24. Wu, S.J.; Huang, J.Q.; Li, Y.J.; Zhao, L.; Liu, Z.; Kang, Y.J.; Wang, J.F. Integrative mRNA-miRNA Interaction Analysis Reveals the Molecular Mechanism of Skin Color Variation Between Wild-Type and Yellow Mutant Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Comp. Biochem. Physiol. Part D-Genom. Proteom.* **2021**, *40*, 100914. [\[CrossRef\]](#)
25. Love, M.I.; Huber, W.; Anders, S. Moderated Estimation of Fold Change and Dispersion for RNA-Seq Data with DESeq2. *Genome Biol.* **2014**, *15*, 550. [\[CrossRef\]](#)
26. Langfelder, P.; Horvath, S. WGCNA: An R Package for Weighted Correlation Network Analysis. *BMC Bioinform.* **2008**, *9*, 559. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
27. Wang, N.; Wang, R.K.; Wang, R.Q.; Chen, S.L. Transcriptomics Analysis Revealing Candidate Networks and Genes for the Body Size Sexual Dimorphism of Chinese Tongue Sole (*Cynoglossus semilaevis*). *Funct. Integr. Genom.* **2018**, *18*, 327–339. [\[CrossRef\]](#)
28. Li, H.X.; Qiang, J.; Song, C.Y.; Xu, P. Transcriptome Profiling Reveal *Acanthopanax senticosus* Improves Growth Performance, Immunity and Antioxidant Capacity by Regulating Lipid Metabolism in GIFT (*Oreochromis niloticus*). *Comp. Biochem. Physiol. Part D-Genom. Proteom.* **2021**, *37*, 100784. [\[CrossRef\]](#)
29. Kim, D.; Landmead, B.; Salzberg, S.L. HISAT: A Fast Spliced Aligner with Low Memory Requirements. *Nat. Methods* **2015**, *12*, 357–360. [\[CrossRef\]](#)
30. Lu, J.F.; Luo, S.; Tang, H.; Liang, J.H.; Zhao, Y.F.; Hu, Y.; Yang, G.J.; Chen, J. *Micropterus salmoides* Rhabdovirus Enters Cells via Clathrin-Mediated Endocytosis Pathway in a pH-, Dynamin-, Microtubule-, Rab5-, and Rab7-Dependent Manner. *J. Virol.* **2023**, *97*, e00714-23. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
31. Livak, K.J.; Schmittgen, T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ Method. *Methods* **2001**, *25*, 402–408. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
32. Liu, H.Y.; Pan, L.; Shen, J.F.; Tan, B.P.; Dong, X.H.; Yang, Q.H.; Chi, S.Y.; Zhang, S. Effects of Carbohydrase Supplementation on Growth Performance, Intestinal Digestive Enzymes and Flora, Glucose Metabolism Enzymes, and Glut2 Gene Expression of Hybrid Grouper (*Epinephelus fuscoguttatus*♀ × *E. lanceolatus*♂) Fed Different CHO/L Ratio Diets. *Metabolites* **2023**, *13*, 98. [\[CrossRef\]](#)
33. Suzuki, T.; Mayanagi, Y.; Keta, A.; Kasahara, A.; Sato, A.; Takahashi, T. Oral Administration of Fructose Improves Jejunal Villous Morphology and Nutrient Digestion and Absorption Capabilities in a Rat Model of Total Parenteral Nutrition. *Biomed. Res. Clin. Pract.* **2019**, *4*, 1–8. [\[CrossRef\]](#)
34. Rysman, K.; Eeckhaut, V.; Ducatelle, R.; Goossens, E.; Van Immerseel, F. Broiler Performance Correlates with Gut Morphology and Intestinal Inflammation Under Field Conditions. *Avian Pathol.* **2023**, *52*, 232–241. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
35. Cao, K.L.; Wang, Y.Y.; Li, M.L.; Zhang, C.Y.; Lahaye, L.; Chowdhury, M.A.K.; Li, X.Q.; Leng, X.J. Supplementation of a Multienzyme Complex, an Organic Acid-Essential Oil Complex, and Prebiotic Alone or in Combination Affects Growth, Nutrient Utilization, and Immune Function of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquac. Nutr.* **2022**, *2022*, 068537. [\[CrossRef\]](#)
36. Buttle, L.G.; Burrells, A.C.; Good, J.E.; Williams, P.D.; Southgate, P.J.; Burrells, C. The Binding of Soybean Agglutinin (SBA) to the Intestinal Epithelium of Atlantic Salmon, *Salmo salar* and Rainbow Trout, *Oncorhynchus mykiss*, Fed High Levels of Soybean Meal. *Vet. Immunol. Immunopathol.* **2001**, *80*, 237–244. [\[CrossRef\]](#)

37. Zhao, H.X.; Hou, D.Q.; Li, P.J.; Li, M.; Chen, B.; Zhu, X.F.; Cao, J.M. The Effects of Dietary Tributyrin on Growth, Intestinal Health, Inflammatory Response and Antioxidant Status in Juvenile Yellow Catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*). *Aquac. Rep.* **2022**, *27*, 101370. [\[CrossRef\]](#)
38. Luo, J.X.; Gao, X.T.; Rong, Z.; Zhang, L.H.; Sun, Y.F.; Qi, Z.L.; Yu, Q.; Waiho, K.; Zhao, W.X.; Xu, Y.H.; et al. Transcriptome Sequencing Reveals Effects of Artificial Feed Domestication on Intestinal Performance and Gene Expression of Carnivorous Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) and Related Mechanisms. *Mar. Biotechnol.* **2025**, *27*, 41. [\[CrossRef\]](#)
39. Ferreira, I.M.; Quesñay, J.E.N.; Bastos, A.C.S.; Rodrigues, C.T.; Vollmar, M.; Krojer, T.; Strain-Damerell, C.; Burgess-Brown, N.A.; von Delft, F.; Yue, W.W.; et al. Structure and Activation Mechanism of the Human Liver-Type Glutaminase GLS2. *Biochimie* **2021**, *185*, 96–104. [\[CrossRef\]](#)
40. Blachier, F.; Boutry, C.; Bos, C.; Tomé, D. Metabolism and Functions of L-Glutamate in the Epithelial Cells of the Small and Large Intestines. *Am. J. Clin. Nutr.* **2009**, *90*, 814S–821S. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
41. Wang, Z.Q.; Fan, M.; Candas, D.; Zhang, T.Q.; Qin, L.L.; Eldridge, A.; Wachsmann-Hogiu, S.; Ahmed, K.M.; Chromy, B.A.; Nantajit, D.; et al. Cyclin B1/Cdk1 Coordinates Mitochondrial Respiration for Cell-Cycle G2/M Progression. *Dev. Cell* **2014**, *29*, 217–232. [\[CrossRef\]](#)
42. Zheng, J.L.; Luo, Z.; Zhu, Q.L.; Tan, X.Y.; Chen, Q.L.; Sun, L.D.; Hu, W. Molecular Cloning and Expression Pattern of 11 Genes Involved in Lipid Metabolism in Yellow Catfish *Pelteobagrus Fulvidraco*. *Gene* **2013**, *531*, 53–63. [\[CrossRef\]](#)
43. Zhou, Z.Y.; Chen, H.M.; Li, Y.Y.; Liu, Q.; Lu, K.Y.; Zhu, X.S.; Wang, Y. Transcriptome and Biochemical Analyses of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) RTG-2 Gonadal Cells in Response to BDE-47 Stress Indicates Effects on Cell Proliferation. *Aquat. Toxicol.* **2022**, *245*, 106108. [\[CrossRef\]](#)
44. Boukouvala, E.; Leaver, M.J.; Favre-Krey, L.; Theodoridou, M.; Krey, G. Molecular Characterization of a Gilthead Sea Bream (*Sparus aurata*) Muscle Tissue cDNA for Carnitine Palmitoyltransferase 1B (CPT1B). *Comp. Biochem. Physiol. Part B-Biochem. Mol. Biol.* **2010**, *157*, 189–197. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
45. Marti-Masso, J.F.; Ruiz-Martínez, J.; Makarov, V.; de Munain, A.L.; Gorostidi, A.; Bergareche, A.; Yoon, S.; Buxbaum, J.D.; Paisán-Ruiz, C. Exome Sequencing Identifies GCDH (Glutaryl-CoA Dehydrogenase) Mutations as a Cause of a Progressive Form of Early-Onset Generalized Dystonia. *Hum. Genet.* **2012**, *131*, 435–442. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
46. Wei, L.; Li, Y.; Ye, H.Z.; Xiao, J.; Hogstrand, C.; Green, I.; Guo, Z.Q.; Han, D. Dietary Trivalent Chromium Exposure Up-Regulates Lipid Metabolism in Coral Trout: The Evidence From Transcriptome Analysis. *Front. Physiol.* **2021**, *12*, 640898. [\[CrossRef\]](#)
47. Shi, M.J.; Zhang, Q.X.; Li, Y.M.; Zhang, W.T.; Liao, L.J.; Cheng, Y.Y.; Jiang, Y.X.; Huang, X.L.; Duan, Y.; Xia, L.; et al. Global Gene Expression Profile Under Low-Temperature Conditions in the Brain of the Grass Carp (*Ctenopharyngodon idellus*). *PLoS ONE* **2020**, *15*, e0239730. [\[CrossRef\]](#)
48. Kaymak, T.; Kaya, B.; Wuggenig, P.; Nuciforo, S.; Göldi, A.; Oswald, F.; Roux, J.; Noti, M.; Melhem, H.; Hruz, P.; et al. IL-20 Subfamily Cytokines Impair the Oesophageal Epithelial Barrier by Diminishing Filaggrin in Eosinophilic Oesophagitis. *Gut* **2023**, *72*, 821–833. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
49. Sunyer, J.O. Fishing for Mammalian Paradigms in the Teleost Immune System. *Nat. Immunol.* **2013**, *14*, 320–326. [\[CrossRef\]](#)
50. Zhang, M.L.; Li, M.; Sheng, Y.; Tan, F.; Chen, L.Q.; Cann, I.; Du, Z.Y. *Citrobacter* Species Increase Energy Harvest by Modulating Intestinal Microbiota in Fish: Nondominant Species Play Important Functions. *mSystems* **2020**, *5*, e00303-20. [\[CrossRef\]](#)

Disclaimer/Publisher’s Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.



genes



Article

Transcriptome Analysis Suggests Dietary Tributyrin Enhances Feeding Intensity via Modulating Steroid Biosynthesis in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*)

Er-Xue Xu, Hao-Yu Li, Zhi-Guang Hou, Yi-Huan Xu, Jun Wu, Teng-Fei Bao, Cheng-Bin Wu, Xiao-Wei Gao and Yan-Miao Tan



<https://doi.org/10.3390/genes16121395>

不同培养基和基质对大别山冬青组培苗生根的影响

方宇鹏,汪诗德

(池州职业技术学院 园林系,安徽 池州 247000)

摘要:以大别山冬青(*Ilex dabieshanensis*)组培苗为试验材料,探索不同培养基及基质对组培苗生根及移栽成活率的影响。研究表明:(1)最适宜大别山冬青生根的培养基为1/2 MS培养基;(2)最适宜大别山冬青生根培养的生长调节剂配比为1/2MS+萘乙酸(NAA)0.3 mg·L⁻¹+吲哚丁酸(IBA)0.2 mg·L⁻¹,生根率高达95%;(3)最佳移栽基质是蛭石、珍珠岩、泥炭土体积比为2:1:2的基质,控制环境条件,大别山冬青生长状况良好,成活率可达85%。

关键词:大别山冬青;培养基;基质;生根

DOI:10.13757/j.cnki.cn34-1328/n.2020.01.018

中图分类号:S688

文章标识码:A

文章编号:1007-4260(2020)01-0098-03

Effects of Different Culture Medium and Matrix on Rooting in *Ilex dabieshanensis*

FANG Yupeng, WANG Shide

(Garden Department, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou 247000, China)

Abstract: Taking young stem segments of axillary buds of *Ilex dabieshanensis* as explant materials, the effects of different mediums and substrates on rooting and survival rate of *Ilex dabieshanensis* were studied. The research results show that the optimal culture medium for rooting was 1/2 MS. The best ratio of growth regulator for rooting was MS+NAA 0.3 mg·L⁻¹+IBA 0.2 mg·L⁻¹, the rooting rate was 95%. The best transplanting substrate is a matrix with a volume ratio of vermiculite, perlite, and peat soil of 2:1:2, and the survival rate of plantlets can reach 85% if controlling environmental conditions.

Key words: *Ilex dabieshanensis*; culture medium; matrix; rooting

大别山冬青(*Ilex dabieshanensis* K. Yao & M. B. Deng),又名霍山冬青,是冬青科(*Aquifoliaceae*)冬青属(*Ilex*)的一种阔叶常绿乔木,是我国特有的植物。它原产于安徽省西部的大别山地区,在海拔150~470 m的沟边及山坡路边野生生长^[1],其果实红艳,叶色翠绿,生长势极强,且耐修剪、耐瘠薄干旱,有很强的适应性,是珍贵的园林绿化树种。此外,大别山冬青可制作保健饮料苦丁茶,具有降脂及消炎等药用保健的功效,有十分广阔的市场应用前景^[2-3]。池州职业技术学院于2017年开始对大别山冬青组织培养技术进行研究,并已逐渐将组培苗推广应用于市场中。在组培过程中,发现试管苗生根的好坏在很大程度上影响组培苗的质量和后期的移植成活率,成为组培快繁的一个关键技术^[4]。此外,试管苗的驯化移栽也直接影响组培苗的质量,如移栽所用基质及驯化的环境条件^[5-6]。目前,我国对大别山冬青的组培快繁,尤其是生根技术尚无系统的研究及资料记载。因此,在前期的研究基础上,对影响大别山冬青生根的因素进行研究,旨在筛选最优生根培养基及驯化移栽基质,为我国大别山冬青后期的组培工厂化育苗技术提供试验依据。

收稿日期:2019-05-17

基金项目:安徽高校自然科学研究重点项目(KJ2017A729)和安徽高等学校质量工程项目-园艺专业教学团队(2018jxtd055)

作者简介:方宇鹏(1987—),女,安徽池州人,硕士,池州职业技术学院园林系副教授,研究方向为植物栽培。

E-mail:583122383@qq.com

1 材料与方法

以安徽省安庆市太湖县宏安冬青树种植农民专业合作社提供的无菌苗的分化芽为试验材料,经池州市园林科技应用研究所处理后提供。

不同培养基对大别山冬青生根培养的影响。将长至约3 cm高的大别山冬青健壮试管苗分别接种到1/2 MS、1/4MS、MS 3种基本生根培养基上进行生根诱导,pH控制在6.0。每种培养基上接种100颗苗,试验重复3次。培养基所处环境为温度25 ℃,光照2 000~2 500 lx,光照时间12 h/d。试验后观察根系生长情况,记录生根时间,40 d后统计生根率,并测量统计根长、根的数量,从而筛选最佳生根培养基。

不同浓度生长调节剂配比对大别山冬青生根的影响。从供试材料中选取3 cm左右生长健壮的大别山冬青试管苗分别接种到以下4种含不同浓度生长调节剂的培养基中:(i)1/2MS+ 萘乙酸(NAA) 0.1 mg·L⁻¹+吲哚丁酸(IBA) 0.2 mg·L⁻¹;(ii)1/2MS+ NAA 0.1 mg·L⁻¹+IBA 0.5 mg·L⁻¹;(iii)1/2MS+ NAA 0.3 mg·L⁻¹+IBA 0.2 mg·L⁻¹;(iv)1/2MS+ NAA 0.3 mg·L⁻¹+IBA 0.5 mg·L⁻¹。每个处理接种100颗苗,重复3次试验。记录生根时间,40 d后测量根长,统计根的数量及生根率。

不同基质对大别山冬青生长的影响。待大别山冬青生根后的组培苗株高4 cm左右时进行移栽。选择具有发达根系、健壮生长的组培苗,先将瓶盖打开,覆上保鲜膜在人工气候室内放2~3 d;再从培养瓶中取出小苗,洗除根部留有的培养基;移栽至经过消毒后的基质中。6种栽培基质分别如下。A1:泥炭土;A2:珍珠岩和泥炭土体积比为1:2,A3:蛭石和泥炭土体积比为1:1;A4:蛭石和珍珠岩体积比为2:1;A5:蛭石、珍珠岩、泥炭土体积比为1:1:1;A6:蛭石、珍珠岩、泥炭土体积比为2:1:2。各处理100株幼苗,重复3次试验,前期适当遮阴,保持一定的空气及基质湿度。定期观察统计组培苗移栽后的成活率、植株高等情况,25 d后统计成活率。

试验数据采用Excel 进行数据分析与处理,SPSS18.0软件进行方差分析。

2 结果与分析

2.1 不同培养基对大别山冬青组培苗生根培养的影响

将高3 cm左右的健壮大别山冬青试管苗接种到不同生根培养基上进行生根诱导。15 d后观察可发现,1/2MS培养基上大别山冬青组培苗开始产生不定根,25 d后可见大量须根;而1/4MS培养基上20 d后可以观察到不定根;MS培养基上处理,生根时间长,30 d后才可观察到不定根的生长。由表1可见,经1/2MS培养基培养的大别山冬青生根率最高,平均不定根数及根长均优于其他两种培养基处理,且根长势健壮。3种培养基处理间,不定根条数均呈显著差异。经试验比较可得知,1/2MS培养基是大别山冬青诱导生根最佳的培养基选择。

表1 不同培养基对大别山冬青组培苗生根的影响

培养基	开始生根时间 /d	生根率 /%	不定根数 /条	平均根长 /cm	根长势
1/2MS	15.0±0.0	55.0±2.6 a	3.0±0.1 a	0.6±0.1 a	健壮
1/4MS	20±1.7	50.0±1.8 a	2.2±0.1 b	0.5±0.1 a	较为健壮
MS	30±1.0	35.0±2.0 b	1.6±0.1 c	0.3±0.1 b	细弱

注:统计结果为平均值±标准差,其中差异显著($p<0.05$)以小写字母表示。下同

2.2 不同浓度生长调节剂配比对大别山冬青生根的影响

由表2可以看出,不同质量浓度的生长调节剂NAA和IBA可在一定程度上诱导大别山冬青组培苗生根。但当NAA质量浓度为0.1 mg·L⁻¹,IBA质量浓度为0.5 mg·L⁻¹时,生根率相对较低,生根所需时间长,平均根长短,不定根数量较少;随着生长调节剂NAA的质量浓度增加,大别山冬青的生根率及不定根的数量呈升高趋势,且最长根长和平均根长也逐渐增加。当NAA质量浓度为0.3 mg·L⁻¹,IBA质量浓度为0.2 mg·L⁻¹时,大别山冬青组培苗生根率高达95%,不定根数量达6.8条,平均根长达2.6 cm,不定根

数量及平均根长均与其他处理间差异显著。因此,综合生根率及根系质量可知,最适宜大别山冬青组培苗生根的培养基是1/2MS+NAA0.3 mg·L⁻¹+IBA 0.2 mg·L⁻¹。

表2 不同生长调节剂对大别山冬青组培苗生根的影响

处理	生长调节剂/(mg·L ⁻¹)		生根率/%	不定根数/条	最长根长/cm	平均根长/cm
	NAA	IBA				
1	0.1	0.2	70.0±2.5 b	5.9±0.1 b	2.1±0.1 b	1.6±0.1 c
2	0.1	0.5	60.0±3.2 bc	3.3±0.1 c	1.0±0.1 c	0.7±0.1 d
3	0.3	0.2	95.0±1.0 a	6.8±0.2 a	3.0±0.3 a	2.6±0.1 a
4	0.3	0.5	80.0±1.8 b	6.0±0.1 b	2.8±0.1 a	2.0±0.2 b

2.3 不同基质对大别山冬青组培苗移栽的影响

大别山冬青生根后的组培苗长至4 cm高时,将根系发达、生长健壮的组培苗,经驯化后移栽至消毒过的不同基质中。移栽25 d后开始统计成活率、株高及根长、植物长势等指标。

由表3可见,不同基质对大别山冬青植株移栽成活率、长势及株高等影响较大。在

表3 不同基质对大别山冬青组培苗生长的影响

基质种类	移栽成活率/%	平均高度/cm	平均根长/cm	植株长势
A1	65.0±1.1 b	2.2±0.3 b	2.1±0.3 e	细弱
A2	70.0±0.9 b	2.5±0.2 a	5.2±0.5 c	较为健壮
A3	75.0±2.1 a	2.6±0.3 a	6.5±0.6 b	较为健壮
A4	50.0±1.6 c	2.1±0.2 b	2.5±0.4 d	细弱
A5	78.0±3.2 a	3.0±0.2 a	7.2±0.4 a	健壮
A6	85.0±2.8 a	3.1±0.2 a	7.6±0.5 a	健壮

A6、A5、A3 3种基质中移栽成活率较高,3种处理间成活率差异不明显。其中移栽至基质A6时,大别山冬青组培苗移栽成活率最高,可达85%,植物长势最健壮,平均株高及平均根长也高于其他处理。当大别山冬青幼苗栽植于A2、A3基质中,幼苗成活率较高,长势较为健壮。而当大别山冬青幼苗栽植于A4、A1基质中成活率差,幼苗长势细弱,后期应用于生产中价值也较低。

3 结论与讨论

不同培养基及生长调节剂、基质等因素对大别山冬青组培苗生根的影响研究表明:1/2MS培养基是最适于大别山冬青组培苗生根培养基,生根率可达55%,且根系生长健壮,这在很大程度上降低了后期驯化移栽的难度。通过不同生长调节剂配比处理,发现1/2MS+NAA0.3 mg·L⁻¹+IBA 0.2 mg·L⁻¹促进生根效果最佳,生根率可高达95%。这与陆小清等研究结果中关于不同生长调节剂配比对大别山冬青根诱导的影响结果基本一致^[7]。通过进一步研究不同基质配比对大别山冬青移栽成活率的影响,得出最佳移栽基质是蛭石、珍珠岩、泥炭土体积比为2:1:2的基质,在控制环境条件下,成活率可达85%,幼苗长势符合壮苗标准,可作为工厂化育苗时基质的配方选择。

在植物的组织培养过程中,组培苗生根培养及后期炼苗移栽是极其重要的环节^[8-9]。组培苗生根的质量直接影响后期的长势,从而影响组培苗的生产成本^[10]。在生根培养过程中,培养基的种类、不同生长调节剂类型及配比均对根的生长有重要影响。赵展平等研究结果发现,植物再生器官和组织的形成,可通过激素诱导形成。如生长素的诱导作用,在不同的植物中影响作用不同。Al-Juboory 等研究发现,生长素NAA和IBA诱导不定根的效果比IAA效果稳定^[11]。在本试验中,通过研究不同浓度配比的NAA和IBA对大别山冬青生根的影响,结果发现,NAA和IBA对大别山冬青的生根诱导都有明显的效果,在一定范围内,生根率随着NAA浓度的增加而增加;高浓度(0.5 mg·L⁻¹)IBA对诱导生根的作用效果差于低浓度(0.2 mg·L⁻¹)的诱导效果,分析原因主要是IBA生长浓度使用过高,导致愈伤组织化,不利于生根,且影响后期移栽的成活率。

(下转第115页)

这一部分内容时,此方法也能够帮助学生快速理解从质蕴含项到必要质蕴含项的原理,掌握卡诺图化简逻辑函数的技巧。

4 结束语

卡诺图化简逻辑函数的优点是简单、直观,有一套容易操作的化简步骤,且容易化简到最简并不易出错。这使得卡诺图化简在整个“数字电子技术”课程的教学过程中占据了重要地位,贯穿了整个课程的教学过程。如何在教学过程中使学生快速、准确地理解卡诺图化简的原理、方法和技巧是课程教学的重点和难点。本文基于教学实践经验,探讨了卡诺图化简逻辑函数的一些课堂教学方法,从卡诺图化简的原理出发,对化简方法和技巧的教学进行了有益的尝试,希望能够为学生提高卡诺图的学习效率提供一定的帮助。

参考文献:

- [1] 腾香. 基于次态卡诺图的移位寄存器型计数器的自启动设计[J]. 浙江大学学报(理学版), 2011, 38(4): 419-423.
- [2] 夏强胜, 李娟. 卡诺图在时序逻辑电路自启动教学中的应用[J]. 安庆师范学院学报(自然科学版), 2013, 19(2): 128-130.
- [3] 王辉, 倪春. 关于卡诺图教学方法的探讨[J]. 安庆师范大学学报(自然科学版), 2018, 24(2): 122-125.
- [4] KARNAUGH M. The map method for synthesis of combinational logic circuits[J]. Transactions of the American Institute of Electrical Engineers, Part I: Communication and Electronics, 1953, 72(5): 593-599.
- [5] ROTH C H, KINNEY L L. Fundamentals of logic design[M]. 6th ed. St. Paul: West, 2010.
- [6] HOLDER M E. A modified Karnaugh map technique[J]. IEEE Transactions on Education, 2005, 48(1): 206-207.
- [7] SLAGLE J R, CHANG C L, LEE R C T. A new algorithm for generating prime implicants[J]. IEEE transactions on Computers, 1970, 100(4): 304-310.
- [8] SASAO T. Switching theory for logic synthesis[M]. Springer Science & Business Media, 2000.

(上接第100页)

驯化移栽基质的选择对组培苗移栽成活率尤为重要^[12]。基质的类型在栽植过程中不仅起到支撑固定植物的作用,同时为植物提供相应的环境条件^[13]。不同类型的基质在透水透气性、保水性、抑菌性、营养物供应性等各方面存在一定的差异^[14]。本试验研究结果可见,蛭石、珍珠岩、泥炭土体积比为2:1:2时,大别山冬青组培苗移栽成活率最高。黄卓忠等研究结果表明,试管苗从恒温及高湿度的无菌环境移植到变温及低湿度的有菌环境中,适应能力大大减弱^[15]。可见,实际生产中,后期的养护管理对组培苗的移栽及生长发育极其重要。

参考文献:

- [1] 李云龙. 大别山冬青栽培技术[J]. 中国花卉园艺, 2014(16):48-49.
- [2] 汪洋,朱艾红,蔡绍平,等. 不同生根剂对大别山冬青扦插效果的影响[J]. 林业调查规划,2017,42(1):88-91.
- [3] 李乃伟,李云龙,王传永,等. 大别山冬青扦插繁殖技术研究[J]. 北方园艺,2012(1):110-111.
- [4] 喻娜. 早半夏组培苗生根条件的优化[J]. 分子植物育种,2019,17(3):938-944.
- [5] 孙冬青,王飞,李新风. 组培微环境对葡萄风信子组培苗生长及移栽后生理特性的影响[J]. 西北农业学报, 2008,17(4):244-248.
- [6] 蒲秀琴,薛寒青. 百合组培苗移栽前的壮苗技术研究[J]. 青海农林科技,2007(1):59-60.
- [7] 陆小清,李乃伟,李云龙,等. 大别山冬青苗木的组织培养[J]. 林业工程学报,2010,24(6):109-111.
- [8] 江明,易清元,王梦. 山草果组培苗生根实验[J]. 西部林业科学,2013,42(4):82-86.
- [9] 刘会超,贾文庆. 基本培养基及植物生长调节剂对牡丹组培苗生根的影响[J]. 河南科技学院学报(自然科学版),2010,38(2):32-34.
- [10] 高丽,李洪林,杨波. 基本培养基与生长调节剂组合对素心建兰根状茎增殖和芽分化的影响[J]. 亚热带植物科学,2007,36(4):13-15.
- [11] AI-JUBOORY K H, SKIRVIN R M, WILLIAMS D J. Callus induction and adventitious shoot regeneration of gardenia(Gardenia jasminoides Ellis)leaf explants[J]. Sci Hort-Amsterdam,1998,72(3-4): 171-178.
- [12] 董敬超. 海尔特兹树莓组培苗温室驯化移栽技术研究[J]. 农业科技通讯,2015(7):138-140.
- [13] 尚进,秦明,江波,等. 不同基质、插穗和生根剂对巴山榧树扦插生根的影响[J]. 分子植物育种, 2018, 16(15):5059-5064
- [14] 陈海霞,赵红英,张斌峰. 基质种类对八仙花组培苗瓶外生根的影响[J]. 湖南生态科学学报, 2017, 4(4):9-13
- [15] 黄卓忠,严华兵. 试管苗瓶外生根技术[J]. 广西农业科学,2007,38(2):124-126.

DOI: 10.14182/J.cnki.1001-2443.2019.02.007

大别山冬青离体快繁技术

方宇鹏, 戴后培

(池州职业技术学院 园林系, 安徽 池州 247000)

摘 要:以大别山冬青(*Ilex dabieshanensis*)具腋芽的幼嫩茎段为外植体材料,通过筛选大别山冬青最适启动培养基、继代增殖培养基及生根培养基,建立大别山冬青的组培快繁技术体系。研究结果表明:以MS+6-BA $1.0\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ +NAA $0.3\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 作为培养基是最适宜腋芽诱导的培养基,其诱导率高达100%;MS+6-BA $1.0\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ +IBA $0.3\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 是最适宜继代增殖的培养基,增殖系数可达4.6;适宜生根培养基为1/2MS+NAA $0.3\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ +IBA $0.2\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,生根率高达95%。经生根后的试管苗移栽至蛭石(V):珍珠岩(V):泥炭土(V)=2:1:2混合基质,控制环境条件,成活率可达85%。

关键词:大别山冬青;初代培养;增殖系数;生根培养基

中图分类号:S 688

文献标志码:A

文章编号:1001-2443(2019)02-0141-05

大别山冬青(*Ilex dabieshanensis* K. Yao & M. B. Deng),又名霍山冬青,为冬青科(Aquifoliaceae)冬青属(*Ilex*)阔叶常绿乔木,是我国特有的植物,原产于安徽省西部的大别山地区,在海拔150~470m的沟边及山坡路边野生生长。其果实红艳,叶色翠绿,生长势极强,且耐修剪,耐瘠薄干旱,有很强的适应性,是珍贵的园林绿化树种。此外,大别山冬青可制作保健饮料苦丁茶,具有降脂及消炎等药用保健的功效,有十分广阔的市场应用前景^[1,2]。池州职业技术学院于2013年开始对大别山冬青扦插繁殖进行研究,但繁殖系数低。目前所繁殖植物仅用于苦丁茶制作,园林应用尚未有报道。为开发推广利用大别山冬青这一种质资源,本文在前人研究的基础上,运用正交试验法,筛选并建立大别山冬青离体快繁体系,以期为实现大别山冬青工厂化育苗、加快其推广应用等方面提供理论依据和技术指导。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料为安徽省安庆市太湖县宏安冬青树种植专业合作社提供的5年生扦插苗。2017年5月中旬取无病虫害、生长健壮的当年生枝条。

1.2 试验方法

1.2.1 外植体的消毒处理 用自来水将具有腋芽的一年生枝条冲洗30min,然后去除叶片,留少量叶柄,放入盛有洗衣粉溶液的烧杯中漂洗,并不断搅动,洗净后沥干,移至超净工作台上。75%的酒精消毒20s后用无菌水冲洗5次后,再将其放于0.1%的升汞液中消毒8min,然后用无菌水冲洗3~5次,最后将茎段表面的水分用无菌纸吸干^[3,4]。最后将经过消毒的茎段(外植体)剪切成约0.5~1.0cm长的茎段,每茎段带1~2个腋芽,接种到初代培养基上诱导腋芽萌发。

1.2.2 腋芽诱导培养 通过 $L_9(3^3)$ 的正交试验法,将培养基设计为9个不同的组合,最终筛选出最佳大别山冬青的芽诱导培养基组合。正交试验中所用基本培养基为WPM、B₅和MS,细胞分裂素NAA的质量浓度

收稿日期:2018-11-16

基金项目:安徽省自然科学研究重点项目(KJ2017A729);池州职业技术学院院级质量工程“园林植物与观赏园艺”教学团队项目(2017jxtd03)。

作者简介:方宇鹏(1987—),女,安徽池州市人,讲师,硕士,研究方向为植物栽培;通讯作者:戴后培(1972—),男,安徽池州市人,教授,硕士,

研究方向为园林植物,E-mail: dqp0317@163.com。

引用格式:方宇鹏,戴后培.大别山冬青离体快繁技术[J].安徽师范大学学报(自然科学版),2019,42(2):141-145.

分别设为 0、0.3 及 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 而 6-BA 的质量浓度分别设为 0.5、1.0 及 $1.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。每个培养瓶中分别接种 3 个茎段, 每种试验处理分别接种 10 瓶, 重复三次。外植体接种后置于 $(23 \pm 3)^\circ\text{C}$, 光照 2000 Lx , 16 h/d 的条件下培养。观察腋芽的生长状况, 培养 30d 后开始统计各处理的诱导率及其新稍的长度。利用正交设计的相关软件助手对统计的数据进行分析, 以此筛选大别山冬青最佳的诱导培养基组合。

1.2.3 继代增殖培养 前期初代培养诱导后产生的新梢, 经过切割处理后转接到含不同浓度配比生长调节剂的增殖培养基中。根据外植体在不同处理下初代培养基中诱导分化情况, 以 MS 培养基为继代增殖培养基, 并添加 6-BA 及 IBA 作为生长调节剂, 其浓度配比分别为: 6-BA 设 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, IBA 设 $0.3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。将经过初代培养后的嫩梢进行切割, 随机接种到不同的继代增殖培养基中, 每瓶 2 个茎段, 各茎段带一个新腋芽。每个处理接种 10 瓶, 重复三次, 培养周期为 30d。观察芽增殖情况, 计算大别山冬青丛生芽增殖率, 筛选最佳继代增殖培养基。

1.2.4 生根培养 将长至 3~4cm 高的健壮大别山冬青试管苗接种到 4 种生根培养基上进行生根诱导: (1) $1/2 \text{ MS} + \text{NAA} 0.1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{IBA} 1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; (2) $1/2 \text{ MS} + \text{NAA} 0.1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{IBA} 0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; (3) $1/2 \text{ MS} + \text{NAA} 0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{IBA} 1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; (4) $1/2 \text{ MS} + \text{NAA} 0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{IBA} 0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。观察根系生长情况, 40d 统计生根率, 从中筛选最佳生根培养基。

1.2.5 炼苗移栽 大别山冬青生根后的组培苗株高 4cm 左右时可进行炼苗与移栽。选择根系发达、生长健壮的组培苗, 先将瓶盖打开, 覆上保鲜膜在人工气候室内放 2~3d。再从培养瓶中取出小苗, 洗除根部的培养基, 移栽至消毒过的泥炭土、珍珠岩和蛭石混合的基质中。前期适当遮阴, 保持一定的湿度, 25d 后统计成活率。

1.3 数据处理与分析

利用 Excel 作图后进行数据分析和处理, 方差分析采用 SPSS18.0 软件。

2 结果与分析

2.1 培养基及生长调节剂浓度对初代培养的影响

大别山冬青接种 15d 后, 各处理腋芽均有一定程度的膨大, 25d 后观察发现有腋芽萌发。由表 1 中数据可见, 三个因素中(细胞分裂素 NAA 的质量浓度、基本培养基和 6-BA 的质量浓度), 影响大别山冬青生长及其腋芽萌发的主要因素为 6-BA 质量浓度的高低, 基本培养基种类影响次之, 而细胞分裂素 NAA 的质量浓度对初代培养影响最小。此外, 由表 1 可知, 大别山冬青腋芽萌发率及新稍的生长随着 6-BA 质量浓度的升高, 呈先增加后降低的趋势。三种培养基对大别山冬青腋芽的萌发都具有一定的诱导作用, 但其中 WPM 培养基的诱导效果不明显。通过不同的试验处理及结果分析可见, 大别山冬青腋芽诱导最佳的培养基为 $\text{MS} + 6\text{-BA} 1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{NAA} 0.3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 其腋芽诱导率高达 100%。

表 1 培养基及生长调节剂对大别山冬青腋芽的诱导影响

Table 1 Effects of culture mediums and growth regulators on axillary bud induction rates of *Ilex dabieshanensis*

处理 Treatment	基本培养基 Basal culture medium	生长调节剂/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$) Growth regulator		诱导率/% Induction rate	新稍长度/cm New growth length
		NAA	6-BA		
1	MS	0	0.5	90	1.5
2	MS	0.3	1.0	100	2.2
3	MS	0.5	1.5	85	2.0
4	B ₅	0	1.0	75	2.1
5	B ₅	0.3	1.5	85	1.8
6	B ₅	0.5	0.5	95	1.4
7	WPM	0	1.5	60	1.4
8	WPM	0.3	0.5	85	1.5
9	WPM	0.5	1.0	75	1.9

2.2 不同质量浓度的生长调节剂对大别山冬青继代培养的影响

将大别山冬青初代培养后的新芽通过继代接种到增殖培养基中,培养基中含不同浓度的生长调节剂。通过继代培养 30d 后,对丛生芽的增殖情况进行统计。结果发现,不同浓度的生长调节剂组合对大别山冬青丛生芽增殖的影响差异显著。

由表 2 分析可见,大别山冬青经初代培养后的嫩枝接种在不同质量浓度的 IBA 和 6-BA 配比的 MS 培养基上时,随着 6-BA 质量浓度的升高,大别山冬青的增殖系数呈升高趋势。当 IBA 质量浓度为 $0.5\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,增殖效果不明显。当 6-BA 质量浓度为 $1.0\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、IBA 质量浓度为 $0.3\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,增殖效果最好,与其它处理间呈显著差异。因此,大别山冬青丛生芽增殖的最佳培养基为 MS + 6-BA $1.0\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ + IBA $0.3\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

2.3 大别山冬青组培苗生根培养

将高 3~4cm 健壮生长的大别山冬青试管苗分

别接种到含不同生长调节剂的生根培养基中进行诱导生根处理。培养 15d 后观察可发现,大别山冬青组培苗开始产生不定根;25d 后可见大量须根。由表 3 可见,不同质量浓度的生长调节剂 NAA 和 IBA 可在一定程度上诱导大别山冬青组培苗生根。但当 NAA 质量浓度为 $0.1\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、IBA 质量浓度为 $0.5\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,生根率相对较低,生根所需时间长,平均根长短,不定根数量较少;随着生长调节剂 NAA 的质量浓度增加,大别山冬青的生根率及不定根的数量呈升高趋势,且最长根长和平均根长也逐渐增加。当生根培养基中添加 $0.3\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 NAA 和 $0.2\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 IBA 时,大别山冬青的组培苗诱导生根率高达 95%,不定根数量达 6.8 条,平均根长达 2.6cm,不定根数量及平均根长均与其他处理间差异显著。因此,从综合生根率及根系质量可知,最适宜大别山冬青组培苗生根的培养基是 $1/2\text{MS} + \text{NAA}0.3\text{mg} \cdot \text{L}^{-1} + \text{IBA}0.2\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

表 3 生长调节剂浓度对大别山冬青组培苗根的诱导影响

Table 3 Effects of different growth regulators on shoots rooting of *Ilex dabieshanensis*

处理 Treatment	生长调节剂/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$) Growth regulator		生根率/(%) Rooting rate	不定根数/(条) Rooting number	最大根长/(cm) Maximum root length	平均根长/(cm) Average root number
	NAA	IBA				
1	0.1	0.2	70	$5.9 \pm 0.1\text{b}$	$2.1 \pm 0.1\text{b}$	$1.6 \pm 0.1\text{c}$
2	0.1	0.5	60	$3.3 \pm 0.1\text{c}$	$1.0 \pm 0.1\text{c}$	$0.7 \pm 0.1\text{d}$
3	0.3	0.2	95	$6.8 \pm 0.2\text{a}$	$3.0 \pm 0.3\text{a}$	$2.6 \pm 0.1\text{a}$
4	0.3	0.5	80	$6.0 \pm 0.1\text{b}$	$2.8 \pm 0.1\text{a}$	$2.0 \pm 0.2\text{b}$

2.4 大别山冬青组培苗驯化移栽

大别山冬青生根后的组培苗长至 4cm 高时,将根系发达、生长健壮的组培苗,经驯化后移栽至消毒过的蛭石(V):珍珠岩(V):泥炭土(V)按 2:1:2 混合的基质中,控制外界环境条件,移栽后 25d,植物长势良好,成活率可达 85%。

3 结论与讨论

大别山冬青是园林绿化中一种珍贵的优良树种,在保健饮料中还可制作为苦丁茶,具很好的降脂、消炎等保健和药用功效,有很好的市场开发效益及广阔的应用前景。通过对大别山冬青的组织培养技术进行研究,可快速增加大别山冬青的繁殖系数,对大别山冬青种质资源的利用及创新应用有重要意义。目前,市场上大别山冬青主要通过扦插进行繁殖,但扦插繁殖系数较低,且受生长季节等外界环境条件影响^[5,6]。为提高大别山冬青在园林绿化中的应用范围及药用生产价值,急需通过其它高效育苗途径提高其繁殖率。组

表 2 不同质量浓度的生长调节剂对大别山冬青继代增殖的影响

Table 2 Effects of growth regulators on bud proliferation coefficient of *Ilex dabieshanensis*

处理 Treatment	生长调节剂/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$) Growth regulator		增殖系数 Proliferation coefficient
	6-BA	IBA	
1	0.5	0.3	$2.1 \pm 0.1\text{b}$
2	0.5	0.5	$1.3 \pm 0.1\text{c}$
3	1.0	0.3	$4.6 \pm 0.1\text{a}$
4	1.0	0.5	$1.7 \pm 0.1\text{c}$

注:增殖系数统计结果为平均值±标准差,其中差异显著($p < 0.05$)以小写字母表示。下同

Notes: The multiplication coefficient is average value ± standard deviation. The significant difference ($p < 0.05$) was expressed in different lower letters

组织培养技术可在很大程度上提高繁殖系数,培养体系建立后,通过组培技术可在短时间内获得大批量优质的种苗^[7,8],这对丰富我省绿化树种、推动大别山冬青的园林应用及苦丁茶制作有极大的意义。但目前,大别山冬青组培技术鲜有报道。本项目采用大别山冬青当年生嫩枝茎段为外植体进行组培快繁,探索出大别山冬青离体快繁体系,以此技术手段为后期大别山冬青的推广应用及开发提供了有效的试验依据和技术指导,促进了大别山冬青这一优质树种的产业化生产,在生产上具有重要的现实意义。

在植物的组培过程中,选择适宜的培养基对大别山冬青的诱导分化及器官的再生培养有重要作用。因此,以 MS、B₅、WPM 为基本培养基,通过正交试验设计不同的培养基组合,筛选出最适宜大别山冬青腋芽诱导的培养基。试验结果发现,采用 WPM 培养基作为基本培养基时,腋芽的诱导率较低;采用 MS 培养基作为基本培养基时,诱导率较高,且其他指标也优于 WPM 及 B₅ 培养基。这与前人在木本植物组织培养中的研究较为一致^[9-12]。作为广泛使用的 MS 培养基,其微量元素齐全,硝态氮和铵态氮含量相对较高,而 WPM 及 B₅ 培养基中铵态氮含量低,硝态氮含量则较高^[13],高比例的铵态氮和硝态氮可能对大别山冬青的诱导分化有一定促进作用。

植物生长调节剂种类、配比及浓度在植物的离体快繁中,也对外植体的诱导分化有很大影响^[14]。向培养基中添加不同生长调节剂对外植体的内源激素水平有一定的影响,因此不同浓度生长调节剂及配比的培养基对外植体诱导分化能力产生明显影响^[15]。本试验在初代培养中,选择不同的生长调节剂,腋芽萌发情况差异较大。随着 NAA 质量浓度的升高,大别山冬青腋芽萌发率呈先增高后降低趋势;而随着 6-BA 质量浓度的增加,腋芽萌发率的变化无明显规律。通过正交试验,结果可得知,以 MS + 6-BA 1.0 mg · L⁻¹ + NAA 0.3 mg · L⁻¹ 作为培养基是最适宜腋芽诱导的培养基,其腋芽萌发率高,新稍生长快。可见,在组织培养过程中,植物生长调节剂对促进细胞伸长生长有一定的作用。

试验中,通过观察发现,基部愈伤组织在外植体腋芽萌发时形成。将其处理后进行增殖培养的同时,在原培养基中继续培养原外植体。后期基部产生的愈伤组织,使其继续培养萌发新芽。但 5 次继代后,基部不再有愈伤组织形成,茎段上也不再有新的腋芽萌发。该现象与冬青茎段的组织培养研究结果一致^[16,17]。试验结果表明,外植体基部愈伤组织的形成与腋芽的萌发有一定的关系。在增殖培养过程中,发现 6-BA 诱导效果优于 IBA,在 30d 内,可使增殖系数高达 3.6。但是在继代过程中,发现随着继代次数的增加,部分愈伤组织出现褐化,导致大别山冬青愈伤组织褐化的原因很多,可能与外界的环境条件、培养基种类及状态、生长调节剂种类及类型等有关,具体原因有待于进一步试验研究。

试验结果表明,1/2MS 培养基中添加生长调节剂可诱导大别山冬青组培苗生根。吴月燕等^[18]研究发现:IBA 质量浓度在一定的范围内,IBA 质量浓度对内源 IAA 的含量有影响,并随着 IBA 质量浓度的增加呈升高趋势^[19];外源 NAA 则对内源 IAA 的合成有促进作用,对促进根的形成有一定作用^[9]。本试验研究发现,随着 NAA 质量浓度的增加,生根率逐渐增加。但相同质量浓度 NAA 条件下,IBA 质量浓度过高,生根率反而下降。可见,大别山冬青组培苗生根情况与生长调节剂种类及质量浓度配比有一定的关系。

通过本试验研究,建立了以茎段作为外植体的大别山冬青组培快繁技术体系,得出大别山冬青初代培养最佳培养基为 MS 培养基,且添加 6-BA 1.0 mg · L⁻¹ + NAA 0.3 mg · L⁻¹ 是最适宜腋芽诱导的培养基。继代增殖培养则以 MS + 6-BA 1.0 mg · L⁻¹ + IBA 0.3 mg · L⁻¹ 最适宜,增值系数最高。组培苗生根培养基以 1/2MS + NAA 0.3 mg · L⁻¹ + IBA 0.2 mg · L⁻¹ 最宜,生根率达 95%,根系发达。经生根后的试管苗移栽至蛭石(V):珍珠岩(V):泥炭土(V)=2:1:2 混合基质,控制环境条件,成活率可达 85%。本试验研究建立的大别山冬青组培快繁体系,为加快大别山冬青的推广应用奠定了重要的技术基础。

参考文献:

- [1] 陈茜,范佳露,王宝腾,等.落叶型冬青雌、雄株茎段的组织培养技术[J].南京林业大学学报(自然科学版),2017,41(6):181-186.
- [2] 姜丹,胡瑞阳,隋依含,等.刺槐子叶的不定芽诱导及植株再生[J].东北林业大学学报,2012,40(10):12-18.
- [3] 李乃伟,李云龙,王传永,等.大别山冬青扦插繁殖技术研究[J].北方园艺,2012(1):110-112.
- [4] 郑贵鸣,李云龙,郭忠仁,等.大别山冬青引种栽培技术[J].江苏林业科技,2007,34(5):32-33.
- [5] 李云龙.大别山冬青栽培技术[J].中国花卉园艺,2014(16):48-49.
- [6] 李峰.罗城石楠组织培养快速繁殖技术研究[J].江苏林业科技,2013,40(3):18-20.
- [7] 毕艳娟,周丽艳,高书国,等.植物生长调节剂对欧李离体培养的影响[J].河北科技师范学院学报,2006,20(3):17-22.

- [8] 汪洋,朱艾红,蔡绍平,等.不同生根剂对大别山冬青扦插效果的影响[J].林业调查规划,2017,42(1):88-91.
- [9] 文明玲,乐正碧,徐茜,等.金银花组织培养外植体灭菌方法探索[J].陕西农业科学,2011(2):50-51.
- [10] 王欢,杜凤国,兰河,等.观果树种轮生冬青离体快繁技术[J].东北林业大学学报,2017,45(12):27-31.
- [11] 戴军,姚厚军,张九玲,等.太子参超低温脱毒及规模化组培育苗技术[J].生物学杂志,2014,31(3):84-87.
- [12] 周俊辉,谭伟添,黄婉先.美国茉莉的组织培养与快速繁殖[J].植物生理学通讯,2009,45(9):893-894.
- [13] 王征,伍江波,刘雪梅,等.杜仲愈伤组织诱导和植株再生体系的建立[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2015,43(7):57-65.
- [14] 杨宏,陈文静,杨标,等.长山核桃茎段组织培养初步研究[J].经济林研究,2017,35(2):220-224.
- [15] 刘秀丽,李博萍,刘丽萍,等.三角梅愈伤组织诱导和植株再生[J].林业科技通讯,2017(1):25-30.
- [16] 周燕青,丁兰,徐步青,等.不同植物生长调节物质对条叶榕组织培养的影响[J].浙江农林大学学报,2013,30(3):453-458.
- [17] 陆小清,李乃伟,李云龙,等.大别山冬青苗木的组织培养[J].林业工程学报,2010,24(6):109-111.
- [18] 吴月燕,刘秀莲,汪财生.乐昌含笑组织培养过程中根的诱导[J].园艺学报,2007,34(4):991-994.
- [19] HAO S Q,ZHU K,CHEN K. Micropropagation of *Taxodium hybrid*(*T. distichum* × *T. mucronatum*) [J]. *Agricultural Biotechnology*,2018,7(2):92-95.

Rapid Propagation Technique of *Ilex Dabieshanensis* in Vitro

FANG Yu-peng, DAI Qi-pei

(1. Garden Department, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou 247000, China)

Abstract: In order to establish a rapid propagation system of *Ilex dabieshanensis*, tender stem segments with axillary buds of *Ilex dabieshanensis* are used as explants for tissue culture, and the optimum medium for initiation culture, subcultures proliferation and rooting culture are screened. The results show that the optimal medium for axillary bud induction is $MS + 6-BA 1.0 mg \cdot L^{-1} + NAA 0.3 mg \cdot L^{-1}$, and its induction rate is as high as 100%. The optimal proliferation medium is $MS + 6-BA 1.0 mg \cdot L^{-1} + IBA 0.3 mg \cdot L^{-1}$, which proliferation coefficient can arrive 4.6. The best rooting medium is $1/2MS + NAA 0.3 mg \cdot L^{-1} + IBA 0.2 mg \cdot L^{-1}$, with rooting rate as high as 95%. The plantlets with acclimatization are transplanted to mixed matrix with Vermiculite(V): Perlite(V): Peat soil(V) = 2:1:2. The plantlets are successfully acclimatized and planted with a survival rate of 85% under ideal environmental.

Key words: *Ilex dabieshanensis*; primary culture; proliferation coefficient; rooting medium

(责任编辑: 巩 劼)

霍山石斛 2 种真菌病害病原菌分离鉴定及 抑菌药剂筛选

程安东¹,汪本勤¹,冯明峰²

(1. 六安职业技术学院,安徽 六安 237158;2. 南京农业大学,江苏 南京 210095)

摘要:为了提高霍山石斛 *Dendrobium huoshanense* 品质和产量,通过对霍山县多地进行田间调查,发现霍山石斛茎部病害主要为白绢病,叶部病害主要为炭疽病。采集发病典型的新鲜病株作为样本,通过柯赫氏法则验证、形态学观察以及分子生物学鉴定证明了白绢病的致病菌为齐整小核菌 *Sclerotium rolfsii* Sacc. 的有性态罗氏阿太菌 *Athelia rolfsii*;炭疽病的致病菌为胶孢炭疽菌复合种下的 *Colletotrichum camelliae*。同时测定了 12 种防治药剂对白绢病及炭疽病的室内抑菌效果,发现 25% 吡唑啉菌酯悬浮剂 2000 倍液、37% 苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液、80% 乙蒜素乳油 2000 倍液对白绢病病原菌菌丝生长的抑制效果最好,37% 苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液、80% 乙蒜素乳油 2000 倍液对炭疽病病原菌菌丝生长的抑制效果最好。目前,关于霍山石斛病害病原菌种类鉴定及防控药剂的研究未见任何报道,本文通过试验为霍山石斛种植过程中绿色防控提供了理论基础。

关键词:霍山石斛;白绢病;炭疽病;分离鉴定;抑菌药剂

中图分类号:S435. 672

文献标识码:A

文章编号:1009—9735(2024)05—0024—09

石斛属(*Dendrobium* Sw.)植物目前已知种类超过 1500 种,为兰科(*Orchidaceae*)植物中的第二大属^[1]。我国现有的石斛属植物大约有 76 种,主要分布于秦岭以南地区,大多都是非常珍贵的药用植物^[2],具有较好的医疗和保健功能^[3-4]。皖西大别山地区主要产有三种石斛,分别为铁皮石斛(*Dendrobium officinale*)、铜皮石斛(*Dendrobium moniliforme*)、霍山石斛(*Dendrobium huoshanense* C. Z. Tang et S. J. Cheng)。霍山石斛主产地位于大别山地区的霍山县,俗称“米斛”,据古籍记载霍山石斛具有益气除热、壮阳补肾、调和阴阳的功效。另现代药理研究发现,霍山石斛中主要含有多糖、多酚、生物碱等物质,其小分子成分种类多且含量高,多酚类的含量高于其他类石斛,水提物的抗氧化活性均高于铁皮石斛和铜皮石斛^[5],临床研究表明霍山石斛在降血糖、抗肿瘤、抗氧化等方面都有一定的功效,长期服用对人体免疫力的提高具有效用^[6]。

近年来,中药材市场上对霍山石斛的需求量逐渐增高,但是由于霍山石斛的生长周期长,栽培成本高,成株矮小,因此产量较低。目前,随着霍山石斛组培育苗、大棚栽培技术的成熟,已经可以实现大规模人

工繁殖^[7]。但是由于大棚种植一般温度与湿度都较高,容易导致石斛病害的发生^[8],而且许多种植户对石斛病害重视不足,对石斛病害的发生规律、防控方法知之甚少,造成石斛病害的发生在逐年增加,这对石斛的生长和品质保障极为不利。近年来,在对霍山县霍山石斛种植地的病害发生情况进行实地采样调查的过程中发现炭疽病、白绢病在霍山石斛生长过程中最为常见,造成霍山石斛严重减产并影响其品质,大棚栽培的霍山石斛在 7 月份白绢病发病率部分地区达到 30% 以上,严重地块出现成片死亡,被当地种植户称作霍山石斛的“癌症”。

目前关于霍山石斛的研究主要集中在成分鉴定、药理分析方面,对石斛栽培过程中的病害研究都是针对铁皮石斛,王连平等和游景茂等对铁皮石斛灰霉病病原鉴定为灰葡萄孢(*Botrytis cinerea*)^[9-10];王国荣等和李海明等对铁皮石斛白绢病病原鉴定为齐整小

* 收稿日期:2023—12—21

基金项目:安徽省教育厅自然科学重点研究项目(KJ2018A0776)。

作者简介:程安东(1991—),男,安徽六安人,硕士,讲师,研究方向:植物病理学;汪本勤(1968—),女,安徽六安人,教授,研究方向:农学;冯明峰(1989—),男,安徽六安人,博士研究生,研究方向:植物病理学。

核菌(*Sclerotium rolfsii* Sacc.)^[8,11];赵桂华等对铁皮石斛茎腐病的病原鉴定为可可球二孢(*Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon&Maubl)叶斑病鉴定为黑线炭疽菌(*Colletotrichum dematium*)^[12-13];沈伟东等和李梅荣等对铁皮石斛轮纹病及圆斑病病原鉴定同为露湿漆斑菌(*Myrothecium roridum*)^[14-15];赵玲琳等对铁皮石斛炭疽病病原鉴定为炭疽属下的一个复合种胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)^[16],对霍山石斛病原种类的鉴定目前未见相关报道。本研究就霍山石斛炭疽病、白绢病病原鉴定及防控药剂的选择进行探索,为这两种病害的田间诊断及绿色防控提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 病害田间调查及采样

白绢病的发生一般呈点片发生,中间比边行发病重,田间调查采用平行线式取样方法。炭疽病边行发病较重,田间调查采用“Z”字形取样方法,调查样点数不少于总数的0.5%。

2018年6月于霍山县太平畈乡、霍山石斛产业园区、安徽同济生生物科技有限公司六安职业技术学院种植基地采集白绢病典型发病样本10余株,放置于牛皮纸袋中带回实验室分离。2018年10月于衡山镇、诸佛庵镇、黑石渡镇石斛种植基地采集炭疽病典型发病叶片30余片,密封于牛皮纸袋中带回实验室分离。

1.2 病原菌的分离

白绢病选择病株茎基部处的菌核,无菌水冲洗4次,放入1%升汞溶液中表面消毒10 s,置于75%乙醇中漂洗30 s,置于无菌水中漂洗30 s,取出菌核放在灭菌的滤纸上沥干水分,将菌核用手术刀剖开,将横截面紧贴PDA培养基(内含氯霉素)表面,置于27℃恒温黑暗培养箱内培养。培养3 d后从菌落边缘挑取菌丝转接至新的PDA培养基上纯化培养。

炭疽病选择发病叶片,无菌水冲洗4次,取大小约为1 cm²病健交界处的叶块,然后放入1%升汞溶液中表面消毒15 s,置于75%乙醇中漂洗30 s,后置于无菌水中漂洗30 s,取出叶块放用滤纸吸干水分,将病健交界处斜插入PDA培养基(内含氯霉素)中,然后转移至27℃恒温黑暗培养箱内培养。培养5 d后去边缘菌落再次进行纯化培养,观察菌落颜色及形态特征。

1.3 病原菌形态学鉴定

对分离纯化得到的病原菌株分别在PDA与OMA(燕麦培养基)上培养。PDA接种后在26℃恒温黑暗培养箱内培养,培养7 d,对比观察其菌落形态、颜色特征,用显微镜观察菌丝形态。OMA接种后,在26℃恒温黑暗培养箱内培养14 d后,用无菌水冲洗,得到孢子,观察并拍照记录测量产孢结构和分生孢子形态、大小,对病原菌进行初步形态学鉴定。

1.4 病原菌的致病性测定

利用柯赫氏法则对分离得到的病原菌进行致病性测定,白绢病在茎上部采用微伤口接种法。健康的霍山石斛由安徽同济生生物科技有限公司提供,选取三年生株高在11 cm左右的茁壮植株。将分离纯化后得到的代表性菌株HS-Sr在PDA培养基上培养3~5 d后,采用微伤口接种法将健康的霍山石斛距茎基部5 cm处用灭菌刀划开表皮,用接种环挑取直径为5 mm的菌饼,将有菌丝的一面贴在伤口处,每盆接种5支茎,共接种3盆,并设置1盆只接琼脂块作为对照。接种后放置于人工气候培养箱中(L/D=12h//12h,26℃,90%RH),观察发病情况,待发病后取发病部位进行病原分离纯化,与第一次分离纯化后的菌落进行对比,并在显微镜下观察菌丝和孢子形态特征,进行形态学鉴定。

炭疽病选择分离纯化得到的代表性菌株HS-Cc在OMA培养基上培养14 d后,采用针刺加喷雾接种法进行接种,首先用纯净水洗脱孢子,并配制孢子浓度至少为1×10⁶个/mL的悬浮液,再采用灭菌针头刺穿叶片,将孢子悬浮液喷洒于处理后的叶片表面,套袋保湿48 h。每盆霍山石斛选取4枝茎上的叶片进行穿刺,共设置3盆,并设置1盆只喷清水的对照。接种后放置于人工气候培养箱中(L/D=12h//12h,26℃,90%RH),待发病后取发病部位进行分离纯化,与第一次分离纯化后的菌落在显微镜下观察比较,进行形态学鉴定。

1.5 病原菌多基因序列扩增及分析

分离得到的菌株在PDA培养基上培养5~7 d,将收集的菌丝置于1.5 mL的离心管,迅速放入液氮速冻,加入石英砂手工研磨以备下一步基因组DNA提取试验。基因组DNA使用CTAB-SDS方法提取^[17]。提取后的DNA保存于-20℃冰箱待用。

本试验中扩增的真菌基因组目的片段包括:ITS、LSU、EF1-a,引物如表1。

表 1 试验中使用的引物信息

位点名称	引物名称	引物类型	序列(5'—3')	碱基/个
ITS	ITS-1	Forward	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	19
	ITS-4	Reverse	TCCTCCGCTTATTGATATGC	20
LSU	NL1	Forward	GCATATCAATAAGCGGAG	18
	NL4	Reverse	GGTCCGTGTTTCAAGACGG	19
EF1-a	EF1-983F	Forward	GCYCCYGGHCAYCGTGAYTTYAT	23
	EF1-2218R	Reverse	ATGACACCRACRGCRACRGTYTG	23

PCR 反应程序参照 *TaKaRa Taq*TM HS Perfect Mix 的使用说明书 (<https://www.takarabiomed.com.cn/DownLoad/R300S.pdf>)。PCR 产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测,并用 AXYGEN 凝胶纯化试剂盒回收 DNA 片段,扩增相应的 rDNA 的 ITS、LSU 和 EF1-a 序列并连接在 T 载体上,转至大肠杆菌 JM109 中,PCR 阳性检测后送南京擎科生物公司

测序。测序结果在 GenBank 中进行序列比对并下载相关序列,利用 DNAMAN 进行比对分析,构建系统进化树,为病原菌的鉴定提供分子依据。

1.6 病原菌防控药剂筛选

1.6.1 药剂筛选

供试药剂名称、浓度及生产厂家见表 2。

表 2 供试药剂名称、浓度及生产厂家

供试药剂 Fungicide	浓度(ppm) concentration	生产厂家 Manufacturer
25%吡唑啉菌酯悬浮剂 pyraclostrobin 25% SC	0.002	河北成悦化工有限公司
37%苯醚甲环唑水分散粒剂 difenoconazole 37% WG	0.003	山东海讯生物科技有限公司
80%乙蒜素乳油 ethylin 80% EC	0.002	开封大地农化生物科技有限公司
40%百菌清悬浮剂 chlorothalonil 40% SC	0.0005	四川稼得利科技开发有限公司
100 万孢子/克寡雄腐霉菌可湿性粉剂 Pythiumoligandrum 1 million spores/g WP	0.006	捷克生物制剂股份有限公司
8%宁南霉素水剂 ningnanmycin 8% AS	0.002	德强生物股份有限公司
15%三唑酮可湿性粉剂 triadimefon 15% WP	0.0008	四川国光农化股份有限公司
80%甲基硫菌灵水分散粒剂 thiophanate-methyl 80% WG	0.001	山东海讯生物科技有限公司
1%蛇床子素水乳剂 Osthole 1% EW	0.002	邯郸市建华植物农药厂
6%春雷霉素可湿性粉剂 kasugamycin 6% WP	0.001	山西绿海农药科技有限公司
0.3%丁香酚可溶液剂 eugenol 0.3% SL	0.001	南通神雨绿色药业有限公司
30%恶霉灵水剂 hymexazol 30% AS	0.0015	四川润尔科技有限公司

1.6.2 抑菌试验

分别将 12 种不同的药剂用无菌水按比例稀释后,在直径为 9 cm 的 PDA 培养皿表面倒入 1 mL 药液,轻轻晃动使药液铺满培养皿表面。在菌落边缘打取菌饼,将菌饼有菌丝的一面朝下贴置于含各种不同药液的 PDA 培养皿中央,用无菌水处理对照组,每组重复 3 次,放置于 26 ℃ 恒温培养箱内黑暗培养。白绢病病原菌培养 72 h,炭疽病病原菌培养 120 h,后用十字交叉法测量菌落直径,与对照组进行比较。抑制率=(对照菌落直径-处理组菌落直径)/(对照菌落直径-菌饼直径)×100%。

1.7 数据分析

试验数据采用 SPSS 21.0 软件计算标准误差,应

用 Duncan's 新复极差法进行差异显著性检验。

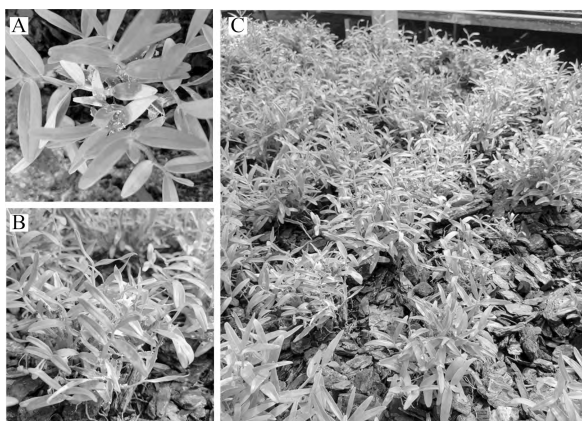
2 结果与分析

2.1 三种病害田间调查发生症状

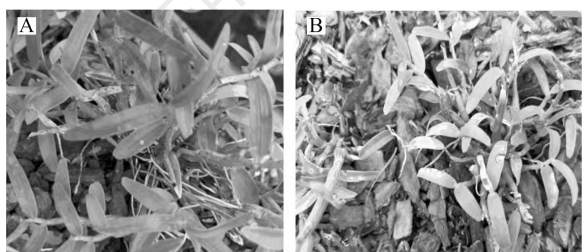
通过对霍山县多地实地调查发现,每年的 6 月份是白绢病的高发期,白绢病主要为害霍山石斛的茎基部,整个生长历期都有发病,特别持续降雨之后,潮湿的天气是白绢病发生的主要诱因,发病时在田间或者苗床上有较明显发病中心,早期症状为茎基部发生萎缩,褪绿变为淡黄色,发病部位的上方叶片褪绿变为黄色,在叶基出现水渍状暗斑。发病中期在茎基部及周围叶片叶缘处出现白色菌丝,形成直径为 1~2 mm 的白色圆形菌核,少许菌核在叶片上形成。发病后期,被感染的茎发生倒伏,整支茎变黄枯萎,在枯

萎的茎上出现大量暗褐色菌核。调查数据显示太平畈乡白绢病总发病率达 25%,霍山石斛产业园区内调查发病率达 29%,同济生公司六安职业技术学院种植基地内调查发病率达到 32%。

通过对衡山镇、诸佛庵镇、黑石渡镇石斛种植基地的调查发现,普遍存在炭疽病的发生,衡山镇种植基地发病率 12%,诸佛庵镇种植基地发病率 16%,黑石渡镇种植基地炭疽病发病率最高,达到 36%,黑石渡镇调查的地点为观光大棚,大棚周边的红花继木上炭疽病发病严重,怀疑病原借人员流动随气流传播。



A: 发病初期;B: 发病中期; C: 田间发病图
图 1 白绢病田间症状

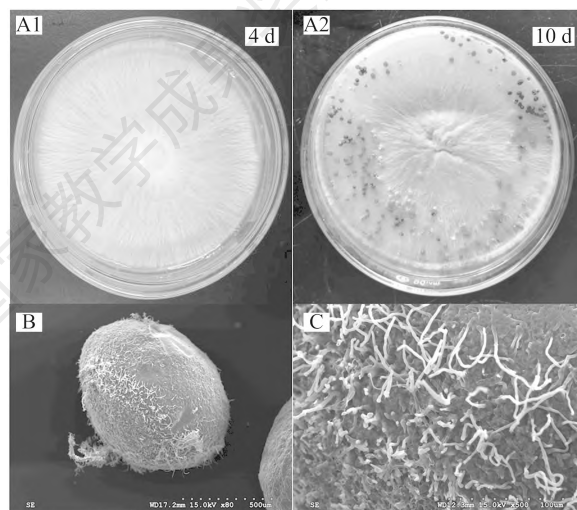


A: 发病初期;B: 发病中期
图 2 炭疽病田间症状

2.2 病原菌形态学鉴定

白绢病病原菌在 PDA 培养基上培养 3~4 d 后,

观察可以发现,菌落呈现圆形,菌丝白色绢丝状,呈放射状向四周生长,培养 7~8 d 后,菌落边缘区域出现白色菌核,10 天后菌核变为深褐色,随后菌核开始逐渐增加,菌核形状近似圆形,周边菌核数量多于菌落中心。分生孢子未见。

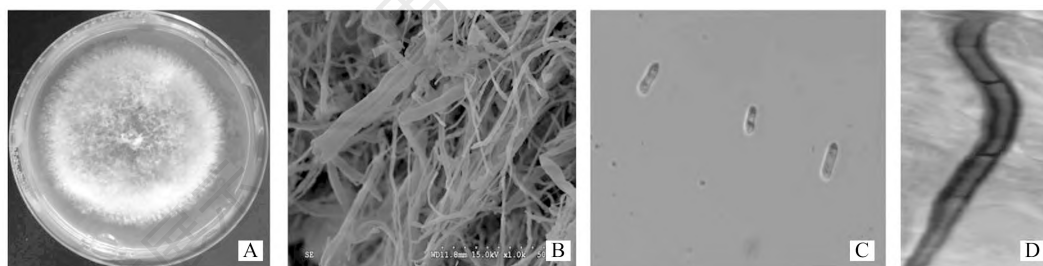


A1: 生长 4 d 菌落图;A2: 生长 10 d 菌落图;B: 菌核;C: 菌丝形态
图 3 A. *rolfsii* 形态特征(菌株 HS-Sr)

炭疽病病原菌在 PDA 培养基上,菌落正面平坦,气生菌丝致密,棉絮状,白色,背面中央橄榄绿至边缘白色;25℃ 黑暗培养条件下,5 d 的生长速率 14 mm/d;分生孢子透明,无隔膜,光滑,圆柱形,内部清晰可见 1 到 2 个“油滴”,大小为(15.7~18.4) $\mu\text{m} \times (4.0 \sim 5.7) \mu\text{m}$ 。厚垣孢子深褐色,藏于气生菌丝中间;刚毛褐色,4 隔,端部尖锐,基部膨大。

2.3 病原菌致病性鉴定

如图 5 所示,通过微伤口接种法将健康的霍山石斛接种菌株 HS-Sr 菌丝后放入人工气候箱内,湿度设定为 90%,温度设定为 26℃。观察可知,4 d 后植株开始发病,伤口部位长出白色菌丝,7 d 后伤口上下部位叶片变黄出现水渍状暗斑,12 d 后叶片上出



A: 菌落正面;B 菌丝形态;C: 分生孢子;D: 刚毛
图 4 C. *camelliae* 形态特征。(菌株 HS-Cc)

现直径为 1~2 毫米的白色圆形菌核, 20 d 后, 被感染的茎倒伏, 整支茎枯萎, 伤口部位出现大量暗褐色菌核, 无菌水处理的对照组无任何症状发生, 根据柯赫氏法则, 再次从致病性测定试验的发病叶片上分离得到该菌, 回接至新鲜健康植株后仍旧发病, 与田间发病症状一致。炭疽病菌株 HS-Cc 用针刺喷雾接种法进行接种, 发病症状与田间发病症状一致。

2.4 病原菌分子生物学鉴定

霍山石斛白绢病病原菌菌株 HS-Sr 的 rDNA-ITS 序列长度为 790 bp、LSU 序列长度为 618 bp、EF1-a 序列长度为 1088 bp。用 BLAST 软件在 NCBI 中与相近的其他病原菌比对, 结果表明菌株

HS-Sr 的 rDNA-ITS 序列与 GenBank 中登录号为 MN872304.1 的 *A. rolfsii* 菌具有 100% 的相似性, LSU 序列与 GenBank 中登录号为 MT225781.1 的 *A. rolfsii* 菌具有 99.84% 的相似性, EF1-a 序列与 GenBank 中登录号为 MW322687.1 的 *A. rolfsii* 菌具有 100% 的相似性。通过系统发育树分析表明, 霍山石斛白绢病病原菌与 *A. rolfsii* 同源性最高, 遗传距离最近, 位于系统发育树的同一分支(图 6、图 7、图 8)。结合霍山石斛白绢病病原菌形态特征, 以及 ITS、LSU、EF1-a 序列分析结果, 将霍山石斛白绢病病原菌确定为齐整小核菌 *S. rolfsii* Sacc. 的有性态罗氏阿太菌 *A. rolfsii*。

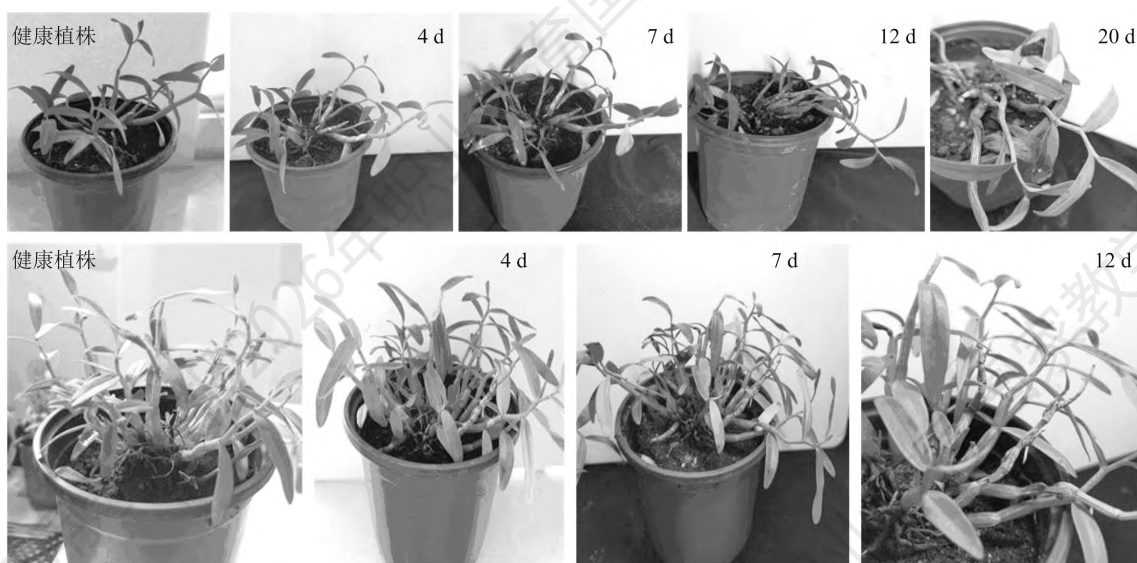


图 5 菌株 HS-Sr 致病性鉴定

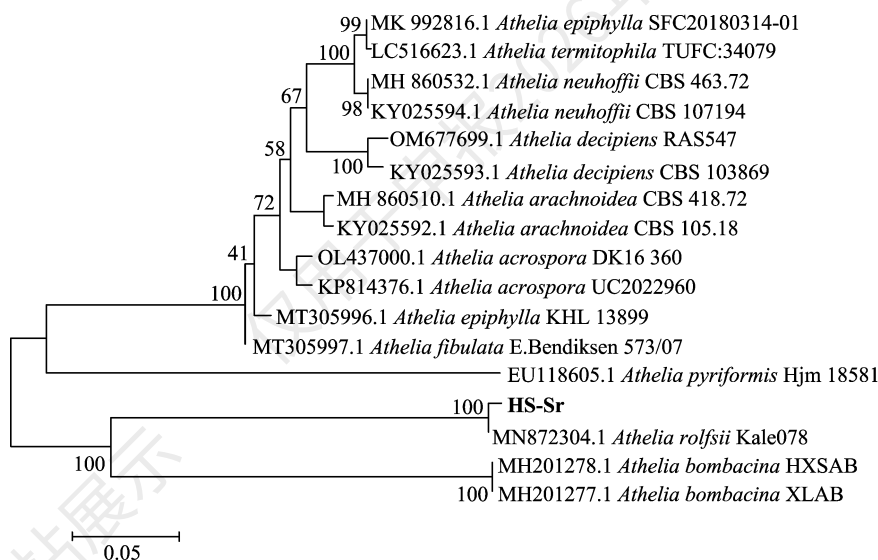


图 6 基于 rDNA-ITS 序列构建菌株 HS-Sr 的系统发育树

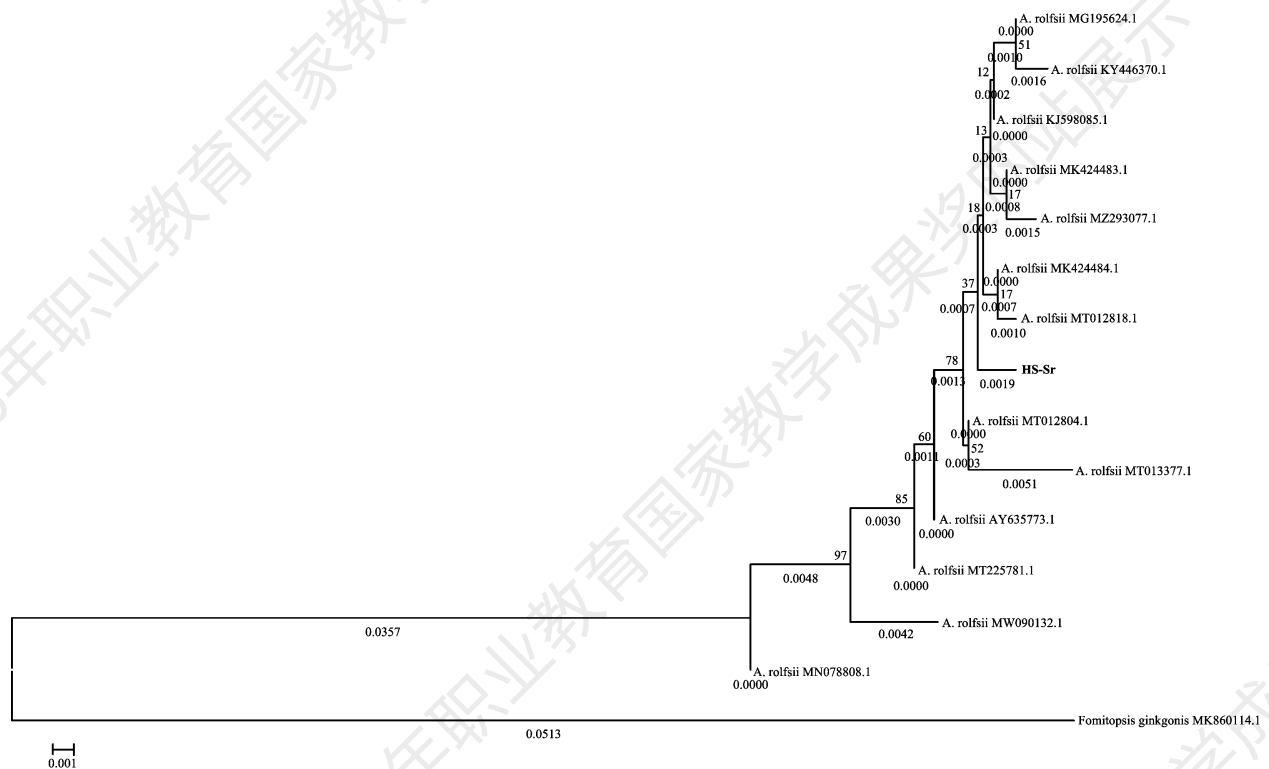


图 7 基于 LSU 序列构建菌株 HS-Sr 的系统发育树

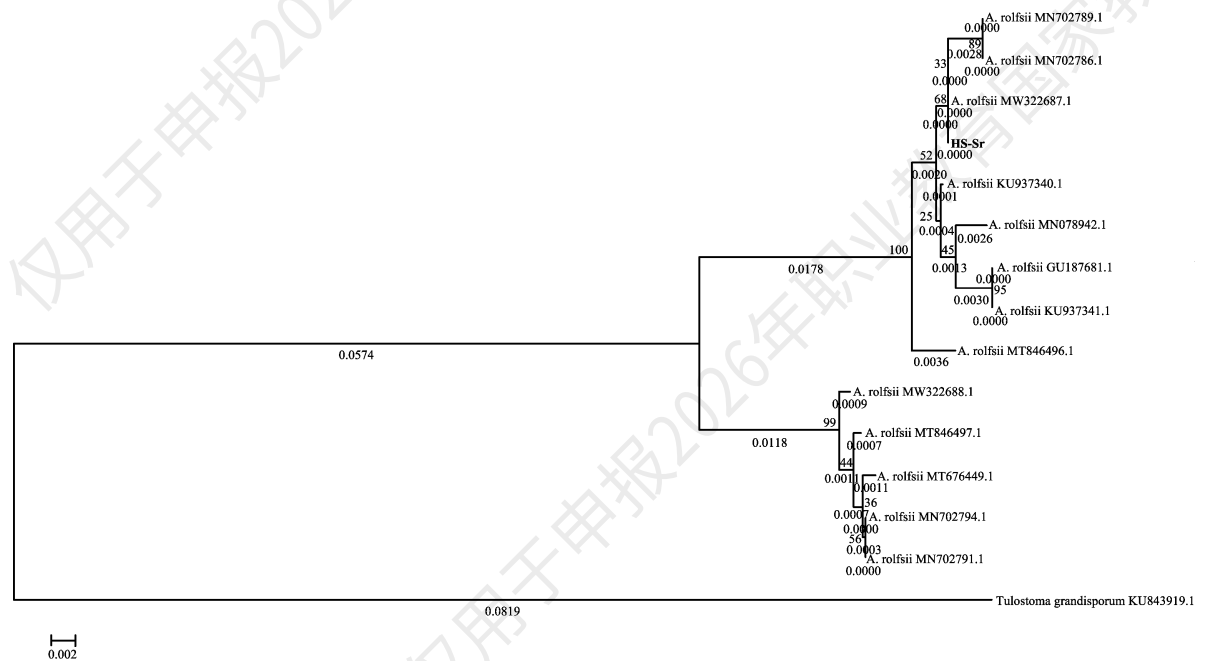


图 8 基于 EF1-a 序列构建菌株 HS-Sr 的系统发育树

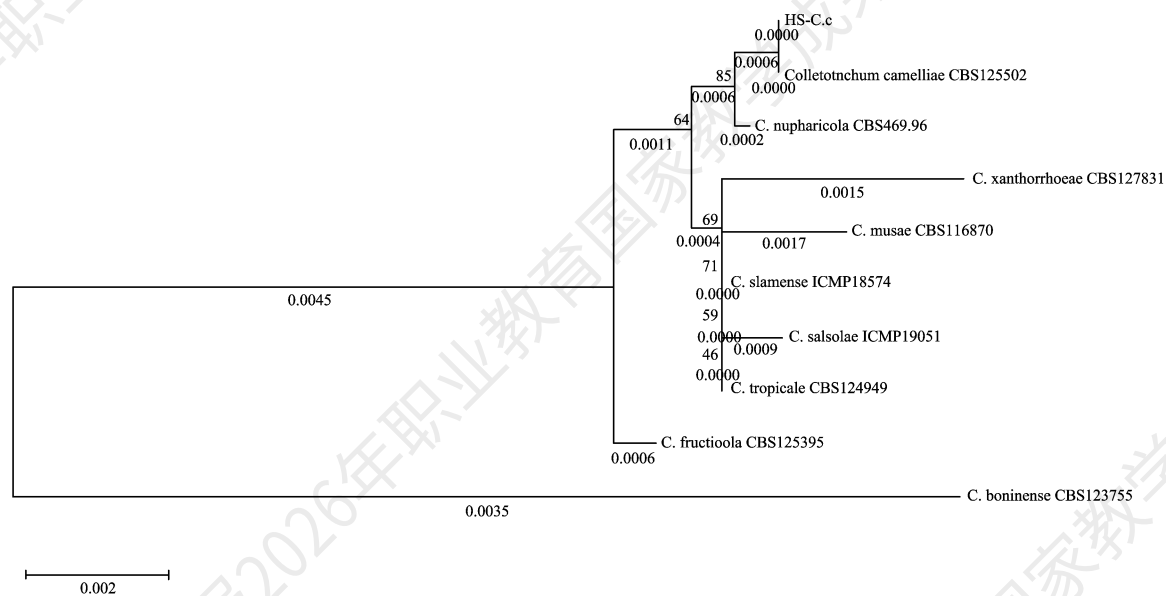
霍山石斛炭疽病病原菌菌株 HS-Cc 菌株分别扩增 ITS、ACT、GAPDH、CAL、CHS-1、TUB2 和 GS 共 6 个基因序列。同时,从 Gen Bank 下载已报到的该复合种菌株相应基因序列。将 6 个基因序列首尾相连,以 *C. boninense* (菌株编号 CBS 123755)作为外类群构建进化树^[18]。通过系统发育树分析表明,

霍山石斛炭疽病病原菌与 *C. camelliae* 同源性最高,遗传距离最近,位于系统发育树的同一分支(图 9),且形态学鉴定也与该病原其他报道很相似。结合霍山石斛炭疽病病原菌形态特征,以及 rDNA-ITS 序列分析结果,将霍山石斛炭疽病病原菌确定为 *C. camelliae*。

2.5 不同药剂对菌株菌丝生长的影响

研究结果通过表 3 可知,在对白绢病病原菌的室内平板药剂筛选试验中发现,25%吡唑啉菌酯 2000 倍液、37%苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液、80%乙蒜素乳油 2000 倍液的抑制率均达到 100%,抑制效果最好。8%宁南霉素水剂 2000 倍液、100 万孢子/克寡雄腐霉菌可湿性粉剂的抑制率分别为 73.9%、

72.5%,抑制效果较好。其次分别为 40%百菌清悬浮剂 500 倍液、15%三唑酮可湿性粉剂 800 倍液、80%甲基硫菌灵水分散粒剂 1000 倍液、1%蛇床子素水乳剂 2000 倍液、6%春雷霉素可湿性粉剂 1000 倍液、0.3%丁子香酚可溶液剂 1000 倍液,30%恶霉灵水剂 1500 倍液抑制效果最差(图 10)。



注: CBS: 荷兰真菌生物资源中心(Culture collection of the Centraalbureau voor Schimmelcultures); ICMP: 国际植物微生物资源中心(International Collection of Microorganisms from Plants)

图 9 基于多基因序列构建菌株 HS-Cc 的系统发育树

表 3 12 种杀菌剂对(白绢病)菌丝生长的抑制作用

供试药剂 Fungicide	浓度(ppm) concentration	菌落平均直径/mm Average colony diameter	抑菌率/% Inhibitory ratio
25%吡唑啉菌酯悬浮剂 pyraclostrobin 25% SC	0.002	5±0.0	100.0 a
37%苯醚甲环唑水分散粒剂 difenoconazole 37% WG	0.003	5±0.0	100.0 a
80%乙蒜素乳油 ethylicin 80% EC	0.002	5±0.0	100.0 a
8%宁南霉素水剂 ningnanmycin 8% AS	0.0005	23±0.2	73.9 b
100 万孢子/克寡雄腐霉菌可湿性粉剂 Pythiumoligandrum 1 million spores/g WP	0.006	24±0.3	72.5 b
40%百菌清悬浮剂 chlorothalonil 40% SC	0.006	37±0.8	53.6 c
15%三唑酮可湿性粉剂 triadimefon 15% WP	0.0008	54±0.2	29.0 d
80%甲基硫菌灵水分散粒剂 thiophanate-methyl 80% WG	0.001	61±1.2	18.8 e
1%蛇床子素水乳剂 Osthole 1% EW	0.002	62±0.2	17.4 f
6%春雷霉素可湿性粉剂 kasugamycin 6% WP	0.001	66±0.6	11.6 g
0.3%丁子香酚可溶液剂 eugenol 0.3% SL	0.001	68±0.8	8.7 g
30%恶霉灵水剂 hymexazol 30% AS	0.0015	73±0.2	1.4 h
无菌水处理对照 CK		74	—

注:菌落的直径为平均±标准差。同列数据后不同字母表示经 Duncan's 新复极差法检验在 P<0.05 水平差异显著。

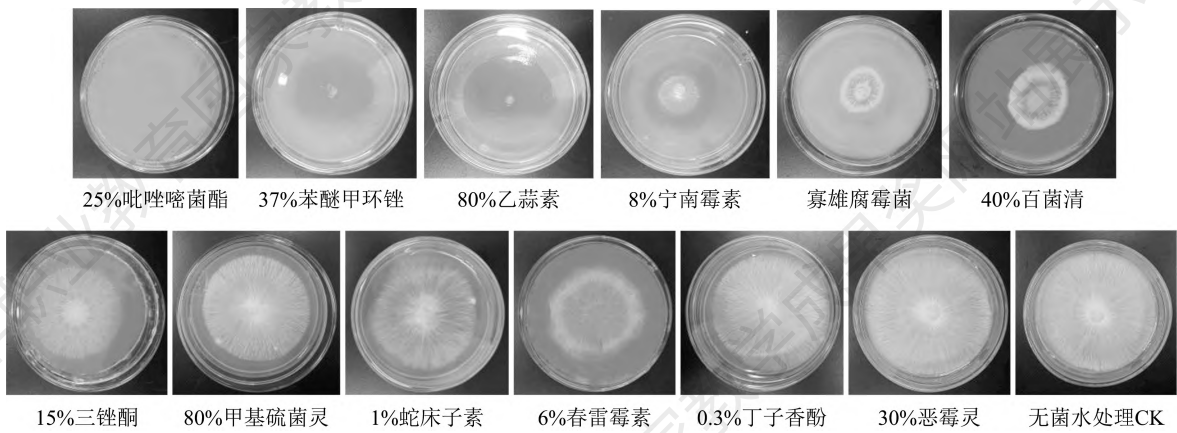


图 10 12 种药剂对菌株菌丝生长的影响

通过表 4 可知,在对炭疽病病原菌的室内平板药剂筛选试验中发现,80%乙蒜素乳油 2000 倍液、37%苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液的抑制率均达到 100%,抑制效果最好。100 万孢子/克寡雄腐霉菌可湿性粉剂、0.3%丁子香酚可溶液剂 1000 倍液、25%吡唑啉菌酯 2000 倍液的抑制率分别为 87.9%、84.8%、81.8%,抑制效果较好。其次分别为 80%甲基硫菌灵水分散粒剂 1000 倍液、8%宁南霉素水剂 2000 倍液、40%百菌清悬浮剂 500 倍液、30%恶霉灵水剂 1500 倍液、6%春雷霉素可湿性粉剂 1000 倍液、1%蛇床子素水乳剂 2000 倍液、15%三唑酮可湿性粉剂 800 倍液,抑制效果较差(图 11)。

表 4 12 种杀菌剂对(炭疽菌)菌丝生长的抑制作用

供试药剂 Fungicide	浓度(ppm) concentration	菌落平均直径/mm Average colony diameter	抑菌率/% Inhibitory ratio
80%乙蒜素乳油 ethylicin 80% EC	0.002	5±0.0	100.0
37%苯醚甲环唑水分散粒剂 difenoconazole 37% WG	0.003	5±0.0	100.0
100 万孢子/克寡雄腐霉菌 Pythiumoligandrum 1 million spores/g WP	0.006	9±0.6	87.9
0.3%丁子香酚可溶液剂 eugenol 0.3% SL	0.001	10±0.4	84.8
25%吡唑啉菌酯悬浮剂 pyraclostrobin 25% SC	0.002	11±0.8	81.8
80%甲基硫菌灵水分散粒剂 thiophanate-methyl 80% WG	0.001	16±0.2	66.7
8%宁南霉素水剂 ningnanmycin 8% AS	0.002	21±0.8	51.5
40%百菌清悬浮剂 chlorothalonil 40% SC	0.0005	22±0.0	48.5
30%恶霉灵水剂 hymexazol 30% AS	0.0015	27±1.2	33.3
6%春雷霉素可湿性粉剂 kasugamycin 6% WP	0.001	33±0.0	15.2
1%蛇床子素 水乳剂 Osthole 1% EW	0.002	35±0.8	9.1
15%三唑酮可湿性粉剂 triadimefon 15% WP	0.0008	36±0.2	6.1
无菌水处理对照 CK		38	—

注:菌落的直径为平均±标准差。同列数据后不同字母表示经 Duncan’s 新复极差法检验在 P<0.05 水平差异显著。

3 讨论

本研究通过调研六安市霍山县霍山石斛白绢病和炭疽病的发病状况,并对这 2 种真菌病害的病原菌进行分离纯化和形态学观察,通过多基因序列分析,明确引起霍山县霍山石斛炭疽病的病原菌为胶孢炭疽菌复合种下的 *C. cameliae*,引起霍山石斛白绢病的病原菌为齐整小核菌 *S. rolfsii* Sacc. 的有性态罗氏阿太菌 *A. rolfsii*,2 种病原菌在石斛上发现均属

首次报道。虽然病原确定为齐整小核菌,系统发育树也显示能跟其他的齐整小核菌聚在一个分支,但是遗传距离相对较远,可能是因为霍山地处大别山山区,有独特的山区小环境,让齐整小核菌出现一定的变异,这部分将在后续实验中证明。

针对霍山石斛白绢病和炭疽病的防治,本研究试验了 12 种生物农药对霍山石斛白绢病和炭疽病病原菌的抑菌效果,试验结果显示 25%吡唑啉菌酯悬浮

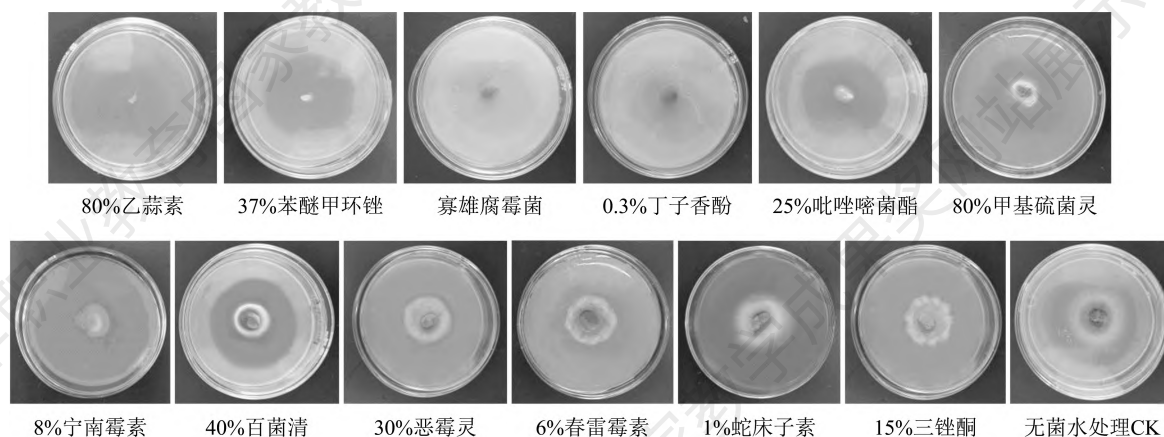


图 11 12 种药剂对菌株菌丝生长的影响

剂 2000 倍液、37% 苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液、80% 乙蒜素乳油 2000 倍液均对白绢病病原菌丝的抑制效果达到 100%，37% 苯醚甲环唑水分散粒剂 3000 倍液、80% 乙蒜素乳油 2000 倍液对炭疽病病原菌丝的抑制效果达到 100%。本实验结果可作为田间防治霍山石斛白绢病和炭疽病的候选药剂，但田间使用效果及用量等还需进行进一步的研究。同时，在栽培过程中应加强田间管理，注重预防，发病后及时进行科学防控，这样才能减少因病害造成的损失。本研究为霍山石斛防控药剂的选择提供了理论基础，为霍山石斛病害的绿色防控提供了帮助，保障了霍山石斛的品质。

参考文献：

- [1] CHEN X M, WANG F F, WANG Y Q, et al. Discrimination of the Rare Medicinal Plant *Dendrobium Officinale* based on Naringenin, Bibenzyl and Polysaccharides[J]. *Science China(Life Sciences)*, 2012(12): 1092-1099.
- [2] 邵华, 张玲琪, 李俊梅, 等. 铁皮石斛研究进展[J]. *中草药*, 2004(1): 113-116.
- [3] 龚庆芳, 周浩, 王新桂, 等. 7 种石斛多糖质量分数的测定及单糖组成分析[J]. *食品科技*, 2013, 38(3): 172-175.
- [4] 鲍丽娟. 四种石斛抗肿瘤活性的研究[D]. 合肥: 合肥工业大学(硕士学位论文), 2007.
- [5] 贡小辉. 霍山石斛与霍山产铁皮石斛化学成分及抗氧化活性初步研究[D]. 镇江: 江苏大学(硕士学位论文), 2019.
- [6] 韩荣春, 刘路路, 刘峻麟, 等. 霍山石斛 GDP-甘露糖焦磷酸化酶基因克隆及表达分析[J]. *中国中药杂志*, 2019, 44(8): 1552.
- [7] 周则刚, 杨静. 霍山石斛组培快繁技术研究[J]. *现代园艺*, 2015(24): 12-13.
- [8] 王国荣, 沈伟东, 孙超, 等. 铁皮石斛茎基部 2 种主要病害病原菌的分离与鉴定[J]. *植物保护*, 2017, 43(1): 168-172.
- [9] 王连平, 方丽, 谢昀华, 等. 铁皮石斛灰霉病病原学初步研究[J]. *浙江农业科学*, 2017, 58(6): 990-992.
- [10] 游景茂, 郭杰, 李哲, 等. 铁皮石斛灰霉病病原分离鉴定及防治[J]. *中国中药杂志*, 2019, 44(18): 3954-3959.
- [11] 李海明, 林江波, 王伟英, 等. 铁皮石斛白绢病菌的分离鉴定与抑菌药剂筛选[J]. *福建农业学报*, 2015, 30(9): 901-904.
- [12] 赵桂华, 刘国华, 赵楠. 中国铁皮石斛茎腐病的病原鉴定[J]. *江苏农业学报*, 2016, 32(4): 780-785.
- [13] 赵桂华, 赵楠. 铁皮石斛叶斑病新病原——黑线炭疽菌的分离鉴定及致病性测定[J]. *西部林业科学*, 2016, 45(3): 20-25.
- [14] 沈伟东, 赵玲琳, 王国荣, 等. 铁皮石斛轮纹病病原菌鉴定及其防治药剂筛选[J]. *植物保护学报*, 2018, 45(4): 886-892.
- [15] 李梅蓉, 陈兴全, 郑亚强, 等. 铁皮石斛圆斑病病原菌鉴定及其生防菌筛选[J]. *植物医生*, 2020, 33(2): 28-36.
- [16] 赵玲琳, 王国荣, 沈伟东, 等. 铁皮石斛炭疽病病原菌的分离鉴定及其有效杀菌剂的筛选[J]. *植物保护*, 2018, 44(6): 185-190.
- [17] 陈弟, 李可增, 吴琮, 等. 火龙果根际土壤微生物 2 种 DNA 提取方法的比较[J]. *热带生物学报*, 2019, 10(2): 184-189.
- [18] LIU F, WEIR B S, DAMM U, et al. Unravelling Colletotrichum Species Associated with Camellia: Employing ApMat and GS Loci to Resolve Species in the *C. Gloeosporioides* Complex[J]. *Persoonia*, 2015, 35(1): 63-86.

(下转第 46 页)

大别山石斛外植体的选择与组织培养技术研究

任启闯 (六安职业技术学院建筑系, 安徽 六安 237158)

[摘要] 以大别山石斛 [*Dendrobium dabieshanense* (C. Z. Tang et S. J. Cheng)] 为材料, 探讨了不同外植体、培养基中不同的生长素配比、不同成分的大量元素及部分微量元素含量对不定芽分化和试管苗生根的影响。结果表明, 适宜大别山石斛组培的外植体是种子, 其次是茎; 不定芽增殖的适宜培养基是 1/2MS + 马铃薯汁 10g/L + IBA 0.1mg/L + 琼脂 8g/L + 蔗糖 30g/L, pH5.6; 试管苗生根的适宜培养基是 1/2MS + 香蕉汁 5g/L + IBA 0.2mg/L + 琼脂 8g/L + 蔗糖 30g/L, pH5.6。

[关键词] 大别山石斛 [*Dendrobium dabieshanense* (C. Z. Tang et S. J. Cheng)]; 外植体; 组织培养

[中图分类号] Q813.1⁺2

[文献标识码] A

[文章编号] 1673-1409 (2014) 11-0035-04

大别山石斛 [*Dendrobium dabieshanense* (C. Z. Tang et S. J. Cheng)] 属兰科石斛属。为多年生草本植物, 喜温暖湿润的半阴环境, 不耐寒。生长适宜温 18~28℃, 生长期以 16~30℃ 更为合适, 休眠期温度 12~16℃。忌干燥、怕积水。是常用中药材, 含有多种生物碱、多糖、抗癌菲, 具有抗肿瘤、增强机体免疫力等作用^[2]。因为具有很好的保健作用, 是《本草纲目》上的九大仙草之一, 素有“中华仙草”之美称, 被国际医疗植物界誉为“植物大熊猫”^[2]。因具有免疫调节、延缓衰老等功效, 是数十种中医及保健品的必需原料, 目前市场的需求量很大。长期以来, 野生石斛繁殖率低, 特别是种子繁殖, 在自然的状态下不到 5%, 再加上所需的生长环境特殊, 人工的大量挖掘, 目前自然的野生大别山石斛已经极少, 因此应用组织培养的方法快速繁殖大别山石斛就成为人们普遍关注的焦点^[3]。

1 材料与方法

1.1 材料

某公司种植园内的野生大别山石斛、MS 基本培养基、马铃薯汁、琼脂、香蕉汁、蔗糖等。

1.2 方法

1.2.1 不同外植体对不定芽分化的影响试验

分别取大别山石斛种子、茎、叶片、花梗, 经过多次处理 (特别是种子), 即先用 70% 的乙醇消毒 40s 后, 再用 0.1% 的升汞消毒 3min, 再用无菌水冲洗 4~5 次。处理后, 分别接种在含有相同激素的培养基上培养。每 48h 观察 1 次, 40d 后对分化率进行统计分析。

1.2.2 不同生长素对不定芽分化的影响试验

将大别山石斛的外植体 (种子) 分别接种到含有 2, 4-D、IAA、NAA、IBA 的培养基上, 生长素浓度为 0.1mg/L。培养 40d 后统计不定芽分化率, 分析最适宜的生长素种类和浓度。

1.2.3 不同大量元素对不定芽分化的影响试验

将大别山石斛的外植体 (种子) 分别接种到含有大量元素的 MS、1/4MS、1/2MS 的培养基上, 40d 后统计分化率, 找出最适宜的大量元素培养基。

1.2.4 2, 4-D、IBA、IAA、NAA 对生根的影响试验

采用 4 因素 3 水平正交设计 (表 1)^[3]。每试剂瓶接种 1 个约 2.3cm 长的幼芽, 每个处理接种 18

[收稿日期] 2013-12-03

[基金项目] 安徽省省级质量工程 (园林技术省级特色专业) 项目 (皖教高 [2011] 5 号)。

[作者简介] 任启闯 (1968-), 男, 硕士, 讲师、园林工程师, 主要从事园林花卉组培与园林规划设计研究。

瓶, 重复 3 次, 40d 后统计根长、根数和生根率。

表 1 正交试验因素水平表

序号	基本培养基	NAA/(mg/L)	IBA/(mg/L)	2,4-D/(mg/L)	IAA/(mg/L)
1	1/4MS	0.0	0.0	0.0	0.0
2	1/4MS	0.2	0.3	0.2	0.3
3	1/4MS	0.1	0.1	0.1	0.1
4	1/2MS	0.0	0.0	0.0	0.0
5	1/2MS	0.2	0.3	0.2	0.3
6	1/2MS	0.1	0.1	0.1	0.1
7	MS	0.0	0.0	0.0	0.0
8	MS	0.2	0.3	0.2	0.3
9	MS	0.1	0.1	0.1	0.1

1.2.5 不定芽增殖的适宜培养基选择

在 不定芽分化试验中, 在培养基中分别添加 5、10、15、20g/L 的马铃薯汁与没有添加的进行对比试验, 以选择培养基中更适合不定芽分化的马铃薯汁添加浓度; 在培养基中分别添加 6、8、10、12g/L 的琼脂与没有添加的进行对比试验, 以选择培养基中更适合不定芽分化的琼脂添加浓度; 在培养基中分别添加不同含量的食糖进行对比试验, 以选择对不定芽的分化作用效果明显的食糖浓度; 对于 pH, 参照文献 [1] 分别采用 pH5.4、5.6、5.8、7.0 的培养基, 选择作用效果最好的 pH。根据上述试验结果最后进行综合试验, 确定培养基中最有利不定芽分化的各成分浓度。

1.2.6 试管苗生根的适宜培养基选择

在上述试验所得的 1/2MS + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L, pH5.6 的基础上, 参照文献 [3] 不使用马铃薯汁, 而换成 3、5、10g/L 的香蕉汁与没有添加的进行对比试验, 同时与添加相同浓度的马铃薯汁进行对比试验, 以选择生根培养基中香蕉汁的最适添加浓度。根据上述试验结果最后进行综合试验, 确定培养基中最有利试管苗生根的各成分浓度。

2 结果与分析

2.1 不同外植体对不定芽分化率的影响

在其他条件一致的情况下, 采用不同的外植体 (种子、茎、叶片、花梗), 接种在培养基上, 观察不定芽的分化。结果表明, 经过处理的种子在 25d 后分化出芽, 分化率较高; 茎在 20d 后四周膨大, 形成愈伤组织并分化出芽; 叶片在 35d 才开始有所反应; 花梗在 26d 后四周膨大, 有愈伤组织形成, 并开始分化出芽。经过 40d 培养后, 各处理批的出芽统计结果显示: 在自然状态下很难发芽的种子, 在培养基上出芽率最高; 茎次之; 叶片最差。说明不同的外植体在 不定芽分化率上差异极显著 (表 2)。

2.2 不同种类生长素对不定芽分化率的影响

在其他条件一致的情况下, 将外植体接种在含有不同的生长素 (2,4-D、IAA、NAA、IBA) 的培养基上, 经过 40d 培养后, 各处理批的出芽统计结果显示: 0.1mg/L IBA 作用于外植体对不定芽的分化效果最好, 分化率为 85%。2,4-D 次之, 分化率为 65% (表 3)。

表 2 不同外植体下的不定芽分化率

外植体	接种块数	芽分化的块数	分化率/%
花梗	40	10	25.00aA
种子	40	39	97.50bAB
茎	40	21	52.50cBC
叶片	40	4	10.00cC

注: 同列数据后不同小写字母表示 0.05 水平上差异显著, 不同大写字母表示 0.01 水平上差异极显著, 表 2~4 同。

表 3 不同生长素下的不定芽分化率

生长素	接种块数	芽分化的块数	分化率/%
IBA	40	34	85.00aA
2,4-D	40	26	65.00bB
NAA	40	15	37.50cC
IAA	40	11	27.50dD

2.3 不同大量元素对不定芽分化率的影响

在其他条件一致的情况下，采用不同大量元素含量的培养基进行分组接种试验，经过 40d 培养后，各处理批的出芽统计结果显示：在 1/2MS 培养基上的出芽率最高，达到 90%，而且数量很多。在 MS 培养基上的出芽率最低，只有 40%，差异达到极显著水平（表 4）。由此可知，大别山石斛在含有大量元素 1/2MS 培养基上更加适合不定芽分化。

表 4 不同大量元素含量下的不定芽分化率

生长素	接种块数	芽分化的块数	分化率/%
MS	40	16	40.00C
1/4MS	40	21	52.50B
1/2MS	40	36	90.00A

2.4 IBA、2，4-D、IAA、NAA 对外植体生根的影响

IBA、2，4-D、IAA、NAA 对外植体生根的影响试验结果见表 5。从表 5 可知，第 3 处理批生根率最高，达到 100%；而第 2 处理批次之，达到 70%；最低的是第 9 处理批，只有 20%。从平均生根数来分析，第 2 处理批最多，达到 12.52 条；第二的是第 6 处理批，达到 7.38 条；最差的是第 8 处理批，只有 2.25 条。从生根的平均长度来分析，第 5 处理批最长，5.18cm；第 9 处理批最短，只有 1.62 cm。由此结果可知，不同种类的生长素及不同的浓度对外植体生根的作用是不一样的，以 IBA 0.2mg/L 最佳。

表 5 生根指标数据分析统计

序号	接种数/株	生根数/株	生根率/%	根长/cm	根数/条
1	40	26	65.00	2.48	6.25
2	40	28	70.00	3.32	12.52
3	40	40	100.00	2.54	7.15
4	40	17	42.50	4.26	5.23
5	40	20	50.00	5.18	4.27
6	40	25	62.50	2.27	7.38
7	40	12	30.00	2.07	3.51
8	40	14	35.00	1.62	2.25
9	40	8	20.00	1.51	2.42

注：表中根长、生根数均为 3 次重复试验的平均值。

2.5 不定芽增殖的适宜培养基选择

上述试验结果表明，1/2MS 更加适合不定芽分化；0.1mg/LIBA 作用于外植体对不定芽的分化效果好。在不定芽分化的比较试验中，分别发现添加 10g/L 的马铃薯汁、添加 8g/L 的琼脂、添加 30g/L 的食糖和 pH5.6 的培养基对不定芽的分化作用效果最好。综合上述试验结果最后进行综合试验，确定不定芽增殖的适宜培养基为：1/2MS + 马铃薯汁 10g/L + IBA0.1mg/L + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L，pH5.6；

2.6 试管苗生根的适宜培养基选择

由 2.4 可知激素用 IBA 0.2mg/L 最佳；在上述试验确定的 1/2MS + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L，pH5.6 的基础上，采用 3、5、10g/L 的香蕉汁与没有添加的进行对比，同时与添加相同浓度的马铃薯汁进行对比，结果显示添加香蕉汁 5g/L 对试管苗生根作用效果明显。综合上述试验结果最后进行综合试验，确定最有利试管苗生根的培养基为：1/2MS + 香蕉汁 5g/L + IBA0.2mg/L + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L，pH5.6。

3 结论与讨论

从遗传学的角度看，植物细胞具有全能性，组织培养取任何部分的外植体都可以在一定的条件下培养成植株。但本研究结果表明：在自然界很难萌发的大别山石斛种子，在组织培养的条件下，发芽率在 95% 以上，其次是茎，而叶片诱导效果最差。

经过不同成分的对比试验和最后的综合试验确定，不定芽增殖的适宜培养基为：1/2MS + 马铃薯

汁 10g/L + IBA 0.1mg/L + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L, pH 5.6; 最有利试管苗生根的培养基为: 1/2MS + 香蕉汁 5g/L + IBA 0.2mg/L + 琼脂 8g/L + 食糖 30g/L, pH 5.6。

[参考文献]

- [1] 傅玉兰, 谷凤. 霍山石斛组培快繁殖技术研究 [J]. 安徽农业科学, 2004, 32 (3): 305-306.
- [2] 金青, 马绍望, 洪萨丽, 等. 霍山石斛原球茎的诱导及培养方式对原球茎增殖的影响 [J]. 安徽农业大学学报, 2008, (2): 45-46.
- [3] 白美发, 黄敏. 铁皮石斛组培技术研究 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36 (36): 15802-15803.
- [4] 郑宽瑜, 邓君浪. 铁皮石斛组培快繁技术体系研究 [J]. 云南农业科技, 2009, (增刊): 57-58.
- [5] 戴小英, 张淑霞. 铁皮石斛不同外植体组培快繁技术比较研究 [J]. 中国农学通报, 2011, 27 (10): 122-126.
- [6] 江建铭, 俞旭平. 金线莲组培快繁技术研究 [J]. 时珍国医国药, 2009, 20 (2): 408-409.
- [7] 黄天伟, 李伟, 李明, 等. 二色胡枝子组培再生体系优化的研究 [J]. 河北林果研究, 2009, 24 (2): 117-118.

(上接第 34 页)

- [41] 许国焕, 梁友光, 吴月嫦, 等. 酵母葡聚糖对南美白对虾免疫功能的影响 [J]. 饲料工业, 2003, 24 (10): 53-54.
- [42] 陈乃松, 魏涛涛, 廖奕招. 蝇蛆粉和 β -葡聚糖对凡纳滨对虾生长和免疫的影响 [J]. 水产学报, 2007, 31 (6): 771-777.
- [43] 刘栋辉, 阳会军, 刘永坚. β -葡聚糖和维生素 C 对斑节对虾生长和抗病力的效果 [J]. 中山大学学报, 2002, 41 (4): 59-62.
- [44] Stolen J S, Fletcher T C. Modulators of fish immune responses [M]. Fair Haven, N J: SOS Publication, 1994: 83-89.
- [45] 迟淑艳, 周歧存, 周健斌, 等. β -葡聚糖对奥尼罗非鱼生长性能及抗嗜水气单胞菌感染的影响 [J]. 中国水产科学, 2006, 13 (5): 767-774.
- [46] Engstad R E, Robertsen B. Specificity of a β -glucan receptor on macrophages from Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) [J]. Developmental and Comparative Immunology, 1994, 18: 397-408.
- [47] Couso N, Castro R, Magarin B, et al. Effect of oral administration of glucans on the resistance of gilthead seabream to pasteurellosis [J]. Aquaculture, 2003, 219: 99-109.
- [48] Kim J D, Woo S H, KIM Y C, et al. The effects of yeast β -glucan in the diet on immune response of Japanese eel (*Anguilla japonica*) by oral administration [J]. J Fish Pathol, 2008, 21: 219-228.
- [49] 王新霞, 谭北平, 麦康森, 等. β -葡聚糖在中国对虾 (*Penaeus chinensis*) 育苗中的应用 [J]. 高技术通讯, 2004, (4): 71-75.
- [50] Song Y L, Liu J J, Chan L C, et al. Glucan induced diseases resistance in tiger shrimp (*Penaeus monodon*) [A]. Gudding R, Lillehaug A, Midtlyng P J, et al. Fish Vaccinology [C]. Basel: Karger, 1997: 413-421.
- [51] Sung H H, Kou G H, Song Y L. Vibriosis resistance induced by glucan treatment in tiger shrimp (*Penaeus monodon*) [J]. Fish Pathol, 1994, 29: 11-17.
- [52] 阳会军, 谭北平, 方怀义. 饲料中添加不同水平 β -葡聚糖对斑节对虾生长、存活及其抗病力的影响 [J]. 饲料工业, 2001, 22 (9): 18-19.
- [53] 陈云波, 周洪琪, 华雪铭, 等. 饲料中添加葡聚糖对南美白对虾的生长、存活及饲料系数的影响 [J]. 淡水渔业, 2002, 32 (5): 55-56.
- [54] 刘立鹤, 郑石轩, 谭斌, 等. 不同饲料配方下 β -葡聚糖对凡纳滨对虾生长性能、非特异性免疫力的影响及成本分析 [J]. 饲料工业, 2005, 26 (8): 26-30.
- [55] 朱雨蕾, 尹军霞, 沈国娟. 乳酸杆菌和 β -葡聚糖合用对鲫鱼消化酶活性的影响 [J]. 水产科学, 2011, 30 (2): 98-101.
- [56] 季高华, 刘至治, 冷向军. 饲料中添加葡聚糖和低聚果糖对中华鳖幼鳖生长和血清 SOD、溶菌酶活力的影响 [J]. 上海水产大学学报, 2004, 13 (1): 36-40.

are also many problems. In order to effectively solve problems of the forest park in the development process, the lack of special resources and other issues, tourism activities proposed to implement sustainable development of forest parks measures accordingly were put forward.

Key words: ecotourism; sustainable development; Weishui National Forest Park

025 Homology Modeling and Analysis of Tertiary Structure of Domestic Goose's Cytochrome b Protein

CHENG Yan-rong (Department of Life and Environmental Science, Huangshan College, Huangshan, Anhui 245041, China)

WANG Ji-wen (College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China)

Abstract: In order to study the functions of mitochondrial cytochrome b (Cyt b) of domestic goose in the electron transport chain, the Cyt b gene of 15 breed of Chinese goose (*Anser cygnoides* Linn) and 2 breed of domestic European goose (*Anser anser* Linn) were sequenced. The amino acid sequences were deduced. The tertiary structure of Cyt b was predicted using homology modeling. The results showed that the model contains 8 big transmembrane α -helices, 4 shorter helices, 2 smaller β -sheets, the 8 big helices are linked together to end with 4 long loops and 3 variable regions. Electrostatic potential on the surface of Cyt b protein is much higher than in the interior, there were 2 cavities in its molecular surface, one big and the other a bit smaller. 2 domains were obtained by blast search in NCBI, named CytB_N, CytB_C respectively, 4 active sites, the binding sites of bL, bH, Qi, Qo, were located in predicting structure of Cyt b preliminarily.

Key words: Domestic goose (*Anser domestica*); cytochrome b; homologous modeling; tertiary structure; active site

035 Research on the Explants Selection and Tissue Culture Technology of Caulis Dendrobe from Dabie Mountain

REN Qi-chuang (Architecture Department, Liu'an Vocational and Technical College, Liu'an, Anhui 237158, China)

Abstract: Choosing the dendrobe [*Dendrobium dabieshanense* (C. Z. Tang et S. J. Cheng)] from Dabie Mountain as the experimental material, the effect on the adventitious bud differentiation and rooting of plantlet in test tube of different explants, different medium contains different match of various auxin, various major elements and contents of some microelements by the above different media were studied. The results indicated that the seed was more suitable explant of Dabie Mountain dendrobe, and the secondly suitable explant was the stem; the suitable medium for adventitious bud proliferation was 1/2MS + potato juice 10g/L + IBA 0.1mg/L + agar 8g/L + sugar 30g/L, pH5.6; the suitable medium for rooting of plantlet in test tube was 1/2MS + banana juice 5g/L + IBA 0.1mg/L + agar 8g/L + sugar 30g/L, pH5.6.

Key words: Dabie Mountain dendrobe [*Dendrobium dabieshanense* (C. Z. Tang et S. J. Cheng)]; explants; tissue culture

霍山产三种石斛叶中差异蛋白的比较研究

张杰瑜, 余茂耘, 周 瑜

摘 要:本试验通过图谱比对方法,研究霍山产的霍山石斛、铜皮石斛、铁皮石斛三种石斛相同生长阶段的叶片中差异蛋白质的含量差异,为霍山石斛综合开发利用提供参考。三种石斛叶片蛋白质的提取采用 TCA-丙酮法,通过考马斯亮蓝(G-250)染色法和 SDS-PAGE 电泳法进行试验操作,得出所显示的图谱进行显微比对。结果表明为三种石斛在普通蛋白质和糖蛋白种类上基本无差异,在普通蛋白和糖蛋白质含量上也无较大差异。

关键词:霍山石斛;差异蛋白;凝胶电泳;比较研究

中图分类号:Q946 **文献标识码:**A **文章编号:**1673-1794(2021)05-0001-04

作者简介:张杰瑜,六安职业技术学院城市建设学院副教授,硕士,研究方向:中草药资源与栽培研究和农业推广;通信作者:余茂耘,安徽同济生生物科技有限公司高级实验师;周瑜,皖西学院生物与制药工程学院(安徽 六安 237000)。

基金项目:安徽省教育厅重点项目“霍山石斛抗体蛋白检测试剂盒的研制”(KJ2019A0625)

收稿日期:2021-06-10

石斛属(*Dendrobium*)属于兰科多年生草本单子叶植物,是兰科众多属中的第二大属,在历史上即为名贵药材。石斛在全球约有 1500 多种,我国石斛主要分布在安徽、广东、广西、四川、云南等地区,种类数目共约有 76 种^[1]。《神农本草经》就有关于霍山石斛的明文记载“味甘、平。主伤中,除痹,下气,补五脏虚劳羸弱,强阴,久服厚肠胃”。《范子计然》中记载“石斛,出六安”。霍山石斛被历代医家列为上品,具备医治口干烦渴,筋骨痿软,阴虚火旺等疗效。众多种石斛中,以道地产区地名收载的霍山石斛更是被古代医家称为“九大仙草”之首,在历代各种医家所著的医书中记载:霍山石斛滋阴功效甚佳^[2]。霍山产石斛可大体分为三个种类,分别为霍山石斛(又称米斛)、铜皮石斛、铁皮石斛,这三种石斛比较,以米斛品质、药效最优。

霍山石斛(*Dendrobium huoshanense*),是一种珍稀道地中药材。霍山石斛味道轻微甘甜、咀嚼会有些粘牙,且咀嚼最后无纤维,在众石斛品种中品质上佳,且有药性微寒的特点。因此,刚采摘或加工后的霍山石斛为石斛类药材中的极品^[3]。其晒干后的茎可加工成为中药材(霍枫斗),刚采摘的石斛均可入药。生长性状为茎直立,绿色,干后淡黄色,叶片质地表现为革质,斜生于茎上部,形似舌状长圆形,花期在 5 月份上下。铜皮石斛

(*Dendrobium moniliforme*),俗称细黄草,品质次于霍山米斛,生长性状类似铁皮石斛,茎比米斛粗壮,高 30cm~40cm,叶淡紫色,形似长圆状披针形,花期 7 月。铁皮石斛(*Dendrobium officinale*),属补阴药,对于一些热病津伤,口干烦渴患者疗效甚佳,又可用于食少干呕,骨蒸劳热等症状,在药效上次于铜皮石斛,叶片质地为纸质,形似长圆状披针形,叶淡紫色,但颜色比铜皮石斛略深,花期 3~6 月。综上所述,三种石斛在生长性状、治疗功效、花期都存在差别。

目前,对霍山石斛的研究主要集中在茎叶所含物质的化学成分、药理作用、保健功能和快速繁育方面,药理作用、保健功能多采取动物生化实验。如侯燕等研究霍山石斛对肾阴虚小鼠血清白细胞介素-2(IL-2)、IL-6 及抗氧化作用^[4],Shu W.等探讨霍山石斛的多糖成分对体外抗氧化作用^[5]。对于其他种类石斛中多糖及生物碱的研究也颇多^[6-7],但对霍山石斛的叶中蛋白质的研究还未见报道。所以本课题将霍山产三种石斛(米斛、铜皮石斛、铁皮石斛)叶中蛋白质作为研究对象,采用考马斯亮蓝(G-250)染色法^[8]和 SDS-PAGE 电泳法^[9]比较其叶中蛋白的差异性,旨在为霍山石斛叶蛋白表达差异的研究填补空白,为霍山产三种石斛在叶中蛋白质的药用价值或临床应用价值的开发和利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 仪器设备

4种同型号的移液枪(20 μ L、50 μ L、200 μ L、1000 μ L)、小型高速离心机(13000r/min)、摇床、胶板、电泳槽、电泳仪、Eppendorf管、烧杯、研钵、分析天平等。

表1 主要设备仪器生产厂家

仪器名称	生产厂家
移液枪	北京隆普奇仪器设备有限公司
小型高速离心机	上海继谱电子科技有限公司
摇床	无锡玛瑞特科技有限公司
胶板	无锡玛瑞特科技有限公司
电泳槽	北京海天友诚科技有限公司
电泳仪	南京贝登医疗股份有限公司
Eppendorf管	北京海天友诚科技有限公司
分析天平	上海仪天科学仪器有限公司

1.2 材料与试剂

试验材料:采集生长3年的霍山米斛、霍山铜皮石斛、霍山铁皮石斛相同生长状态的不同部位叶,采集后清洗干净用吸水纸吸去叶表水分,保存在棕色瓶内备用。

试剂(未经标注皆为纯品):丙烯酰胺、Tris、HCl(浓度为11.6mol/L)、SDS、冰乙酸、过硫酸铵、甘氨酸、溴酚蓝、甘油、2-巯基乙醇、甲醇、考马斯亮蓝、高碘酸、品红、TEMED、偏重亚硫酸钠、活性炭、三氯乙酸、蒸馏水等。

SDS-PAGE试剂配制:

A: 30% 丙烯酸胺:将280g 丙烯酸胺加入100ml 大烧杯中加少量蒸馏水溶解,再加10g N, N'-亚甲双丙烯酰胺于1000mL 大烧杯中溶解后用蒸馏水定容至1000mL。

B: 1.0 mol/L Tris-HCl (pH 6.8): 60.5g Tris,用HCl(浓度为11.6mol/L)调pH至6.8,蒸馏水定容至500mL。

C: 1.5 mol/L Tris-HCl (pH 8.8): 90.75g Tris-HCl(浓度为11.6mol/L)22mL,蒸馏水定容至500mL。

D: 10% 过硫酸胺:0.5g 过硫酸胺,蒸馏水定容至5mL(现用现配)。

E: 10% SDS:5g SDS,蒸馏水定容至50mL。

F: TEMED 催化剂(用纯品)。

G: 2 $\times$ 上样缓冲液:20mL Tris-HCl (pH 6.8),2.78mL 2-巯基乙醇,8g SDS,0.4g 溴酚蓝,

40mL 甘油,蒸馏水定容至200mL。

H: 电泳缓冲液(5 $\times$ buffer):7.55g Tris,36g Gly,2.5g SDS,蒸馏水定容至500mL。

I: 考马斯亮蓝(G-250)染色液:450mL 甲醇,50mL 冰乙酸,1.3g 考马斯亮蓝 R250,定容至500mL。

J: 脱色液:300mL 甲醇,100mL 冰乙酸,600mL 水,定容至1000mL。

K: 10% TCA 试剂(三氯乙酸):100g TCA 用蒸馏水定容至1000mL。

L: 1% 高碘酸水溶液:5g 高碘酸用蒸馏水定容至500mL。

M: 1% 亚硫酸氢钠水溶液:10g 亚硫酸氢钠用蒸馏水定容至1000mL。

N: schiff 试剂:将3g 碱性品红于烧杯中在沸水浴上水浴加热5min,从水浴锅中取出冷却至室温后再加入50 mL 2M HCL 和 7.5g 偏重亚硫酸钠,蒸馏水定容至1000mL,室温避光搁置24h后再加入3g 活性炭进行脱色处理,振摇1min后待溶液无色时用粗滤纸过滤到棕色试剂瓶于4 $^{\circ}$ C冰箱中备用。

1.3 实验方法

1.3.1 安装电泳槽

①将电泳槽两端的储液框的固定螺丝拧松。

②将两边的贮液框的玻璃片分离,再进行洗涤、擦干。然后用无水乙醇擦拭一遍,组成贮液框的玻璃片。

③将两组玻璃片,一个带有凹型的和一个完整的组合,将组合好的贮液框安装到贮液槽框架上,要求其下边缘与贮液槽下边缘对齐,然后旋紧螺丝。

④拿另一个贮液槽与已经安装好一个贮液槽的框架结合,安装要求与第一个相同,并且要求两片玻璃贮液槽的凸出线都面向中间的地方。

⑤旋紧贮液槽两边的螺丝,将整个装置竖起。

⑥使劲按压整个结构使之与下面的橡胶垫充分贴合防止漏胶,然后旋紧下面的螺丝再对贮液槽进行检漏。

⑦检漏结束后等待制胶备用。

1.3.2 制胶

①配制分离胶。

在50ml 小烧杯中分别加入11.88ml 双蒸水、14.4ml 30% 丙烯酸胺、9.0ml 的1.5 M Tris-HCl (pH 8.8)、0.36ml 的10% 十二烷基硫酸钠,搅拌均匀,加入0.36 ml 的10% 过硫酸铵和0.015ml 的

TEMED,搅拌均匀,迅速将其加入胶板至离板口 3 cm 处,加入 1ml 异丙醇。等待大约 30min 分离胶凝固,倒出异丙醇。

②配制浓缩胶。

在 50ml 小烧杯中分别加入 6.5ml 双蒸水、2ml 的 30% 丙烯酰胺、1.25ml 的 1.0 M Tris-HCl (pH 6.8)、0.1ml 的 10% 十二烷基硫酸钠,搅拌均匀,加入 0.1ml 的 10% 过硫酸铵和 0.01ml 的 TEMED,搅拌均匀,迅速加入胶板至板口,插入塞子,待胶凝固。

1.3.3 提取蛋白

称取样品。在分析天平上分别称取霍山米斛叶 0.5g、霍山铜皮石斛叶 0.5g、霍山铁皮石斛叶 0.5g。

提取蛋白。将称量好的霍山产三种石斛的叶分别放入研钵中,用 1000 μ L 移液枪分两次每次 800 μ L 加入 2 $\times$ SDS-PAGE 上样缓冲液研磨。慢慢用力研磨至粉末状。研磨好后将其分别装入 EP 管中并在管上做标记。将 EP 管插在有圆孔的泡沫上于沸水浴中煮沸 10 min 后取出,之后将 EP 管插入小型离心机离心孔两端使离心机受力均匀,设置离心机转速(13000r/min)后启动离心 6min,得到 EP 管中样品上清液备用。

1.3.4 电泳

待浓缩胶凝固,将上述贮液槽装置下面的螺丝拧松,将贮液槽装置安装到电泳槽上,之后缓慢将塞子拔下,倒入提前配好的 5 倍的电泳缓冲液约 1000mL,先将电泳缓冲液倒在上面两个玻璃组成的贮液槽中间的凹槽,最后将电泳缓冲液倒入贮液槽两端,一定要淹过贮液槽最底端。

上样与电泳。用移液枪分别吸取样品离心后上清液 50 μ L,加入对应的样品槽。先调节电泳仪电压为 80V,等待溴酚蓝在离开浓缩胶并进入分离胶后立即调节电压为 120V(等待约 1.5h),继续等溴酚蓝快达到胶板底部时终止电泳(等待约 3h)。

1.3.5 染色与脱色

电泳结束后,将胶板拿出,边用水冲边撬开玻璃板,继续冲水取下胶条,除去无条带的浓缩胶,并在无条带的分离胶位置切去一角作标记。然后将两块电泳好的胶条中的其中一块放入考马斯亮蓝染色液中,放在摇床上染色 15 min(要注意回收染色液),完后再将胶条用水或者脱色液冲洗 5 遍,最后放入有脱色液的槽中在摇床上脱色,至条带清楚可辨即可。将第二块胶条放入装有 10% 三

氯乙酸溶液的储液槽中静置 30min,取出胶条用蒸馏水冲洗 5 遍,再用 1% 高碘酸水溶液浸染 1h; 完后再用蒸馏水反复冲洗多次除去表面染色液,再放入蒸馏水中浸泡 1h; 然后用配置好的 schiff 试剂将蒸馏水浸泡的胶条染色 1h,最后用 1% 的亚硫酸氢钠把胶条脱色至条带清楚可辨即可。

1.3.6 分析比较

脱色完成后,分别比较两块胶板中三个样品的条带。其中,条带的位置代表蛋白质的性质;条带的宽度与颜色深浅代表蛋白质含量的多少,颜色越深代表含量越高,反之颜色越浅代表蛋白质含量越低^[10-11]。

2 结果与分析

2.1 蛋白质含量结果分析

从试验材料霍山产三种石斛的叶片样本分别称取 0.5g。霍山产三种石斛从左至右依次分别提取蛋白 200 μ L、180 μ L、150 μ L。结果如图 1 所示。

虽然三种石斛提取出蛋白质含量的数据结果存在差异,但并不能说明这三种石斛的蛋白含量存在差异,因为研磨时间和用力程度也可导致样品中提取出来的蛋白质含量结果出现差异,最终结果还需进一步分析。



图 1 霍山产三种石斛的叶的样本

2.2 染色结果分析

考马斯亮蓝染色结果是三条蓝色条带。糖蛋白染色结果是三条紫色条带。

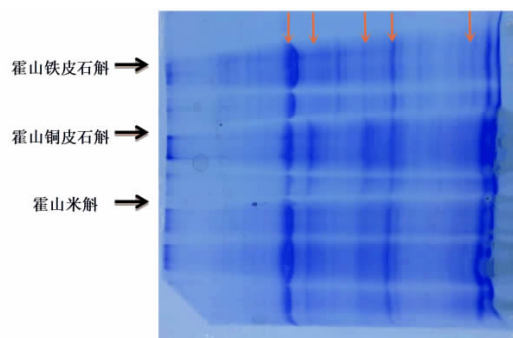


图 2 霍山米斛、霍山铜皮石斛、霍山铁皮石斛叶蛋白考马斯亮蓝染色

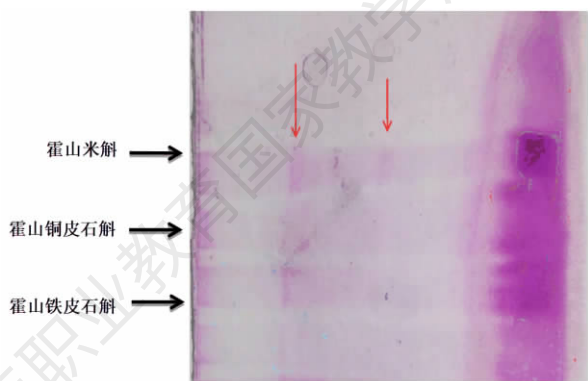


图3 霍山米斛、霍山铜皮石斛、霍山铁皮石斛叶蛋白糖蛋白染色

2.2.1 霍山产三种石斛叶差异蛋白考马斯亮蓝染色

由图2可以看出霍山产三种石斛叶中普通蛋白染色的条带数目与条带颜色的深浅程度大体上相同,所以表明霍山产三种石斛叶中所含普通蛋白的种类和每种蛋白的含量大体上相同。深入研究的话可以看出细微的不同,如图3中红色箭头所指的条带第一条霍山铁皮石斛条带颜色相对米斛和铜皮石斛较深,并且宽度也相对最宽。所以表明霍山铁皮石斛此条带所代表的蛋白含量也相对较高。第二条条带霍山铜皮石斛颜色相对最深,米斛次之,铁皮石斛颜色最浅,表明在此条带所代表的蛋白质含量铜皮石斛的含量最高,米斛次之,铁皮石斛含量最低,但是蛋白质种类相同。第三条条带和第二条条带的情况相似,结果也是此条带所代表的蛋白质含量铜皮石斛的含量最高,米斛次之,铁皮石斛含量最低。第四条条带米斛的条带颜色最深,铜皮石斛与铁皮石斛颜色基本一样,表明此条带所代表的蛋白质含量米斛含量最高而铜皮石斛与铁皮石斛含量一样。第五条清晰的条带图谱显示:铜皮石斛的条带显色最深、霍山米斛的次之、铁皮石斛的最浅。表明此条带所代表的该种蛋白质的含量铜皮石斛最高、霍山米斛居中、而铁皮石斛最少。

2.2.2 霍山产三种石斛叶中糖蛋白染色

由图3可以看出霍山产三种石斛叶糖蛋白染色结果,图中若某种石斛糖蛋白图谱染色的颜色较深,则糖蛋白含量越高。图中显示出三种石斛糖蛋白条上条带的数目与颜色的深浅基本是一致的,表明霍山产三种石斛叶中糖蛋白的含量及种类趋于相等。但是如果仔细观察还是可以看出细微的差别。其中图中红色箭头所指的条带就存在细微的差别。第一条条带显示出米斛的颜色最深,铁皮石斛次之,铜皮石斛颜色最浅,表明此条

带所代表的糖蛋白的含量米斛的含量最深,铁皮石斛次之,铜皮石斛含量最低。第二条条带依旧显示出米斛的颜色最深,而铁皮石斛颜色与铜皮石斛基本一样,表明此条带所代表的蛋白质含量米斛含量最高,而铜皮石斛与铁皮石斛此蛋白质含量接近相同。

3 结论与讨论

3.1 文献对比

本实验通过采用 SDS-PAGE 单向电泳法^[9]对霍山产三种石斛叶中差异蛋白的蛋白质种类进行了分析并采用考马斯亮蓝(G-250)^[8]对霍山产三种石斛叶中差异蛋白的蛋白质浓度进行了鉴定,分别得出了图2所示三种石斛差异蛋白考马斯亮蓝染色的普通蛋白质的染色图谱和图3所示三种石斛叶中糖蛋白被 schiff 试剂染色所得的图谱。从这两个图谱中可以得出霍山产三种石斛叶中差异蛋白在蛋白质种类上趋于相等,此结果与董婧等^[12]的研究既存在相同点又存在不同点。

3.2 问题发现

相同点是本文与引文都采用了电泳法来分析蛋白质种类和数量,其显色图谱色度深浅表明蛋白质种类和数量的相对多少。不同的是,本文采用单向电泳得出蛋白质种类的显色图谱为条带状,引文中双向电泳显示蛋白质种类的显色图谱为点状。条带状图谱显示的优点是在进行多种石斛蛋白质的比较研究时,易于区分蛋白质种类及其含量;点状图谱显示的优点在于方便统计蛋白质种类的数量。还有染色方法的不同,本文电泳染色法是利用的考马斯亮蓝(G-250)染色法,而双向电泳染色采用较高分辨率的银染法。

3.3 试验总结

本文在蛋白质种类和含量的研究上存在蛋白质种类的准确数字难以统计的不足之处,所以在进行多种石斛蛋白质种类及含量的比较研究上,可以将两种方法进行巧妙的融合,使得实验更加完善。

[参 考 文 献]

- [1] 宋经元,郭顺星,肖培根.近10年来石斛属植物的研究进展[J].中国药理学杂志,2004,39(10):725-727.
- [2] 甘江华,黄瑞珊,彭代银,等.3种石斛对脾阴虚型大鼠便秘的治疗作用及其机制初步研究[J].中国中药杂志,2019,128(2):1-8.

- [3] 程良燕,霍山石斛产业化发展对策与现状[J].农民致富之友,2018,22(2):12-13.
- [4] 侯燕,周雪,乐娜,等.霍山石斛对肾阴虚小鼠血清 IL-2、IL-6 及抗氧化作用的实验研究[J].世界中医药,2019,14(2):340-344.
- [5] Shu W., Fengjuan W., Yongping C., et al. Anti-oxidation Activity in Vitro of Polysaccharides of Dendrobium Huoshanense and Dendrobium moniliforme[J]. Agricultural Science and Technology, 2009, 10(06):121-124.
- [6] 司华阳,陈乃富,陈乃东.霍山产铜皮石斛多糖含量测定及其卤虫毒活性研究[J].生物学杂志,2017,34(3):64-68.
- [7] 陈超琴,蒋丽华,赵黎明,等.石斛多糖的研究进展[J].食品工业科技,2012,3(2):41-45.
- [8] 王改萍,彭方仁,汤文娟.几种木本植物蛋白质的电泳分析[J].西南林学院学报,2008,28(2):42-48.
- [9] 陈虹,李涛,白晋华,等.3 种早春植物叶片蛋白质 SDS-PAGE 分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2018,38(6):029-034.
- [10] 王改萍,彭方仁,李生平.银杏叶片蛋白质含量动态变化的电泳分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2006,30(4):114-118.
- [11] 尚宏丽,孟鑫,张挺.薏米蛋白提取及其 SDS-PAGE 电泳分析[J].中国农学通报,2012,28(18):260-265.
- [12] 董婧,应奇才,王慧中.石斛叶片蛋白质双向电泳技术体系的建立及优化[J].浙江农业学报,2009,21(3):230-233.

责任编辑:李晓春

(上接第3页)

Components Analysis of Pineapple-flavored Cigarette Capsule by GC-MS

Zhang Chen, Dang Ya, Xue Lianhai

Abstract: A qualitative analysis method established for pineapple flavored cigarette capsule by GC-MS. Chromatographic conditions: chromatographic column, Rtx5ms, 0.25 μ m, 0.25mm $\times$ 60m; Column box temperature, 70 $^{\circ}$ C maintained 1 min, then, at a rate of 5 $^{\circ}$ C/min to 200 $^{\circ}$ C, and then at 20 $^{\circ}$ C/min to 300 $^{\circ}$ C, keep for 23min; carrier gas velocity 35cm/s, split ratio 80:1; injector temperature 300 $^{\circ}$ C; injection volume, 0.2 μ L. Mass spectrum conditions: ionization source EI, ionization source temperature 280 $^{\circ}$ C; interface temperature 280 $^{\circ}$ C; mass to charge range 35-600. The results show that the method is simple and feasible.

Key words: cigarette capsule; cigarette with capsule; pineapple fragrance; GC-MS; qualitative analysis

责任编辑:李晓春

金寨县桑黄的菌种鉴定与生长特性研究

程安东, 汪本勤*

(六安职业技术学院, 安徽 六安 237158)

摘 要: 针对皖西大别山金寨县永福桑黄菌种植合作社种植的桑黄菌开展研究, 通过现代分子生物学技术对其 18S rDNA 基因 ITS 区段进行克隆测序和序列特征分析, 依据 ITS 序列分析结果将菌种鉴定为瓦宁木层孔菌(*Sanghuangporus vaninii*); 对 JS-1 的基础培养基进行筛选, 结果显示, PDA 培养基最适合其生长; 测定了 JS-1 菌株的生长特性, 结果显示, 温度在 5~35℃ 区间内菌丝均可生长, 最适生长温度为 28℃; pH 在 4~10 范围内菌丝均可生长, pH 为 7 时最适合菌丝生长。以菌丝生长情况为指标筛选碳源和氮源, 碳源为葡萄糖的培养基上菌丝生长速度最快且长势浓密, 认为葡萄糖为其生长最适碳源; 以马铃薯浸汁为氮源的培养基虽然生长速度略慢于蛋白胨和玉米粉, 但菌落长势最为茂盛, 且最早出现黄褐色软木状环纹, 认为马铃薯浸汁为其生长最适氮源; 在以葡萄糖为碳源, 马铃薯浸汁为氮源的基础上, 通过 $L_9(3^4)$ 正交试验得到 JS-1 菌株菌丝生长速度最快的培养条件为葡萄糖 20 g·L⁻¹, 马铃薯 100 g·L⁻¹, pH 为 8, 培养温度 30℃; 测定菌丝的致死温度为 45℃。

关键词: 桑黄; 菌种鉴定; 培养基; 生长条件

中图分类号: S567.3⁺9

文献标志码: A

文章编号: 1004-1524(2021)12-2234-11

Identification and growth characteristics of Sanghuang in Jinzhai County

CHENG Andong, WANG Benqin*

(Lu'an Vocational Technical College, Lu'an 237158, China)

Abstract: In this study, researchers conducted a research on the strains of Sanghuang planted by Yongfu Plantation Cooperation of Jinzhai Country in Dabie Mountain Area and identified the strain as *Sanghuang vaninii* by cloning and sequencing the ITS region of its 18S rDNA gene using modern molecular biology techniques. Screening of the basal medium for JS-1 showed that PDA medium was the most suitable for the growth of JS-1. The growth characteristics of JS-1 strain were determined, and the results showed that the mycelium could grow in the temperature range of 5–35℃, and the optimum growth temperature was 28℃. The mycelium could grow in the pH range of 4–10, while the pH value of 7 was the optimal for the growth of mycelium. By taking the mycelium growth as an indicator to screen the carbon and nitrogen sources, it was found that the medium had the fastest and dense mycelium growth when glucose was used as the carbon source. Thus, glucose was considered the most suitable carbon source. When potato juice was used as the nitrogen source of the medium, despite of the slightly slower growth rate than peptone and corn flour, the colony growth was the most luxuriant, with the earliest appearance of yellow-brown cork-like ring. Thus, potato juice was considered the most suitable nitrogen source for its growth. On the basis of glucose as carbon source

收稿日期: 2020-12-15

基金项目: 安徽省教育厅自然科学基金重点项目(KJ2019A1062)

作者简介: 程安东(1991—), 男, 安徽六安人, 硕士, 讲师, 主要从事植物病理学研究。E-mail: 441683477@qq.com

* 通信作者, 汪本勤, E-mail: 870772098@qq.com

and potato extract as nitrogen source, $L_9(3^4)$ orthogonal test showed that the optimal growth conditions of JS-1 strain were glucose $20\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ and potato $100\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, pH 8 and culture temperature $30\text{ }^{\circ}\text{C}$. The mycelium lethal temperature was $45\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Key words: Sanghuang; species identification; medium; growth conditions

桑黄别称桑耳、桑臣、桑黄菇、胡孙眼、松根等,在东亚、非洲、中美洲地区均有分布,一般寄生于桑属的植物上,生长后期子实体呈黄褐色,因而得名“桑黄”^[1],在两千多年前中国最早的中药学专著《神农本草经》、唐初藤权的《药性论》、唐代苏敬《新修本草》、明代李时珍的《本草纲目》中均有记载^[2]。现代桑黄研究兴起于第二次世界大战之后的日本,由于美国对日本广岛和长崎投放原子弹致使当地居民受核辐射影响,患癌人数增加,而长崎女岛的癌症病例明显低于广岛和长崎的其他区域,日本学者调查发现主要是由于当地居民服用了岛上桑树生长的桑黄,随后日本学者在1968年通过试验发现桑黄具有明显的抗肿瘤功效^[3]。

在分类学上桑黄属于真菌界(Fungi)担子菌门(Basidiomycota)蘑菇纲(Agaricomycetes)锈革菌目(Hymenochaetales)锈革菌科(Hymenochaetaceae),*Phellinus*、*Inonotus*和*Fomitiporia*等属的桑黄在文献中均有出现。为了明确桑黄属的划分,戴玉成教授通过大量的研究将20个*Phellinus*属的小种组成一个亚属*Fuhifomes*,戴玉成教授还通过对比*P. baumii*与*P. linteus*的桑黄标本,认定传统中药“桑黄”的拉丁学名为*Phellinus baumii*,并对*P. baumii*-*P. linteus*类群中所有种的划分做了一些调整,将有些原来隶属*Phellinus*属的种划分到了*Inonotus*属^[4-7]。目前在药用桑黄菌种类中认定*I. linteus*、*I. baumii*、*I. vaninii*、*I. lonicerinus*、*I. lonicericola*、*I. sanghuang*、*I. tenuicontextus*、*I. weigela*、*I. weirianus*这9种桑黄属于药用真菌桑黄类群^[8]。

目前,桑黄作为珍贵的传统药用真菌被人们越发受到重视,国内外研究人员对桑黄的药理作用进行了非常多的研究,桑黄是目前国际上公认生物抗癌药剂中最为高效的一种药用真菌^[9-11],此外桑黄还具有调解免疫功能、抗氧化等作用^[12-13]。近年来,桑黄菌在医药制剂与保健品行业的需求量越来越大。在皖西大别山的金寨

县永福桑黄菌种植专业合作社培育了大量的桑黄菌,其种类仍未能得到鉴定,笔者采集了其种植的桑黄子实体带回实验室进行分离纯化培养,通过ITS序列分析将菌种鉴定为瓦宁木层孔菌(*Sanghuangporus vaninii*)即杨树桑黄。

瓦宁木层孔菌俗称杨黄,因其常见于山杨(*Populus davidiana*)树干上,因而得名杨黄。吴声华等^[4]在2020年发表文章将瓦宁木层孔菌归类为担子菌门(Basidiomycota)蘑菇纲(Agaricomycetes)锈革菌目(Hymenochaetales)锈革菌科(Hymenochaetaceae)桑黄孔菌属(*Sanghuangporus*),并对中国桑黄产业的发展指明方向,认为桑树桑黄及杨树桑黄在药用桑黄种类中都应该得到认可与推广。瓦宁木层孔菌主要的药用成分为子实体,是一种桑黄类药用真菌^[14-15],该菌最早报道出现在1960年的俄罗斯远东,1993年在我国长白山自然保护区发现该菌,随后又在黑龙江的小兴安岭以及东乌苏里江与兴凯湖之间完达山老爷岭等地区被发现^[16],韩国、朝鲜、日本也有分布^[17]。虽然杨树桑黄的药理成分及功效比桑树桑黄略差^[8],但介于桑树桑黄的难培养及生长条件苛刻且市场价格约是杨树桑黄的10倍等因素,杨树桑黄目前占据中药桑黄的大部分市场。

本研究以六安市金寨县永福桑黄菌种植专业合作社提供的桑黄菌株JS-1菌株为实验材料,对其生长特性进行研究,为进一步探究瓦宁木层孔菌的药用成分、快速繁殖、发酵生产及药用开发等提供帮助。

1 材料与方法

1.1 供试菌株来源

供试桑黄菌株JS-1由金寨县永福桑黄菌种植专业合作社提供,在六安职业技术学院植物病理实验室进行分离、纯化、形态学鉴定以及保藏。

1.2 供试培养基与分离、培养与保藏

首次分离选用马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)培

培养基: 马铃薯 200 g, 无水葡萄糖 20 g, 琼脂粉 15 g, 自来水 1 000 mL, pH 自然。对采集的子实体在无菌操作台上, 使用 75% 乙醇棉球擦拭子实体表面, 进行杀菌消毒, 无菌的解剖刀由菌伞向基部切开, 用无菌的接种钩在切面中线距离菌伞表面 1/3 处勾取一小块组织, 迅速的插入培养基表面, 密封后放置于 26 °C 恒温培养箱中黑暗培养。组织块菌丝萌发后, 挑取菌落边缘的菌丝进行进一步纯化培养。待菌丝长满平面 1/3 后将培养皿转移至 4 °C 冰箱内避光保存。

1.3 菌株及菌丝的形态学观察

将分离纯化的菌株在温度为 28 °C 恒温黑暗培养箱内用 PDA 培养基培养, 观察菌落生长过程中形态颜色变化特征; 使用插片培养法在显微镜下观察菌丝形态特征并拍照记录。

1.4 桑黄菌 rDNA-ITS 序列扩增与亲缘关系构建

将分离得到的菌株在 PDA 培养基上培养 7 d, 将收集的菌丝置于 1.5 mL 的离心管, 迅速放入液氮速冻, 加入石英砂手工研磨。加 900 μ L 的 2% CTAB 和 90 μ L 的 10% SDS。振荡使其充分混匀, 60 °C 水浴 1 h, 期间不时地颠倒 EP 管, 然后 12 000 $\times g$ 离心 10 min。将上清液转移至新的 EP 管中, 加 700 μ L 酚氯仿异戊醇, 充分混匀, 12 000 $\times g$ 离心 10 min。取上清 550 μ L 转移至新的 EP 管加入 550 μ L 氯仿, 充分混匀。12 000 $\times g$ 离心 10 min。取 450 μ L 上清液, 加入 900 μ L 无水乙醇, 混匀在 -20 °C 沉淀 30 min, 12 000 $\times g$ 离心 10 min。弃上清, 加 800 mL 75% 乙醇洗涤, 12 000 $\times g$ 离心 5 min。弃上清, 控干管内水分。37 °C 放置 10 min。加 20 μ L 无菌水, 现加入 1 μ L RNase 液, 37 °C 酶解 1 h。电泳检测质量, 保存于 -20 °C 冰箱待用。

PCR 反应程序采用 94 °C 预变性 5 min, 94 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 40 s, 32 个循环; 72 °C 延伸 5 min。PCR 产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 并用 AXYGEN 凝胶纯化试剂盒回收 DNA 片段, 连接到 T 载体上, 转至大肠埃希菌 JM109 中, PCR 阳性检测后送南京擎科生物公司测序。测序结果在 GenBank 中进行序列比对并下载相关序列, 利用 DNAMAN 进行比对分析, 用 MEGA 6.0 软件构建系统进化树。同时将桑黄菌株 JS-1 的 ITS 序列与 GenBank 中已经登录的其

他桑黄菌株的 ITS 序列进行比对, 构建系统发育图。

1.5 选择基础培养基

PDA 培养基: 200 g 马铃薯(去皮), 20 g 葡萄糖, 15 g 琼脂, 3 g KH_2PO_4 , 1 000 mL 水, pH 自然。玉米综合培养基: 20 g 玉米粉, 20 g 葡萄糖, 1 g KH_2PO_4 , 15 g 琼脂, 1 000 mL 水。木生菌标准培养基: 20 g 葡萄糖, 10 g 蛋白胨, 2 g 酵母膏, 1 g KH_2PO_4 , 15 g 琼脂, 1 000 mL 水。配置好 3 种基础培养基, 用高压灭菌锅灭菌后, 在无菌工作台上进行倒板。用直径为 5 mm 的灭菌打孔器在母种菌落边缘打取菌饼, 将菌饼有菌丝的一面朝下放置于 3 种基础培养基平板上, 密封后置于 28 °C 恒温黑暗培养箱中培养, 每隔 24 h 观察记录 3 种培养基中菌落的直径, 每种基础培养基设 5 个重复。菌丝的日平均生长速度 = [菌落直径 (mm) - 菌饼直径 (mm)] / 生长时间 (d), 筛选出最适宜菌株生长的基础培养基。

1.6 菌株 JS-1 生长条件优化的单因素试验

1.6.1 筛选菌丝生长最适温度

以 PDA 培养基作为基础培养基测定温度对菌丝生长的影响, 用直径为 5 mm 的灭菌打孔器在母种菌落边缘打取菌饼, 将菌饼有菌丝的一面朝下接种于培养基平板的中央, 密封后分别置于不同温度的恒温黑暗培养箱中培养, 温度设置在 5 ~ 40 °C, 先每隔 5 °C 设置一组试验, 每隔 24 h 用十字交叉法测量菌落直径, 找出峰值区间后再每隔 1 °C 设置一组试验。每个温度处理下设置 3 组重复。

1.6.2 筛选菌丝生长最适 pH

用浓度 5 mol $\cdot$ L⁻¹ 的 HCl 和 NaOH 溶液将 PDA 培养基的 pH 调成 3、4、5、6、7 和 8、9、10、11、12, 用灭菌打孔器打取直径为 5 mm 的菌饼, 菌丝一面朝下接种在不同 pH 的培养基中央, 后放置于 28 °C 恒温黑暗培养箱中培养, 用十字交叉法每隔 24 h 测量菌落直径, 观察菌落形态。每个 pH 处理设置 3 组重复。

1.6.3 筛选最佳碳源与氮源

将 PDA 培养基中的葡萄糖去除作为基础培养基, 用来筛选最适宜菌种生长的碳源。用蔗糖、半乳糖、可溶性淀粉、麦芽糖、甘露糖、纤维乙糖作为碳源对比葡萄糖作为碳源对菌落生长的

影响。将 PDA 培养基中的马铃薯浸汁去除作为基础培养基, 用来筛选最适宜菌种生长的氮源。用蛋白胨、牛肉浸膏、玉米粉、硝酸钠、酵母浸膏作为氮源对比马铃薯浸汁作为氮源对菌落生长的影响。用打孔器打取直径为 5 mm 的菌饼接种于含不同氮源和碳源的基础培养基中央, 放置于 28 ℃ 恒温黑暗培养箱中培养, 用十字交叉法每隔 24 h 测量菌落直径, 观察菌落形态。每组处理设置 3 组重复。

1.7 不同培养因子对 JS-1 菌丝生长影响的正交试验

为了考虑不同生长条件因子间的交互作用, 依据上节筛选出单因子结果, 以温度、pH 和不同质量浓度的碳源、氮源进行 $L_9(3^4)$ 正交试验, 试验的各因子及水平见表 1, 依据菌丝的生长速度为指标, 筛选最优生长条件组合, 每组试验设计 6 组重复。

1.8 测定菌丝的致死温度

在 28 ℃ 培养 7 d 的菌落边缘打取直径为 5 mm 的菌饼, 分别放置在含有 3 mL 无菌水的试管中, 摇晃均匀, 在恒温水浴锅中静置 10 min, 放入冰水中快速冷却至常温, 接种于 PDA 培养基上, 28 ℃ 恒温黑暗培养, 观察菌丝生长情况。水浴锅的温度设置在 40 ~ 60 ℃ 先以 5 ℃ 为间隔, 再以 1 ℃

为间隔进行试验。每组处理设置 3 组重复。

1.9 统计学分析

试验中所有测得数据采用 SPSS 21.0 统计软件进行处理和分析。

2 结果与分析

2.1 桑黄菌株 JS-1 子实体生长环境与形态、菌落与菌丝形态观察

桑黄菌株 JS-1 子实体生长环境及形态如图 1 所示, 子实体有菌盖无菌柄, 外形呈马蹄形, 基部较厚外缘薄, 生长初期子实体为乳黄色, 成熟后颜色变深呈黄褐色, 表面粗糙, 外缘新生部位呈金黄色, 纵切后菌肉木质化, 呈暗黄色软木状。

如图 2 所示, JS-1 菌落为圆形, 生长初期菌丝白色, 呈绒毛状沿着接种块向外辐射状生长, 可见边缘绒毛状, 中心部分出现一个小凸起。显微镜下观察菌丝发达, 细长, 菌丝表面相对光滑, 无色透明, 顶端顿圆, 有不明显的分隔; 生长旺盛期菌落呈乳黄色, 边缘新生菌丝为白色, 显微镜下菌丝密集, 少有分支; 生长中后期菌落中心部位开始老化, 呈黄褐色软木状, 有明显环纹, 外圈呈乳黄色, 显微镜下观察菌丝膨大呈干瘪状, 少量菌丝形成凸起。

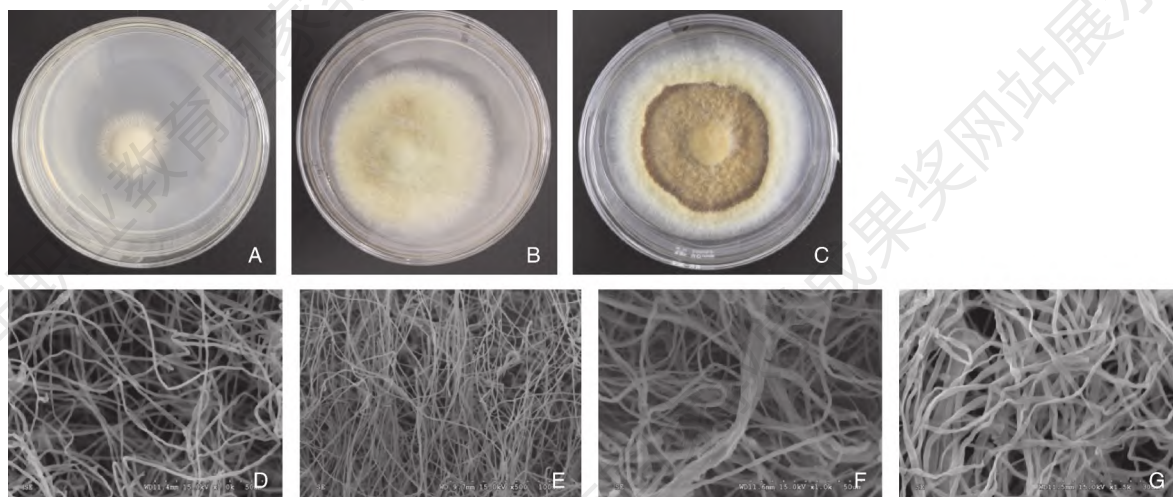
2.2 桑黄菌株 JS-1 rDNA-ITS 序列扩增及结果分析构建亲缘关系图

JS-1 的 rDNA-ITS 序列长度为 462 bp, 参照吴声华等^[8]对桑黄孔菌属种类的划分, 用 BLAST 软件在 GenBank 中与已经登录的其他桑黄孔菌属菌株的 rDNA-ITS 序列进行比对, 结果表明, 菌株 JS-1 的 rDNA-ITS 序列与 GenBank 中登录号为 HQ845055.1 的 *Sanghuangporus vaninii* 菌具有 100%



图 1 JS-1 子实体生长环境与形态特征

Fig.1 Growth environment and morphological characteristics of fruiting body of JS-1



A, 生长初期菌落(3 d); B, 生长旺盛期菌落(10 d); C, 生长中后期菌落(15 d); D, 生长初期菌丝; E, 生长旺盛期菌丝; F, 生长中后期菌丝; G, 老熟菌丝。

A, Colonies at the beginning of growth(3 d); B, Colonies in the prime of growth(10 d); C, Colonies in the middle and late stages of growth(15 d); D, Hyphae at the beginning of growth; E, Hyphae in the prime of growth; F, Hyphae in the middle and late stages of growth; G, Mature hyphae.

图2 JS-4 在 PDA 培养基上菌落及菌丝显微观察形态

Fig.2 Micromorphological observation of colonies and hyphae of JS-4 on PDA medium

的相似性。通过系统发育树分析表明,所得桑黄菌与 *Sanghuangporus vaninii* 同源性最高,遗传距离最近,位于系统发育树的同一分支,如图3所示。结合 JS-4 的形态特征,以及 rDNA-ITS 序列分析结果,判定所得桑黄应为瓦宁木层孔菌 *Sanghuangporus vaninii*,即杨树桑黄。

2.3 桑黄菌株 JS-4 在 3 种基础培养基上生长状况

将 JS-4 在 3 种基础培养基上 28 ℃ 黑暗培养 3、7、10、15、20 d,菌株生长状况及生长速度如图4与表2所示。从图4可以明显看出,JS-4 菌株在 PDA 培养基上的长势最好菌丝浓密且茂盛,木生菌标准培养基上虽然菌丝生长速度最快但菌丝密度小于 PDA 培养基且菌落呈暗黄色,在玉米粉综合培养基上的长势最差,虽然菌丝生长速度较快,但是菌丝非常稀疏且在培养皿表面匍匐生长,因此,选择 PDA 培养基作为 JS-4 基础培养基。

2.4 不同生长条件因子对 JS-4 生长影响的单因素试验

2.4.1 温度对 JS-4 菌丝生长的影响

以 PDA 培养基作为基础培养基培养 7 d 后

发现,菌株在 5 ~ 35 ℃ 区间均可生长,40 ℃ 时菌株停止生长,如表3所示。结果显示,在 5 ~ 28 ℃,菌落的生长速度随温度的升高而升高,且各组处理之间存在显著差异;温度在 28 ℃ 时,菌落的生长速度最快,温度在 35 ℃ 处理条件下菌丝生长缓慢,且菌落颜色呈纯白色。结果表明,温度为 28 ℃ 时最适合 JS-4 菌丝的生长。

2.4.2 pH 对 JS-4 菌丝生长的影响

以 PDA 培养基作为基础培养基培养 7 d,结果显示,pH 在 4 ~ 10 菌丝均可生长,如表4所示。当 pH 为 3、11、12 时菌株停止生长。当 pH 为 7 时,菌丝生长速度最快。结果表明,pH 为 7 时最适合 JS-4 菌丝的生长。

2.4.3 不同碳源培养基对 JS-4 生长的影响

以 PDA 培养基去除葡萄糖作为基础培养基,将 JS-4 菌株接种至含不同碳源的培养基上培养 7 d,结果如表5所示,在所选择的 7 种碳源中,最适合瓦宁木层孔菌生长的碳源为葡萄糖,菌丝呈现乳黄色,浓密且茂盛,其次为蔗糖、半乳糖、可溶性淀粉、麦芽糖、甘露糖、纤维乙糖。结果表明,JS-4 菌株对葡萄糖的利用率最高。

2.4.4 不同氮源培养基对 JS-4 生长的影响

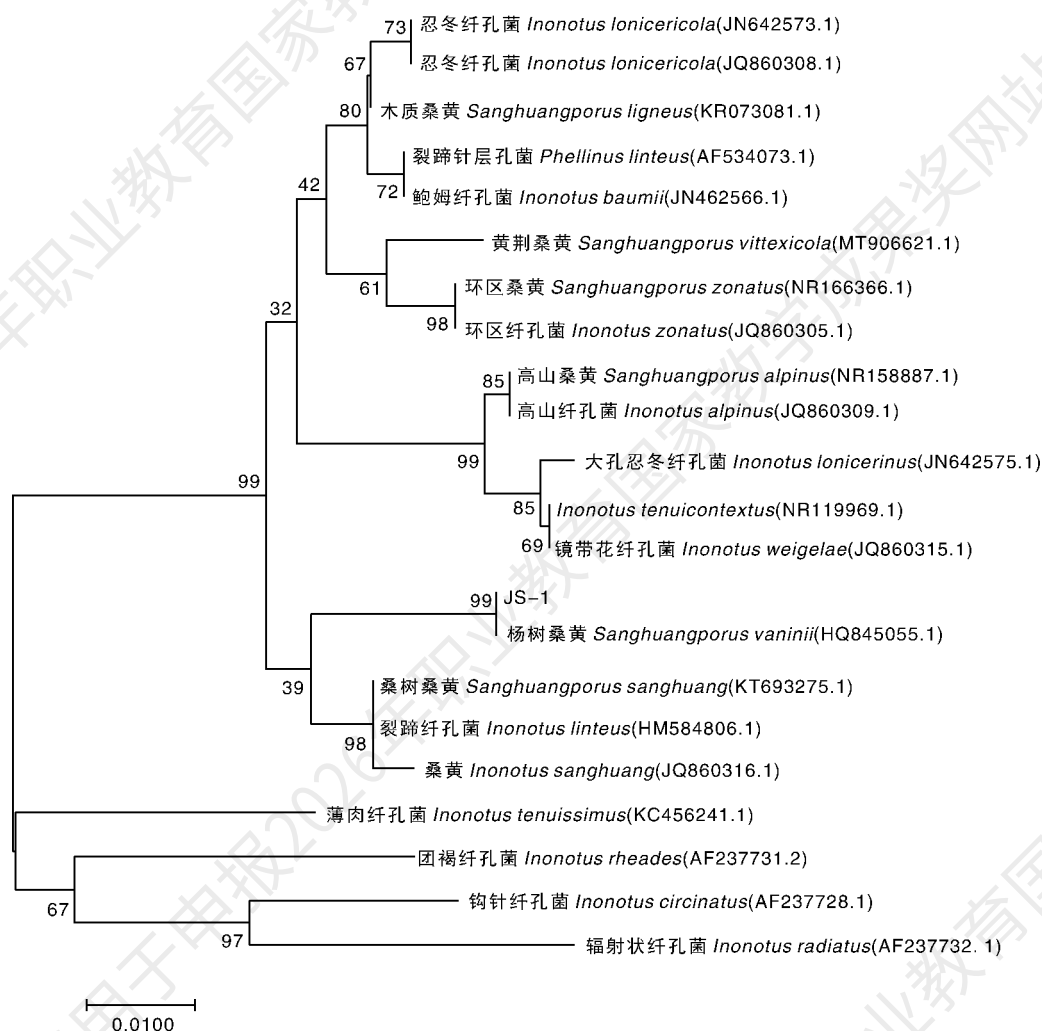


图3 基于 rDNA-ITS 序列构建菌株 JS-1 的系统发育树

Fig.3 Phylogenetic tree of JS-1 strain was constructed based on rDNA-ITS sequence

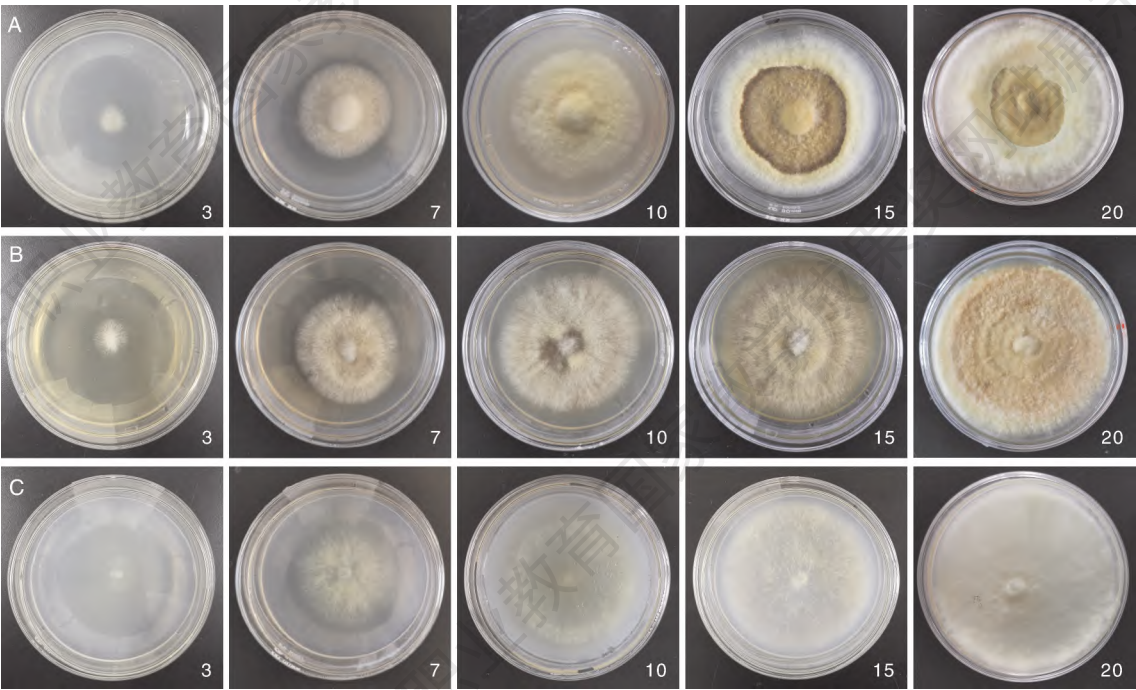
以 PDA 培养基去除马铃薯浸汁作为基础培养基,添加不同的氮源培养 7 d,结果如表 6 所示,在所选择的 6 种氮源中,以蛋白胨为氮源的培养基上菌落生长速度最快,且生长速度高于其他氮源,菌丝呈淡黄色,生长浓密但不茂盛;以马铃薯浸汁为氮源的培养基上菌落生长速度略慢于蛋白胨和玉米粉浸汁,但其长势最为茂盛,菌丝呈乳黄色,如图 5 中 A、B、C 所示。且在培养 15 d 后,以马铃薯浸汁为氮源的培养皿上最先出现黄褐色软木状环纹,如图 5 中 E、F、G 所示,玉米粉浸汁、牛肉浸膏、硝酸钠、酵母浸膏为氮源时,菌丝生长较慢或稀疏,不利于菌株的生长。结合菌丝生长速度及菌落长势,认为马铃薯为 JS-1 生长最适氮源。

2.5 不同培养因子对 JS-1 菌丝生长影响的正交试验

通过对不同培养因子及其水平的正交试验,结果如表 7 所示。从结果极差可以得到对桑黄菌株 JS-1 菌丝生长影响程度的条件依次为 pH (D) > 温度 (C) > 马铃薯 (B) > 葡萄糖 (A),结合图 6 得到 JS-1 菌丝生长速度最快的组合为 A2B1C3D3,即培养基中葡萄糖 $20 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$,马铃薯使用量 $100 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$,pH 为 8,培养温度 $30 \text{ }^{\circ}\text{C}$ 。

2.6 JS-1 菌丝致死温度测定

结果显示,JS-1 菌丝块放入 $41 \sim 44 \text{ }^{\circ}\text{C}$ 水浴锅处理后接种于 PDA 培养基上,均可生长。如图 6 所示, $43 \text{ }^{\circ}\text{C}$ 处理培养 3 d 后菌丝能正常生长呈淡黄色, $44 \text{ }^{\circ}\text{C}$ 处理后菌丝生长速度较慢呈白色,



A, PDA 培养基; B, 木生菌标准培养基; C, 玉米粉综合培养基
A, Potato composite medium; B, Wood fungus standard medium; C, Corn flour composite medium

图 4 不同基础培养基上生长情况

Fig. 4 Growth conditions on different basal medium

表 2 JS-1 在 3 种基础培养基上生长情况

Table 2 JS-1 growth in 3 kinds of solid medium

基础培养基 Medium	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/ (mm·d ⁻¹)	菌丝表面形态特征 Surface morphology of mycelial	菌丝长势 Mycelial growth vigor
木生菌标准培养基 Wood fungus standard medium	6.89 ± 0.09 a	原基凸起一般, 新生白色菌丝较多 Primordia protruding moderate. Large range of newly grown white mycelia	浓密 Thick
玉米粉综合培养基 Corn flour composite medium	6.32 ± 0.07 b	原基凸起最小, 新生乳白色菌丝稀少 Primordia protruding the minimum Small range of newly grown white mycelia	稀疏 Thin
PDA 培养基 Potato composite medium	6.14 ± 0.12 b	原基凸起高, 新生乳白色菌丝较多 Primordia protruding high Large range of newly grown white mycelia	浓密茂盛 Thick and lush

菌丝的生长速度为平均值 ± 标准差。同列数据后无相同字母表示经 Duncan's 新复极差法检验在 $P < 0.05$ 水平差异显著。下同。
The growth rate of mycelia are $\bar{x} \pm s$. Data marked without the same letters in the same column indicate significant difference at $P < 0.05$ level by Duncan's new multiple range test. The same as below.

表 3 JS-1 不同温度条件下生长情况

Table 3 JS-1 growth conditions at different temperatures

$\theta/^\circ\text{C}$	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/(mm·d ⁻¹)	菌丝长势 Mycelial growth vigor
5	0.71 ± 0.05 i	稀疏 Thin
10	1.22 ± 0.2 h	稀疏 Thin
15	1.82 ± 0.2 g	稀疏 Thin
20	3.86 ± 0.06 e	浓密 Thick
25	4.12 ± 0.09 d	浓密 Thick

续表 3 Continued Table 3

$\theta/^\circ\text{C}$	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/(mm·d ⁻¹)	菌丝长势 Mycelial growth vigor
26	4.97 ± 0.02 c	浓密茂盛 Thick and lush
27	5.53 ± 0.07 b	浓密茂盛 Thick and lush
28	6.14 ± 0.02 a	浓密茂盛 Thick and lush
29	6.09 ± 0.12 a	浓密茂盛 Thick and lush
30	5.81 ± 0.12 c	浓密 Thick
35	2.42 ± 0.05 f	稀疏 Thin
40	—	死亡 Death

表 4 JS-1 不同 pH 值条件下生长情况

Table 4 JS-1 growth conditions at different pH value

pH	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/ (mm•d ⁻¹)	菌丝长势 Mycelial growth vigor
3	—	死亡 Death
4	3. 26 ± 0. 18 e	稀疏 Thin
5	5. 42 ± 0. 21 d	浓密 Thick
6	6. 04 ± 0. 06 b	浓密茂盛 Thick and lush
7	6. 12 ± 0. 02 a	浓密茂盛 Thick and lush
8	5. 93 ± 0. 12 c	浓密茂盛 Thick and lush
9	3. 31 ± 0. 09 e	浓密 Thick
10	1. 71 ± 0. 02 f	稀疏 Thin
11	—	死亡 Death
12	—	死亡 Death

表 5 不同碳源对 JS-1 生长的影响

Table 5 Effects of different carbon sources on the growth of mycelia of JS-1

碳源 Carbon sources	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/(mm•d ⁻¹)	菌丝长势 Mycelial growth vigor
葡萄糖 Glucose	6. 12 ± 0. 12 a	浓密茂盛 Thick and lush
蔗糖 Sucrose	5. 91 ± 0. 02 a	浓密茂盛 Thick and lush
半乳糖 Galactose	5. 88 ± 0. 06 ab	浓密茂盛 Thick and lush
可溶性淀粉 Soluble starch	5. 53 ± 0. 18 b	浓密茂盛 Thick and lush
麦芽糖 Maltose	5. 51 ± 0. 06 b	浓密茂盛 Thick and lush
甘露糖 Mannose	3. 51 ± 0. 03 c	稀疏 Thin
纤维乙糖 Fiber B suger	2. 82 ± 0. 05 d	稀疏 Thin

表 6 不同氮源对 JS-1 菌丝生长的影响

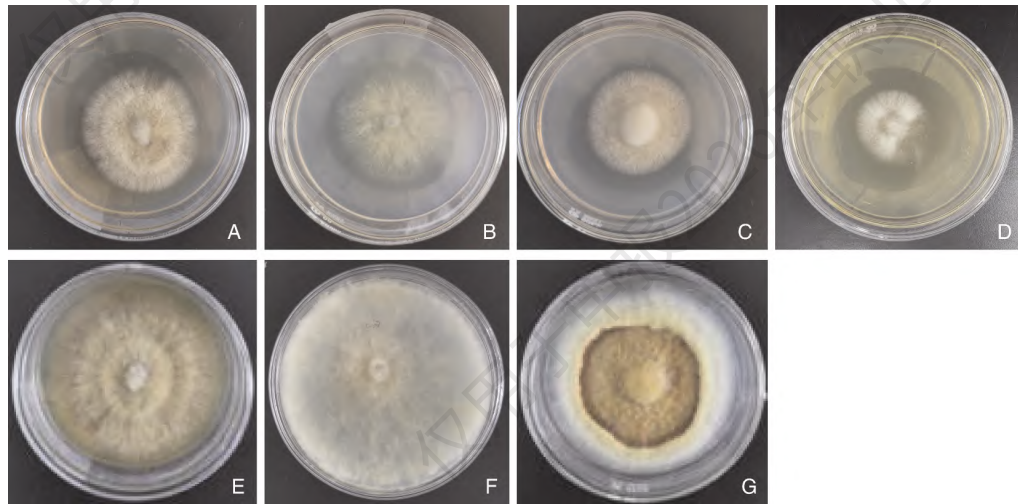
Table 6 Effects of different nitrogen sources on the growth of mycelia of JS-1

氮源 Nitrogen sources	菌丝生长速度 Mycelium growth rate/(mm•d ⁻¹)	菌丝长势 Mycelial growth vigor
蛋白胨 Peptone	6. 81 ± 0. 08 a	浓密 Thick
玉米粉浸汁 Corn flour juice	6. 32 ± 0. 02 b	稀疏 Thin
马铃薯浸汁 Potato juice	6. 12 ± 0. 06 b	浓密茂盛 Thick and lush
牛肉浸膏 Beef extract	5. 15 ± 0. 14 c	浓密 Thick
硝酸钠 Sodium nitrate	5. 03 ± 0. 11 c	稀疏 Thin
酵母浸膏 Yeast extract	4. 13 ± 0. 26 d	稀疏 Thin

45 ℃、46 ℃ 处理后菌丝不能生长,测定 45 ℃ 为 JS-1 菌丝的致死温度。

3 结论与讨论

桑黄作为一种名贵且有效的药用真菌,以其显著的抗肿瘤功效,近年来越发被人们所重视,目前市场上的大部分桑黄分成两类,即桑树桑黄 (*Sanghuangporus sanghuang*) 和杨树桑黄 (*Sanghuangporus vaninii*),桑树桑黄目前还很难栽培,且只生长于活桑树上,由段木或袋料培养桑树桑黄子实体比较困难,目前市面上所谓的栽培桑黄子实体,大都是杨树桑黄^[9]。目前,杨树桑黄药理



A,蛋白胨(7 d);B,玉米粉浸汁(7 d);C,马铃薯浸汁(7 d);D,牛肉浸膏(7 d);E,蛋白胨(15 d);F,玉米粉浸汁(15 d);G,马铃薯浸汁(15 d) 。
A,Peptone(7 d);B,Corn flour juice(7 d);C,Potato juice(7 d);D,Beef extract(7 d);E,Peptone(15 d);F,Corn flour juice(15 d);G,Potato juice(15 d) .

图 5 JS-1 在不同氮源培养基上菌落生长情况

Fig. 5 Colony growth of JS-1 on different nitrogen source media

表7 不同培养因子对 JS-1 菌丝生长影响的正交试验结果

Table 7 Result of orthogonal test for influence of different culture factors on growth of strain JS-1

编号 Number	(A) 葡萄糖 Glucose/(g·L ⁻¹)	(B) 马铃薯 Potato/(g·L ⁻¹)	(C) θ/℃	(D) pH	菌丝生长速度 Mycelia growth rate/(mm·d ⁻¹)
1	1	1	1	1	4.81
2	1	2	2	2	5.27
3	1	3	3	3	5.61
4	2	1	3	2	6.05
5	2	2	1	3	5.47
6	2	3	2	1	4.43
7	3	1	2	3	5.17
8	3	2	3	1	5.09
9	3	3	1	2	4.59
K ₁	5.23	5.34	4.96	4.78	—
K ₂	5.32	5.28	4.96	5.30	—
K ₃	4.95	4.88	5.58	5.42	—
R	0.37	0.46	0.62	0.64	—

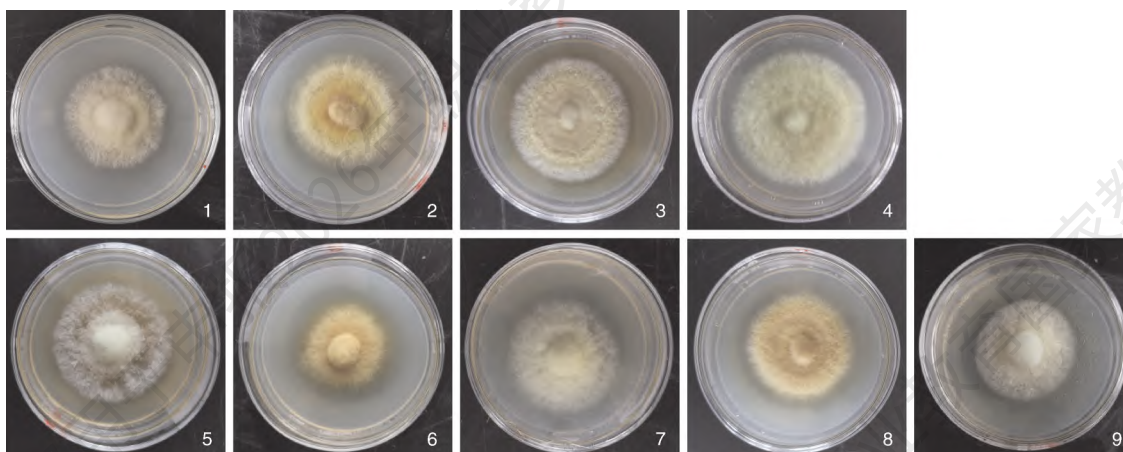


图6 正交试验9组设计菌落长势

Fig. 6 Colony growth was designed in 9 groups of orthogonal experiment

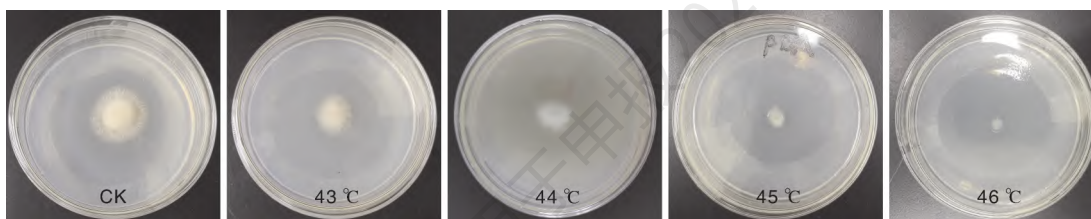


图7 不同温度处理后生长情况

Fig. 7 Growth condition after treatment at different temperatures

成分及抗肿瘤功效已得到验证^[18-19],其提取物的抗氧化能力也相对其他桑黄菌株较强^[20],考虑其栽培容易,生产成本较低等特点,我们应认同且接受杨树桑黄在桑黄类药用真菌中的价值,并对其药用价值予以肯定。本研究对金寨县永

福桑黄菌种植专业合作社栽培的桑黄鉴定为瓦宁木层孔菌(*Sanghuangporus vaninii*)即杨树桑黄,并以菌丝的生长速度和长势为指标,进行了单因素试验和正交试验,明确菌株 JS-1 最适的生长温度为 28 °C,最适 pH 为 7,葡萄糖为碳源时菌

丝生长速度以及菌落长势最好,在氮源的选择上观察了接种后培养 20 d 内菌丝长速及菌落长势情况,对比发现马铃薯浸汁为其生长的最适氮源。通过正交试验,以菌丝的长速为指标,得到最优的培养条件为葡萄糖 $20\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$,马铃薯 $100\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$,pH 为 8,培养温度为 $30\text{ }^{\circ}\text{C}$,但是在实际培养当中发现当温度条件达到 $30\text{ }^{\circ}\text{C}$ 的组合菌落的茂盛程度均较低,与单因素试验相一致,考虑该菌种对于温度较为敏感,在正交试验结果的基础上以 $28\text{ }^{\circ}\text{C}$ 培养最为合适。本研究结果与其他已有报道的桑黄菌种培养条件存在一定的差异,可能是培养的菌株种类不同,且试验过程中不能单一的以菌丝的生长速度为指标,应结合菌落长势进行分析,吕英华等^[21] 针对裂蹄木层孔菌(*Phellinus linteus*) 的培养基配方进行了正交试验优化,认为玉米粉为其生长最适氮源,且生长浓密茂盛;曹春蕾等^[22] 对桑木层孔菌(*Phellinus mori*) 进行研究发现,最适氮源为酵母浸膏,用淀粉为碳源时菌丝长速最快但菌落稀疏,以葡萄糖为碳源时长势最好;宋吉玲等^[23] 对桑树桑黄(*Sanghuangporus sanghuang*) 通过正交试验研究发现可溶性淀粉为碳源蛋白胨为氮源在 $30\text{ }^{\circ}\text{C}$ 条件下培养最适合,且没有提到 $30\text{ }^{\circ}\text{C}$ 培养时菌落长势是否茂盛;可见,菌种不同其生物学特性也是各不相同的,且正交试验筛选出来的最优组合是在以菌丝生长速度为基础上筛选出来的,其菌落长势没有考虑进去,因此并不能确定为最优组合,在实际生产中要同时考虑菌丝长速以及菌落长势。

综上所述,通过本研究优化了杨树桑黄的人工培养方法,为栽培杨树桑黄和提高其产量提供帮助,希望在将来能够将桑黄这一珍贵的药用真菌推广种植,为人类的大健康事业造福。

参考文献(References):

- [1] 张小青,戴玉成. 中国真菌志 [M]. 北京: 科学出版社, 2005: 117-191.
- [2] 包海鹰,王超儒,图力古尔. “桑黄”的本草考证 [J]. 菌物学报, 2013, 21(1): 70-78.
BAO H Y, WANG C Y, BAU T. Herbalogical textual research on “Sanghuang” [J]. *Mycosystema*, 2013, 21(1): 70-78. (in Chinese)
- [3] 吴声华,戴玉成. 药用真菌桑黄的种类解析 [J]. 菌物学报, 2020, 39(5): 781-794.
- [4] WU S H, DAI Y C. Species clarification of the medicinal fungus *Sanghuang* [J]. *Mycosystema*, 2020, 39(5): 781-794. (in Chinese with English abstract)
- [5] DAI Y C, YANG Z L, CUI B K, et al. Species diversity and utilization of medicinal mushrooms and fungi in China (review) [J]. *International Journal of Medicinal Mushrooms*, 2009, 11(3): 287-302.
- [6] TIAN X M, YU H Y, ZHOU L W, et al. Phylogeny and taxonomy of the *Inonotus linteus* complex [J]. *Fungal Diversity*, 2013, 58(1): 159-169.
- [7] DAI Y C. Hymenochaetaceae (basidiomycota) in China [J]. *Fungal Diversity*, 2010, 45(1): 131-343.
- [8] WAGNER T, FISCHER M. Proceedings towards a natural classification of the worldwide taxa *Phellinus* s. l. and *Inonotus* s. l., and phylogenetic relationships of allied genera [J]. *Mycologia*, 2002, 94(6): 998.
- [9] 戴玉成,崔宝凯. 药用真菌桑黄种类研究 [J]. 北京林业大学学报, 2014, 36(5): 1-7.
DAI Y C, CUI B K. Progress on the species of medicinal fungus *Inonotus* Sanghuang [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2014, 36(5): 1-7. (in Chinese with English abstract)
- [10] 车会莲,孟繁岳,杜杰,等. 桑黄提取物对肿瘤生长和细胞免疫功能的影响 [J]. 中国公共卫生, 2005, 21(1): 79-81.
CHE H L, MENG F Y, DU J, et al. Effect of extract from *Phellinus igniarius* on tumor growth and cell immunity function [J]. *China Public Health*, 2005, 21(1): 79-81 (in Chinese with English abstract)
- [11] 高雯雯,张娜,俞淑文. 桑黄抗肿瘤及其作用机制的研究进展 [J]. 中国中药杂志, 2014, 39(21): 4165-4168.
GAO W W, ZHANG N, YU S W. Research progress on anti-tumor effects and mechanisms of *Phellinus* [J]. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2014, 39(21): 4165-4168. (in Chinese with English abstract)
- [12] 吕方冰,张娜,俞淑文. 桑黄多糖抗肿瘤机制研究进展 [J]. 上海中医药杂志, 2015, 49(9): 87-89.
LV F B, ZHANG N, YU S W. Research progress of *Phellinus* polysaccharides fighting tumor mechanisms [J]. *Shanghai Journal of Traditional Chinese Medicine*, 2015, 49(9): 87-89. (in Chinese with English abstract)
- [13] 王华林,温万芬. 桑黄的药用价值研究进展 [J]. 时珍国医国药, 2015, 26(11): 2747-2750.
WANG H L, WEN W F. Research progress on medicinal value of mulberry [J]. *Lishizhen Medicine and Materia Medica Research*, 2015, 26(11): 2747-2750. (in Chinese)
- [14] 吕英华,王建芳,李玉平,等. 药用真菌桑黄的研究进展 [J]. 蚕业科学, 2009, 35(1): 204-210.
LV Y H, WANG J F, LI Y P, et al. Progress of studies on the medicinal fungus *Phellinus* spp [J]. *Science of Sericulture*

- ture, 2009, 35(1): 204–210. (in Chinese with English abstract)
- [14] 戴玉成. 一种新的药用真菌: 瓦尼木层孔菌(杨黄) [J]. 中国食用菌, 2003, 22(5): 7–8.
DAI Y C. A new medicinal fungus: *Phellinus vaninii* [J]. *Edible Fungi of China*, 2003, 22(5): 7–8. (in Chinese with English abstract)
- [15] 戴玉成, 图力古尔. 中国东北野生食药真菌图志 [M]. 北京: 科学出版社, 2007.
- [16] DAI Y C, NIEMELA T. Changbai wood-rotting fungi 4: some species described by A. S. Bondartsev and L. V. Lyubarsky from the Russian Far East [J]. *Annales Botanici Fennici*, 1995, 32: 211–226.
- [17] 范宇光, 秦立武, 吴秀玲, 等. 瓦尼木层孔菌及其人工栽培技术 [J]. 中国食用菌, 2009, 28(2): 24–25.
FAN Y G, QIN L W, WU X L, et al. Medicinal fungi *Phellinus vaninii* and its artificial cultivation [J]. *Edible Fungi of China*, 2009, 28(2): 24–25. (in Chinese with English abstract)
- [18] 程鑫颖, 包海鹰, 丁燕, 等. 瓦宁木层孔菌中5个化合物的抗肿瘤活性筛选 [J]. 菌物研究, 2011, 9(3): 176–179.
CHENG X Y, BAO H Y, DING Y, et al. Study on antitumor activity of *Phellinus vaninii* *in vitro* [J]. *Journal of Fungal Research*, 2011, 9(3): 176–179. (in Chinese with English abstract)
- [19] 程鑫颖. 瓦宁木层孔菌子实体抗肿瘤及抗氧化活性成分的研究 [D]. 长春: 吉林农业大学, 2011.
CHENG X Y. Study on antitumor and antioxidant activity constituent of fruiting body of *Phellinus vaninii* Ljub [D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2011. (in Chinese with English abstract)
- [20] 曹春蕾, 韩美玲, 崔宝凯, 等. 三种木层孔菌子实体不同溶剂提取物抗氧化活性的研究 [J]. 菌物学报, 2013, 32(5): 883–890.
CAO C L, HAN M L, CUI B K, et al. Antioxidant activities of different fractional extracts from fruiting bodies of three *Phellinus* species [J]. *Mycosystema*, 2013, 32(5): 883–890. (in Chinese with English abstract)
- [21] 吕英华, 杜明, 高凯, 等. 野生桑黄菌固体培养基配方的优化试验 [J]. 蚕业科学, 2010, 36(4): 676–679.
LV Y H, DU M, GAO K, et al. An optimization test on solid medium for wild *Phellinus linteus* [J]. *Science of Sericulture*, 2010, 36(4): 676–679. (in Chinese with English abstract)
- [22] 曹春蕾, 崔宝凯, 包海鹰. 桑木层孔菌固体培养条件的研究 [J]. 菌物学报, 2011, 30(3): 486–490.
CAO C L, CUI B K, BAO H Y. Solid culture conditions of *Phellinus mori* [J]. *Mycosystema*, 2011, 30(3): 486–490. (in Chinese with English abstract)
- [23] 宋吉玲, 王伟科, 程俊文, 等. 野生桑黄的分离鉴定及培养特性研究 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2020, 48(3): 129–136.
SONG J L, WANG W K, CHENG J W, et al. Isolation and cultivation of wild *Sanghuangporus* [J]. *Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition)*, 2020, 48(3): 129–136. (in Chinese with English abstract)

(责任编辑 虞梦雪)

纳米复合膜材料在养殖污水油水分离中的应用及性能评估

姜运山, 吴华健, 余斌, 欧阳银娟, 王静静

(池州职业技术学院 生物与健康系, 安徽 池州, 247100)

摘要:以高分子聚合物 PVDF 作为主要原材料, 制备不同二氧化硅质量分数的多通道结构纳米复合膜材料. 通过 SEM 形貌、油截留量、油滴接触角和粗糙度测试, 评估制备材料在养殖污水油水分离中的性能. 结果显示: 二氧化硅质量分数的增加先改善了纳米纤维膜的 SEM 形貌和相容性, 但超过 28% 会导致膜干裂; 含有 28% 二氧化硅的纳米膜 S05 在油水分离中表现最佳, 油截留率达到最高值, 为 98%, 其高油截留率归因于亲水疏油性和优化的孔隙结构; 随着二氧化硅质量分数的增加, 油滴接触角先增后减, 当膜材料中二氧化硅的质量分数在 12%~20% 范围内时, 油滴的接触角逐渐增大, 然而, 随着膜材料中二氧化硅的质量分数进一步增加到 24%~28% 时, 油滴的接触角呈现减小趋势, 表明适量二氧化硅提升油水分离性能; 纳米纤维膜的表面粗糙度随二氧化硅质量分数增加而增大, 适度的粗糙度有利于油水分离性能的提升.

关键词: 纳米复合膜材料; 养殖污水; 水刻蚀; 油水分离; 二氧化硅

中图分类号: TQ028.8

文献标识码: A

文章编号: 1009-8879(2024)06-0021-08

0 引言

养殖污水中的油类污染物不仅造成严重的环境污染, 还可能影响水产品的质量和安全^[1]. 近年来, 纳米复合膜材料因其独特的物理化学性质, 在油水分离领域显示出巨大的应用潜力. 纳米复合膜材料是由纳米颗粒和聚合物材料组成的一种新型功能材料, 结合了纳米颗粒的小尺寸效应、表面效应和量子效应, 以及聚合物材料的稳定性和可加工性. 同时, 纳米复合膜材料通过其独特的润湿性和疏油性, 可以有效地分离油水混合物^[2].

养殖污水中含有大量的油脂、蛋白质等有机物, 在排放过程中容易形成稳定的乳液, 对油水分离提出了很大的挑战. 传统的油水分离技

术, 如重力分离和浮选分离, 存在效率低、能耗高、操作复杂等缺点, 难以满足现代水产养殖对污水处理的要求. 从国内外研究来看, 纳米复合膜材料在油水分离领域的应用取得了一系列重要成果. 国外学者通过制备不同类型的纳米二氧化硅、纳米氧化铝等纳米复合膜材料, 实现了对油水混合物的有效分离. 国内学者在纳米复合膜的制备和性能研究方面也取得了重大进展, 如通过溶胶凝胶法、静电纺丝等技术制备了具有优异油水分离性能的纳米复合膜.

本研究旨在评价纳米复合膜材料在水产养殖污水油水分离中的应用性能, 并探讨其分离机理. 通过比较不同类型的纳米复合膜材料的性能差异, 为水产养殖污水的处理提供新的解决方案.

收稿日期: 2024-05-13

基金项目: 安徽省高校自然科学研究重点项目“碳纳米管复合聚丙烯腈静电纺丝抑菌膜对养殖污水油水分离性能研究”(2023AH053229).

作者简介: 姜运山, 池州职业技术学院生物与健康系讲师, 主要从事水处理、应用化工、生物化学、生物技术研究.

1 研究实例

1.1 研究背景

某养殖场位于典型的农业区,占地面积约50公顷.主要养殖品种有猪、牛和家禽.该养殖场采用集约化养殖模式,年出栏量达到数万头.该养殖场的基本概况如图1所示.



图1 养殖场基本概况

该养殖场在动物饲养过程中产生了大量包含动物粪便、尿液等污水,有机物浓度和悬浮物含量较高,并且还含有一定量的油脂.由于畜禽饲养过程中产生的粪便和尿液等有机物质不断积累,污水中的污染物浓度持续上升,处理难度较大.同时,污水中的油脂含量也较高,容易形成乳化状态,增加了处理的复杂性.

1.2 污水水量与水质

根据养殖场的规模和密度,每天产生的污水量约为 500 m^3 .这些污水主要来自畜禽养殖区、饲料加工区、清洗区等.同时,养殖场采用干粪清洗和水冲洗的方法对内部环境进行清洁.

养殖场的污水水质较为复杂,其显著特征在于含有高浓度的有机物质、氮、磷等关键营养成分,并伴随大量的悬浮固体和脂肪成分.更为棘手的是,其中的部分物质表现出较强的抗降解性.此外,污水中COD(化学需氧量)和BOD(生物需氧量)均呈现较高的浓度水平,这使得整体污水处理过程面临巨大的挑战和难度.另外,油含量也相对较高,主要由动物脂肪和植物

脂肪组成,可生化性较好.排放的污水水质变化范围较大,且早晚周期性较大.具体水质如表1所示.

表1 养殖场污水水质

指标	平均值/(mg/L)	范围/(mg/L)
COD	11 100	2 000~10 000
BOD	2 700	500~2 500
悬浮物	1 500	800~1 200
油脂	200	70~120
pH 值	4.3	6.5~7.5

综合上述分析可知,该养殖场的污水处理难度较大.为了有效处理这些污水,需要采用先进的污水处理技术和设备,并根据养殖场的实际情况进行科学合理的规划设计.

2 试验准备

2.1 试验材料

依据养殖场的基本概况与污水特点,结合污水水质,本研究采用多通道结构纳米纤维膜对试验污水进行处理,并利用水刻蚀法制备油水分离膜,以达到去除污染物的效果.

考虑到纳米复合膜材料应允许水分子通过,同时防止油分子在水-油混合物系统中通过^[3].因此,为了实现这一目标,膜材料需要具有亲水性和疏油性,才能形成稳定的水层来阻挡油分子的渗透.试验所需要的材料如表2所示.

表2 试验材料

材料名称	用量/(g/m ³)
高分子聚合物 PVDF	80
纳米填料二氧化硅	5
溶剂 DMF	500
表面活性剂 PVP	0.5
催化剂 AgNO ₃	0.05
添加剂抗氧剂	0.5
模板材料氧化铝	1.25
硅醇溶液	20
交联剂	0.5
润滑剂	0.1
固化剂	2.0
去离子水	500

聚合物是制备纳米复合膜的主要材料;纳米填料的加入可以增强纤维膜的结构稳定性,提高纤维膜的性能。溶剂可以确保聚合物能够完全溶解并形成均匀的纺丝溶液;表面活性剂用于控制纤维形态、促进反应和提高稳定性^[4];模板材料用于设计纳米复合膜的多通道结构;硅醇溶液可以使聚合物发生缩聚反应以生成凝胶;交联剂、润滑剂和固化剂等材料在纤维膜的制备中发挥着特定的作用,可以调节纺丝溶液的粘度、提高聚合物链之间的交联度、减少摩擦和促进固化。

多通道结构纳米纤维膜的制备需要多种材料,通过精确控制各种材料的用量和制备条件,可以制备出高性能的多通道结构纳米纤维膜。

2.2 试验仪器与设备

在制备多通道结构纳米纤维膜过程中以及测定油水分离效果时所需要的仪器设备如表 3 所示。

静电纺丝机作为制备纳米纤维膜的核心设备,其高压电场技术可以精确控制纤维的直径和形态,从而制备出具有多通道结构的纳米纤维膜;模板制备设备用于制备具有特定形状和尺寸的多通道模板;真空干燥箱确保纳米纤维膜在制备过程中能够充分干燥,以去除残留溶

剂^[5];接触角测量仪可以测量纳米纤维膜与水 and 油的接触角,从而评估其亲水性和疏油性;恒温水浴在油水分离性能测试中为系统提供恒温环境;液体分离装置可模拟实际油水分离过程;超声波清洁器用于清洗制备的膜材料,便于后续使用与分析。

表 3 试验设备仪器与具体型号

序号	仪器设备名称	具体型号
1	静电纺丝机	XYZ-ESP-100
2	模板制备设备	AL-TMP-500
3	真空干燥箱	DZF-6050
4	接触角测量仪	KSV CAM200
5	恒温水浴	HH-W420
6	油水分离装置	LS-1000
7	超声波清洁器	LabVIEW-based

3 试验过程

3.1 纳米复合膜材料的制备

本研究采用水刻蚀法制备多通道结构纳米纤维膜。制备过程主要包括浸渍、涂膜、水刻蚀、模板去除和干燥 4 个步骤,具体如图 2 所示。

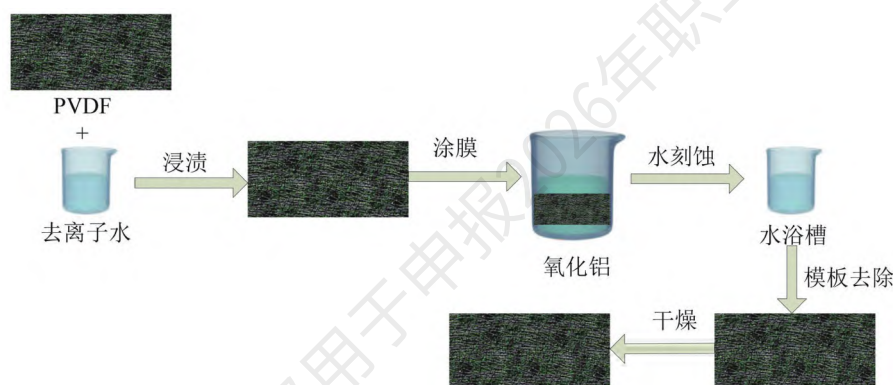
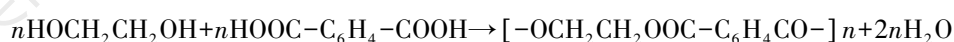


图 2 多通道结构纳米纤维膜制备流程

将 PVDF 浸渍到 1 mL 去离子水中,并添加二氧化硅,然后用 0.5、1.0、1.5、2.0 和 2.5 mol/L 硅醇溶液进行缩聚反应形成湿凝胶;通过静电纺丝机与模板将聚合物凝胶均匀涂抹在氧化铝模板上,并加入 50 g/m³ 的 DMF,形成薄膜;将模

板浸入含有 0.01 g/m³ 催化剂与 0.2 g/m³ 抗氧化剂的水浴中,并添加少量交联剂与润滑剂,通过水蚀刻,聚合物在模板的多通道结构中形成纳米纤维^[6]。水刻蚀反应过程可表示为:



通过高温处理方法将表面活性剂均匀涂抹在模板上,去除氧化铝模板,从而打造多孔通道结构;将制成的膜材料模板放入真空干燥箱中,并加入 1.0 g/m^3 固化剂,在 120°C 的条件下干燥 12 h,以去除溶剂。

纳米纤维膜在不同含量硅醇溶液中进行缩聚反应生成含不同质量分数二氧化硅的复合纳米膜材料:

$$w_0 = \frac{A_1}{A_1 + b_2} \quad (1)$$

式中: A_1 表示 PVDF 的质量分数; b_2 表示硅醇溶液的体积。

根据式(1)计算得到的多通道纳米纤维膜中含有的二氧化硅质量分数分别为 12%、16%、20%、24%和 28%,依次命名为 S01-S05,且每个样品各制备 5 份。

3.2 纳米复合膜材料在污水油水分离中的应用

为深入研究纳米复合膜材料在养殖场污水油水分离中的应用,以该养殖场污水为试验水源,利用制备的多通道结构纳米纤维膜通过膜材料预处理、膜组件组装和油水分离操作 3 个步骤完成污水油水分离。具体实现过程描述如下。

3.2.1 膜材料预处理

将纳米复合膜材料放入超声波清洁器中,加入 200 mL 去离子水作为清洁剂。打开超声波清洁器,利用超声波的振动去除膜材料表面的杂质和未反应物质。清洁时间设置 10 min。清洗后,用 100 mL 去离子水冲洗膜材料至中性,然后在真空干燥炉中 60°C 温度下干燥 3 h。将干燥的纳米复合膜材料浸入改性的溶液中,浸渍时间为 24 h,使膜材料的表面与改性溶液中的官能团发生反应,从而改变膜表面的亲水性或疏油性^[7]。改性溶液的用量可由下式确定,即:

$$B = q \times j \times p \quad (2)$$

式中: q 表示膜材料的面积; j 表示浸渍溶液的浓度; p 表示浸渍溶液的密度; B 表示改性溶液的使用量。

浸渍后,去除膜材料,用去离子水冲洗至中性,然后将其放在液体分离装置中,调节分离速率为 100 rpm 以去除多余的改性溶液。最后,将膜材料放入真空干燥炉中进行二次干燥,即可

完成膜材料的预处理。

3.2.2 膜组件组装

根据膜材料的设计尺寸,使用剪刀将纳米复合膜材料切割成长 * 宽 = $50 \text{ cm} \times 30 \text{ cm}$,并确保切割薄膜的边缘平整且未损坏^[8]。将切割好的薄膜按一定顺序堆放在薄膜堆放架内。在堆叠过程中,使用厚度为 2 mm 的密封材料确保膜之间紧密配合,防止泄漏,然后使用固定装置或螺栓将隔膜固定到框架上。在框架的入口和出口位置安装管道和配件,以保证膜组件的流体顺利进出。同时使用密封剂将管道与膜组件之间的连接处进行密封。

组装完成后,对膜组件进行测试和调试。首先,使用流体泵将流体引入膜组件,并观察是否有任何泄漏^[9]。然后,通过调节阀门和压力表,控制流体流量和压力,确保膜组件在最佳工作条件下运行。

3.2.3 油水分离

根据污水中固体杂质的大小,设计机械格栅间隙为 10 mm,养殖场产生的污水首先用机械格栅进行处理,以去除较大的固体杂质和悬浮固体。通过格栅的污水进入污水收集池,通过 5 kW 功率的搅拌机搅拌均匀^[10]。并加入混凝剂,以进一步去除污水中的固体与悬浮物。混凝剂的投加量利用式(3)计算:

$$W = T \times R \quad (3)$$

式中: T 表示原水的浊度; R 表示药剂投加率; W 表示混凝剂的投加量。

预处理后的污水通过压力泵进入装有 S01-S04 的 4 种多通道纳米纤维膜分离装置中。控制压力为 $5 \text{ m}^3/\text{h}$,在压力作用下,污水中的油和水在多通道纳米纤维膜上分离,即油被截留在膜的一侧,而水则通过膜的孔隙流出^[11]。通过流量计和控制系统实时监测流量和压力,确保分离过程稳定高效。

将分离出的油收集到 500 L 的收集罐中,用于后续处理或回收,分离出的清水进入 10 m^3 清水储罐,准备进行后续消毒处理。采用紫外线消毒器对清水进行消毒,确保水质达到排放标准。

通过上述流程利用多通道结构复合纳米膜材料对该养殖场污水进行油水分离处理,并通过分离效果测试,对应用性能进行评估。

4 应用性能评估

4.1 SEM 形貌分析

纳米纤维膜的高孔隙率和合适的孔径对于油水分离至关重要。图 3(a) S01 表面形貌整洁,随着二氧化硅质量分数的增加,白点也随之增

加,并且二氧化硅均达到纳米级分散;图 3(b) S02 形成的二氧化硅在聚乳酸中团聚,表面破坏严重;图 3(e) S05 团聚相较于 S03 和 S04 减少,表面形貌最为整洁,相容性明显提高;当二氧化硅质量分数再次增加大于 28% 时会造成纳米纤维膜干裂,不能满足日常使用,利用价值下降。

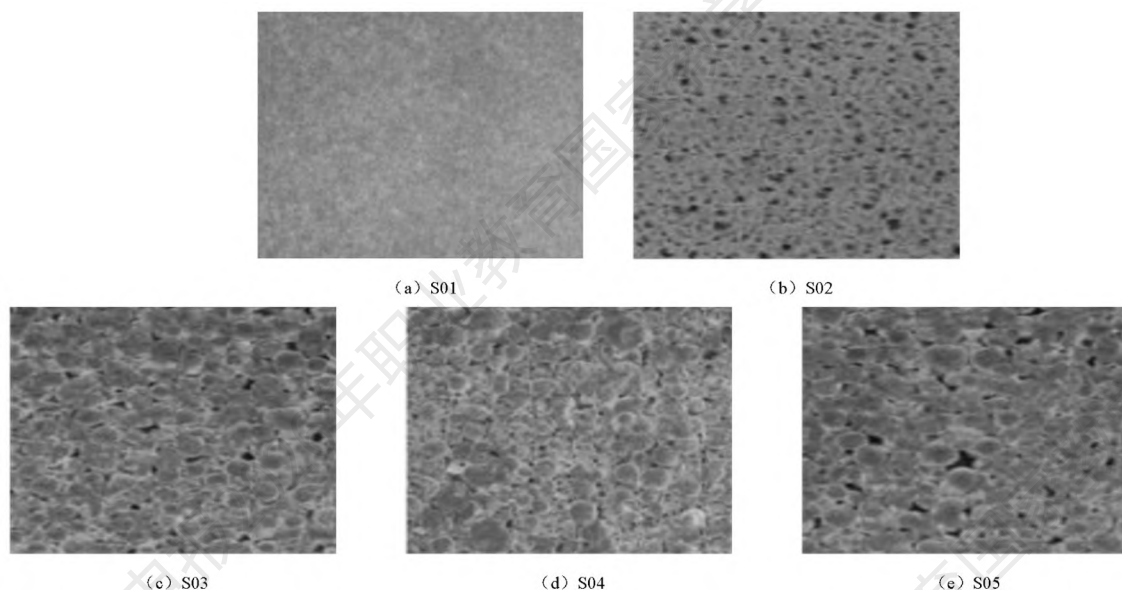


图 3 SEM 形貌分析

4.2 油截留量测试

为了分析纳米复合膜材料的油水分离性能,对利用纳米复合膜材料对污水进行截留前后液体中的水含量进行测试,计算油截留量。公式为:

$$J = \frac{V}{t \cdot C} \quad (4)$$

式中: V 表示污水取样体积; t 表示截留时间; C 表示膜通量,其计算方法为:

$$C = \frac{1 - D}{E} \quad (5)$$

式中: D 表示膜的有效面积; E 表示透过液体的浓度。

测试过程如下。首先利用恒压泵,使污水以 1 L/min 的流速通过纳米复合膜,并使用流量计监测与记录污水通过隔膜的流速;其次,收集膜另一侧分离出的油和水,使用水分测量仪分别称量污水过滤前后液体的水含量,并记录结果^[12];最后,为了确保结果的可靠性,进行多次

重复试验,并记录每个试验的水分截留数据。

通过以上测试过程,结合公式(4)计算污水过滤前后水分的截留率,以此评估膜材料在油水分离中的效果。测试结果如表 4 所示。

表 4 油截留率测试结果

膜材料序号	原水体积/L	透过油体积/L	油截留率/%
S01	10	9.2	92
S02	10	9.3	93
S03	10	9.4	94
S04	10	9.6	96
S05	10	9.8	98

在表 4 中,比较了不同二氧化硅质量分数的多通道结构纳米膜在养殖场污水油水分离处理中的性能。从表中的数据可以看出,当使用含有质量分数为 30% 的二氧化硅的纳米膜 S05 时,油截留率达到最高值。这意味着在相同的试

验条件下,S05 纳米膜可以更有效地拦截污水中的油,表现出优异的油水分离性能. 出现这种现象的原因主要是由于当二氧化硅质量分数增加时,纳米复合膜的表面性质可能会发生变化,变得更加亲水和疏油,从而使得膜更容易被水润湿,形成一层水膜,有效防止油通过^[13]. 同时,二氧化硅的加入可能会改变纳米膜的孔结构,使孔径更加均匀和适中. 这种优化的孔隙结构可以有效地保留油,同时允许水分子顺利通过. 此外,二氧化硅作为一种无机材料,具有很高的机械强度^[14]. 因此,随着二氧化硅质量分数的增加,纳米复合膜的机械强度也相应增加,这有助于保持膜的完整性,能抵抗污水中的化学腐蚀进而达到较好的油水分离效果.

4.3 油滴接触角测量

使用接触角测量仪,调整显微镜的焦距和光源,以确保清晰观察油滴与薄膜表面之间的接触. 使用滴管在纳米复合膜表面滴加一滴污水,并测量油滴接触角. 油滴接触角计算公式如下:

$$\cos\theta = \frac{Y - Q}{F} \quad (6)$$

式中: Y 表示测量仪与气体之间的表面张力; Q 表示测量仪与液体之间的表面张力; F 表示液体与气体之间的表面张力; θ 表示接触角,即液滴与固体表面之间形成的界面的夹角.

重复上述步骤,对每种类型的纳米复合膜进行多次接触角测量,以确保数据的准确性和可靠性. 油滴接触角测试结果如图4和图5所示.

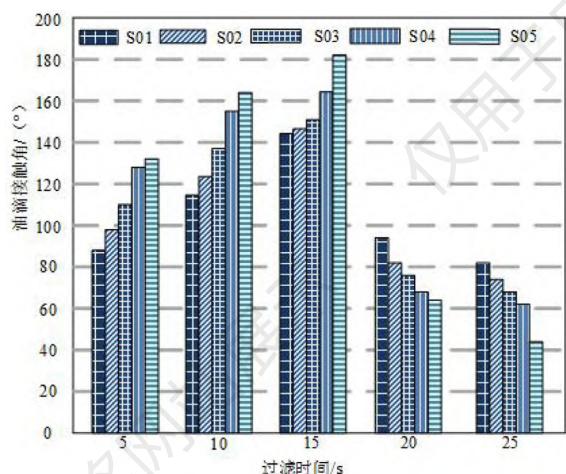


图4 油滴接触角测量结果

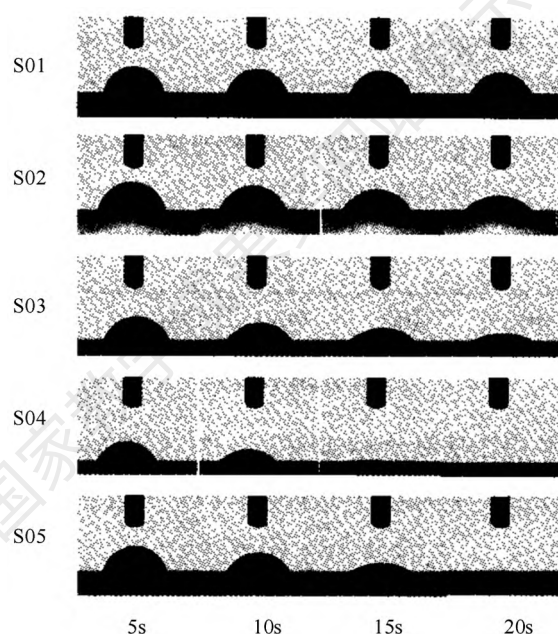


图5 油滴接触角镜像图

图4显示具有不同二氧化硅质量分数的纳米复合膜(S01-S05)在油水分离过程中油滴接触角的变化. 从图中可以看出,随着膜材料中二氧化硅质量分数的增加,污水中油滴的接触角呈现先增大后减小的趋势,油滴的接触角也逐渐增大. 这表明,在这个范围内增加二氧化硅的质量分数可以显著提高纳米复合膜材料的油水分离性能. 这是因为二氧化硅的加入可以提高膜表面的润湿性和疏油性,使油滴更容易在膜表面形成较大的接触角,从而有利于油水分离^[15-16]. 然而,随着二氧化硅的质量分数进一步增加到S04的24%和S05的28%,油滴的接触角呈现减小趋势. 这表明增加二氧化硅含量超过一定质量分数将对油水分离效果产生不利影响. 这主要是由于随着二氧化硅质量分数的增加,纳米复合膜的表面粗糙度可能会发生变化^[17-18]. 适度的粗糙度有利于油滴在膜表面形成较大的接触角,但过大的粗糙度可能导致油滴与膜表面的接触状态不稳定,从而降低油水分离效果. 并且,二氧化硅的加入会影响纳米复合膜的孔结构和孔径分布. 适量的孔结构有助于油滴的渗透和保留,但过量的二氧化硅可能导致孔径变小或孔堵塞,降低油水分离性能. 由图5可知,不同二氧化硅质量分数的纳米复合膜促进了水在膜表面的浸润与铺展,二氧化硅质量分数的增加,进一步提高了膜的亲水性. 其

中,S05 的表面平均孔径有了明显增大,因此对水滴的快速浸润也起到了促进作用。

4.4 粗糙度测试

在纳米纤维膜中,二氧化硅的含量可能会影响膜的微观结构和表面形貌,进而影响其粗糙度。结果如图 6 所示。

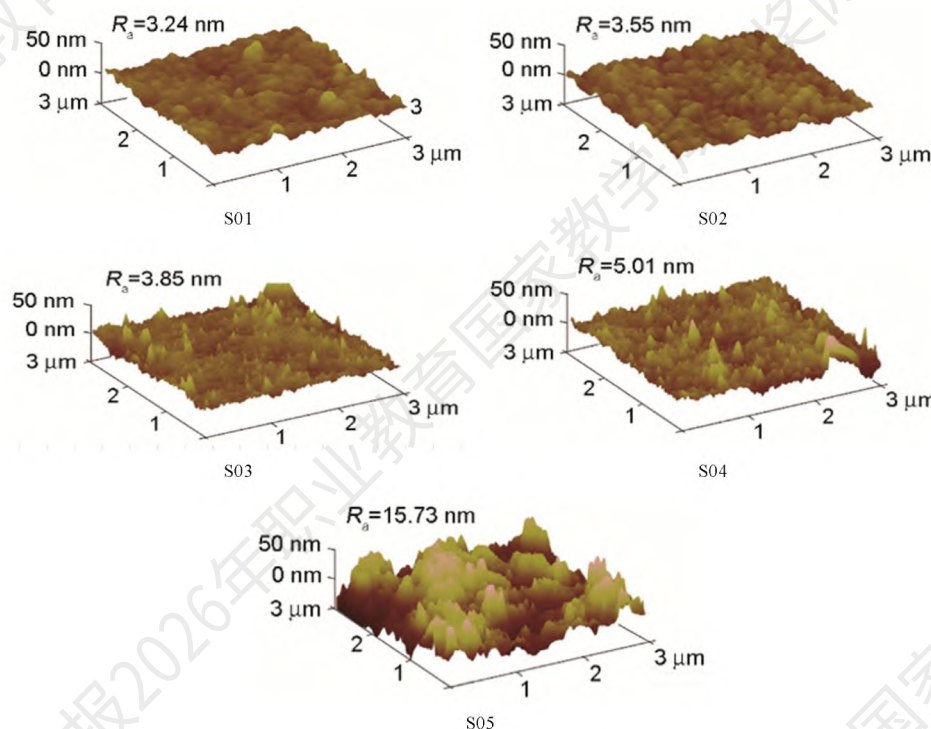


图 6 粗糙度分析

由图 6 可知,随着二氧化硅质量分数的增加,纳米纤维膜的表面粗糙度由 3.24 nm 增长至 15.73 nm。这是因为二氧化硅颗粒的引入会在纤维表面形成凸起或改变其形貌,从而增加粗糙度。以上数据与接触角数据相吻合,即当二氧化硅质量分数较低时,纳米纤维膜粗糙度较高,其接触角较大。上述结果证明了纳米纤维膜粗糙度的增加有利于疏水性能的提高。

综上所述,尽管在一定范围内增加二氧化硅的质量分数可以提高纳米复合膜材料的油水分离性能,但过高的质量分数可能会由于表面粗糙度、孔隙结构的影响而降低油水分离效果。

5 总 结

纳米复合膜材料由于其独特的物理化学性质,在油水分离领域显示出巨大的潜力。这些研究不仅为养殖业污水处理提供了新的解决路径,也为纳米材料在环境保护领域的应用开辟了新的途径。未来,将进一步优化和提高纳米复

合膜材料的油水分离性能,为环境保护和可持续发展做出更大贡献。

参考文献:

- [1] 张慧琳,于鹏,朱慎恪. 二维过渡金属碳化物/氮化物超浸润油水分离膜[J]. 化工科技, 2023, 31(3): 96-102.
- [2] 黄庆林,郑涵文,杜雄飞,等. PVDF 纳米纤维膜的制备及其油水分离性能[J]. 天津工业大学学报, 2023, 42(6): 10-16.
- [3] 杜汶骏,徐朱宏,徐渊强,等. 基于壳聚糖的纳米纤维膜在空气过滤及油水分离领域的应用[J]. 东华大学学报(自然科学版), 2023, 49(6): 66-72.
- [4] 宁连超,韩雅欣,李群星,等. 改性废弃口罩熔喷布疏水膜的制备及油水分离性能[J]. 高校化学工程学报, 2023, 37(5): 760-768.
- [5] 俞赫威,李成才,徐毅辉,等. 超亲水 PVDF 纤维复合膜的制备及其油水分离性能研究[J]. 水处理技术, 2023, 49(5): 36-39+44.
- [6] 顾欣悦,徐国纲,王超,等. 莫来石晶须陶瓷膜的制

- 备及其油水分离性能[J]. 山东科技大学学报(自然科学版), 2023, 42(2): 70-77.
- [7] 杨冬, 杨凯隼, 贾彤彤, 等. 静电纺聚偏二氟乙烯纤维膜的制备及其在油水分离中的应用[J]. 陕西科技大学学报, 2023, 41(2): 78-87.
- [8] 王海荣, 黄琪雯, 彭锋, 等. 复印纸基油水分离膜材料的制备与性能[J]. 林业工程学报, 2023, 8(1): 96-103.
- [9] 方健, 凌亿锋, 沈雄, 等. 卧式斜板重力除油器油水分离性能影响因素分析[J]. 中国海上油气, 2022, 34(6): 188-195.
- [10] 郎集会, 陈诺, 梁慧聪, 等. TiO_2 基油水分离膜的合成及其在油水分离中的应用[J]. 吉林师范大学学报(自然科学版), 2022, 43(4): 17-24.
- [11] 花绍强, 周志辉, 吴红丹, 等. $\text{MoS}_2/\text{MXenes}/\text{PES}$ 复合膜的制备及其油/水分离性能[J]. 武汉科技大学学报, 2022, 45(6): 430-437.
- [12] 陈微微, 陈妍, 夏孟胜, 等. 超亲水天然多酚改性膜的制备及其油水分离性能[J]. 精细化工, 2023, 40(4): 829-837.
- [13] 韩云娇, 王晨轩, 田素然, 等. 原料粒度与膜形状对炭膜油水分离性的影响[J]. 山东化工, 2022, 51(18): 20-22.
- [14] 洪汉火, 廖腾飞, 唐其金, 等. 海藻酸钠/聚乙烯醇/尼龙复合膜在油水分离中的应用研究[J]. 化工新型材料, 2022, 50(7): 267-272.
- [15] 袁茹欣, 陈文革, 栗雯绮, 等. 基于油水分离的氧化石墨烯/二氧化硅复合膜的制备与性能研究[J]. 膜科学与技术, 2022, 42(3): 97-105.
- [16] 雷龙旺, 姚志阳, 余音, 等. 短纤维复合材料微观模型重构方法[J]. 计算机仿真, 2023, 40(10): 300-306.
- [17] 柳敦雷, 陆佳颖, 薛甜甜, 等. 超疏水隔热聚酯纳米纤维/二氧化硅气凝胶复合膜的制备及其性能[J]. 纺织学报, 2023, 44(7): 18-25.
- [18] 任茜, 王学伟, 李霄, 等. 无色透明聚酰亚胺-二氧化硅纳米复合薄膜的制备与性能[J]. 绝缘材料, 2023, 56(2): 54-62.

Application and Performance Evaluation of Nanocomposite Membrane Materials in Oil-Water Separation of Aquaculture Wastewater

JIANG Yunshan, WU Huajian, YU Bin, OUYANG Yinjuan, WANG Jingjing
(Department of Biology and Health, Chizhou Vocational and Technical College,
Chizhou Anhui 247100, China)

Abstract: Multi-channel structured nanocomposite membrane materials with different mass fractions of silica is prepared by using polymer PVDF as the main raw material. The performance of the prepared material in oil-water separation of aquaculture wastewater is evaluated through SEM morphology, oil retention, oil droplet contact angle, and roughness testing. The results showed that an increase in the mass fraction of silica first improved the SEM morphology and compatibility of the nanofiber membrane, but exceeding 28% would lead to membrane drying and cracking; the nano film S05 containing 28% silica performed the best in oil-water separation, with the highest oil retention rate of 98%; its high oil retention rate is attributed to its hydrophilicity, oleophobicity, and optimized pore structure; and as the mass fraction of silica increases, the contact angle of oil droplets first increases and then decreases. When the mass fraction of silica in the membrane material is within the range of 12% to 20%, the contact angle of oil droplets gradually increases. However, as the mass fraction of silica in the membrane material further increases to 24% to 28%, the contact angle of oil droplets shows a decreasing trend, indicating that an appropriate amount of silica improves the oil-water separation performance. The surface roughness of nanofiber membranes increases with the increase of silica mass fraction, and moderate roughness is beneficial for improving oil-water separation performance.

Key words: nanocomposite membrane materials; farming wastewater; water etching; oil water separation; silicon dioxide

[责任编辑: 崔 萍]

地方文旅产业升级与乡村振兴的耦合协调评价研究

袁学勇

(安徽六安职业技术学院,安徽 六安 237158)

摘要:以M地区为研究对象,采用耦合协调度,对2014—2023年地方文旅产业升级与乡村振兴的耦合协调评价进行了研究,结果表明,文旅产业与乡村振兴的耦合度持续增强,其协调等级已从濒临失调的境地稳步跃升至良好层次,展现出显著的耦合效应,目前正期待进入更高层次的耦合阶段。乡村振兴战略通过全面推动,促进了文旅产业的繁荣,并以此为契机,加速了乡村振兴的步伐,二者耦合过程中,乡村文化、农业产业及特色农产品的融入需经历一段磨合期。文旅产业系统与乡村振兴系统经历耦合调整阶段,需要一段发展磨合期,才能实现互补发展。

关键词: 文旅产业; 乡村振兴; 耦合协调度; 评价

中图分类号: F592.7 **文献标识码:** A **文章编号:** 1673-6125(2025)01-0026-06

DOI:10.16856/j.cnki.52-1142/n.2025.01.019

Research on the Coupling and Coordination Evaluation of Local Cultural and Tourism Industry Upgrading and Rural Revitalization

YUAN Xue-yong

(Anhui Liúán Vocational and Technical College, Luán, Anhui 237158)

Abstract: Taking District M as an example, this paper delves into the synergistic progress of cultural tourism industry upgrading and rural revitalization strategies between 2014 and 2023 using the coupling coordination evaluation method. The results show that the coupling degree between cultural and tourism industry and rural revitalization shows a steady increase trend, The coordination level has ascended from near imbalance to good status, exhibiting a favorable coupling effect, and the coupling stage needs to be transformed to a higher level. The core of coordinated cultural tourism and rural revitalization lies in promoting rural tourism strategies; To facilitate rural revitalization and cultural tourism growth, their coupling process involves rural cultural renewal, agricultural industry, characteristic agricultural products, etc., which require a certain amount of time for adaptation. The cultural tourism and rural revitalization systems have undergone one a coupling and adjustment phase, and require some period of development and adjustment to achieve complementary development.

Key words: Cultural and tourism industry; Rural revitalization; Coupling coordination; Evaluate

实现乡村振兴,乡村旅游扮演着至关重要的角色,它不仅能够促进乡村的整体进步,还依据乡村振兴战略的指导文件,为乡村旅游的规范化发展指明了方向^[1]。结合乡村的自然景观和文化特色,利用科技手段,乡村吸引了那些寻求不同休闲方式的居民。进而,在乡村农业发展的坚实基础上,农业与文旅产业实现了有机结合,这一举措不仅加强了城乡之间的联系,还促进了文化与经济在

更高层面上的协同发展^[2]。转变农业发展方式是农村发展的关键突破点,通过拓展产业链,显著提升农业附加值,为农村注入新的增长动力^[3]。另一方面,文旅产业的蓬勃发展,被动地增强了农村的发展活力,成为推动城乡互补、城市带动乡村、实现共同繁荣的重要途径^[4]。近年来,随着乡村旅游的持续繁荣,文旅产业与农民收入提升、乡村振兴战略、农村地区经济发展以及乡村建设等重要议

收稿日期:2024-10-21

基金项目:六安职业技术学院“助力乡村振兴,大力发展农旅融合研究”(XJkY02303)

作者简介:袁学勇,男,硕士、讲师。研究方向:旅游管理。

— 26 —

题,已成为社会关注的焦点,并得到了深入的探讨与研究^[8]。省域乡村振兴与乡村旅游耦合协调度评估显示,两者耦合态势明显,存在显著的相互依存关系,且相互促进的效果日益明显,呈现出良好的协同发展态势^[9];学者对我国乡村振兴及乡村旅游协同测度,结果显示两者耦合协调度稳步上升,互动融合趋势明显^[10]。目前,研究文旅产业和乡村振兴两者间融合的研究较少,在乡村振兴战略背景下,对文旅产业与乡村振兴的耦合关系研究意义重大,因此,本文以 M 地区为研究对象,采用耦合协调度,对地方文旅产业升级与乡村振兴的耦合协调评价进行了研究。

1 研究区域概况及数据来源

1.1 研究区域概况

M 地区属于黄土高原,主要为山地。M 地区地势特征显著,东南部较低,西北部较高,中部凹陷,且四面皆山,河流稀缺,平均海拔为 805 米。该地区总面积 1102 平方千米,耕地面积占 29.2 万亩,常住人口规模为 16.30 万人。2023 年,全年共接待 216.53 万人次游客,同比增长 240.46%;门票收入为 2442.45 万元;旅游综合收入为 12072 万元,同比增长 132.15%。

1.2 数据来源

本研究数据来自 2014—2023 年 M 地区《M 地区发展年鉴》《M 地区农村年鉴》、M 地区历年政府工作报告、M 地区政府、文化和旅游厅发布的统计数据及相关信息。

2 构建文旅产业与乡村振兴评价指标体系

2.1 文旅产业评价指标体系选取

本文结合相关文献^[8,9],依据需求状况、产业效应和资源基础的一级指标框架,结合文献中的高频指标,经过细致的分析与筛选,确定了六个关键维度来全面评估乡村旅游的发展状况,它们分别是:人均旅游消费、旅游人次、农家乐数量、已开发旅游景点的数量与质量、住宿餐饮零售业销售总额,以及乡村旅游对促进就业人数的贡献,作为衡量文旅产业发展的二级评价指标。

2.2 乡村振兴评价指标选取

根据目前学术界的研究成果^[10],对乡村发展指标体系进行研究,为全面反映乡村振兴状况,选取了以下九个二级指标:全社会固定资产投资以衡

量资本投入规模,地区生产总值来体现经济发展水平,空气质量良好以上天数展现生态环境质量,森林覆盖率反映自然生态资源保护成效,一般公共预算支出揭示政府财政支持力度,卫生院床位数体现医疗卫生服务能力,公共管理和社会保障及社会组织法人单位数彰显社会治理与保障水平,人均住房面积衡量居民居住条件,农民人均可支配收入则直接反映农村经济收益与生活水平。

2.3 文旅产业与乡村振兴评价指标阐释

2.3.1 文旅产业评价指标

旅游经济的发展水平可通过人均旅游支出、旅游者数量以及旅游景点的开发数量来衡量。至于区域旅游资源的规模与接待潜力,则通过带动就业人数、农家乐数量以及住宿餐饮零售总额等指标来体现,它们从侧面表明了维持文旅产业良好运行所需的资源条件与支撑能力。

2.3.2 乡村振兴评价指标

产业兴旺的发展程度,可以通过全社会固定资产投资规模、地区生产总值增长以及农业机械总动力的大小来衡量。至于生态宜居的发展状况,采用空气质量良好天数占比、森林覆盖度、卫生院床位数三指标,体现乡村生态与公共服务状况。生活水平及生活状态的衡量,可依据公共管理和社会保障领域法人单位的数量、一般公共预算支出的总量、人均享有的住房面积大小以及农民人均可支配收入的多少来进行综合评估。

2.4 指标权重确定

熵值法可避免人为主观因素影响,在一定程度上较客观,本文利用熵值法来对文旅产业与乡村振兴耦合协调度指标权重进行确定,并通过 Min-max 标准化方法,对两大系统中共 15 个不同量纲的原始数据指标进行预处理,以消除差异:

$$X_i = \frac{(x_i - x_{\min})}{(x_{\max} - x_{\min})}; Y_i = \frac{(y_i - y_{\min})}{(y_{\max} - y_{\min})} \quad (1)$$

式(1)中,原始指标值 x_i, y_i 分别代表各变量初始数据;转换后的指标值 X_i, Y_i 表示标准化后的结果。同时,我们定义历年最小值 $x_{\min}, y_{\min}$,作为标准化处理中的基准值;历年最大值用 $x_{\max}, y_{\max}$ 表示,然后再进行指标权重的计算,用熵值法对指标赋权:

$$S_{ij} = X_{ij} / \sum_{i=1}^n X_{ij} \quad (2)$$

第三步,对第 j 项指标的熵值 h_i 进行计算:

$$h_i = - (1/\ln n) \sum_{i=1}^n S_{ij} \ln S_{ij} \quad (3)$$

第四步,对第 j 项指标差异度进行计算: $\alpha_j = 1 - h_i$
 然后对第 j 项指标的权重进行计算: $\lambda_j = \alpha_j / \sum_{i=1}^n \alpha_j$

经过以上计算能够获取文旅产业与乡村振兴系统各项指标在不同年份的权重数据。表 1 为乡村振兴与文旅产业系统评价指标体系及其相应的权重分配。

表 1 乡村振兴与文化旅游产业评估指标体系及其权重分配

耦合子系统	一级指标	二级指标	单位	权重
乡村振兴	产业兴旺	地区生产总值 x1	万元	0.0892
		全社会固定资产投资 x2	万元	0.1163
	生态宜居	森林覆盖率 x3	%	0.1085
		空气质量良好以上天数 x4	天	0.1148
		卫生院床位数 x5	%	0.1337
	治理有效	一般公共预算支出 x6	万元	0.1142
		公共管理、社会保障和社会组织法人单位数 x7	个	0.1005
	生活富裕	农民人均可支配收入 x8	万元	0.1157
		人均住房面积 x9	m ²	0.1071
文旅产业	需求状况	旅游人次 y1	人	0.1492
		人均旅游消费 y2	万元	0.1574
	资源基础	已开发旅游景点 y3	个	0.2081
		农家乐户数 y4	户	0.1342
	产业效应	住宿餐饮零售总额 y5	万元	0.1372
		带动就业人数 y6	人	0.2139

3 文旅产业与乡村振兴耦合协调度评价模型

3.1 功效函数

耦合系统序参量 $U_i (i = 1, 2, 3, \dots, m)$ 代表系统各维度, U_{ij} 表示第 i 个序参量的第 j 个指标值。当系统处于稳定状态时,已知 U_{ij} 的最大与最小值分别由 α_{ij} 和 β_{ij} 表示,有序功效系数 U_{ij} 的计算公式如下:

$$\begin{cases} U_{ij} = (X_{ij} - \beta_{ij}) / (\alpha_{ij} - \beta_{ij}), U_{ij} \text{ 具有正功效} \\ U_{ij} = (\alpha_{ij} - X_{ij}) / (\alpha_{ij} - \beta_{ij}), U_{ij} \text{ 具有负功效} \end{cases} \quad (4)$$

在式(4)中, U_{ij} 的取值范围界定于 0 至 1 之间,用以量化各项指标达成目标值的满意度。具体而言, U_{ij} 值趋近于 0 时,表示满意度越低;反之,趋近于 1 时,满意度越高。其具体的计算公式阐述如下:

$$U_i = \sum_{j=1}^m \lambda_{ij} U_{ij} \quad (5)$$

在式(5)中,第 i 年的耦合系统综合评价值被标记为 U_i , U_{ij} 代表综合发展指数,而 λ_{ij} 则用于表示耦合系统评价指标的权重分配。

3.2 耦合度模型

使用特定公式来评估文旅产业和乡村振兴之间的耦合关系:

$$C = [U_1 * U_2 / (U_1 + U_2)^2]^{1/2} \quad (6)$$

在式(6)中,耦合度 C 被用来衡量两个系统的结合紧密程度,文旅产业综合评价指数以 U_1 、 U_2 标识,而乡村振兴综合评价指数则统一用 U_2 表示。耦合度 C 的取值范围介于 0 至 1 之间:当 C 趋近于 1 时,表明系统有序性增强,形成良性耦合;反之, C 趋近于 0 则意味着系统趋向于无序状态。

3.3 耦合协调度模型

式(7)是本研究构建的文旅产业与乡村振兴耦合协调度模型:

$$D = \sqrt{C * F}, F = \alpha U_1 + \beta U_2 \quad (7)$$

在式(7)中,耦合协调度被标记为 D ,耦合度则由 C 来体现,协调指数设定为 F , α 与 β 作为尚待确定的系数。

3.4 耦合协调评价等级标准

在确立耦合协调等级评价标准的过程中,明确 D 的数值区间($0 \leq D \leq 1$) 是不可或缺的一环。当 D 值逼近 0 时,各系统间处于绝对的孤立状态,无相互作用,耦合度达到最小值,处于无序排列的初始阶段。在 D 值介于 0 至 0.29(不含 0, 含 0.29) 时,系统耦合协调发展尚处于初级阶段,两系统间影响微弱,整体协同性较低。当 D 值落入 0.3 至 0.69 区间时,两系统发展迅速,相互影响逐步增强,标志着进入中等耦合阶段。而 D 值达到 0.7

至 1.0 范围时,两系统则实现了最佳耦合状态,彼此间形成强烈正向促进,标志着高度耦合阶段的到来。表 2 为耦合协调等级的划分标准。

表 2 耦合协调度的分层标准

区间	0-0.09	0.1-0.19	0.2-0.29	0.3-0.39	0.4-0.49	0.5-0.59	0.6-0.69	0.7-0.79	0.8-0.89	0.9-1.00
等级	极度失调	严重失调	中度失调	轻度失调	濒临失调	勉强失调	初级失调	中级失调	良好失调	优质失调
发展水平	初级阶段	初级阶段	初级阶段	初级阶段	中级阶段	中级阶段	中级阶段	高级阶段	高级阶段	高级阶段

4 结果与分析

通过功效函数式可将文旅产业与乡村振兴耦合系统功效系数 U_{ij} 计算出来,在计算耦合系统各指标权重 λ_{ij} 的步骤完成后,可利用这些权重值来

对于文旅产业和乡村振兴两个评价系统的综合评价价值进行计算,分别记为 U_1 和 U_2 。在此步骤的作用下,得出了文旅产业与乡村振兴耦合系统的耦合协调度值和耦合度。表 3 为从 2014 年到 2023 年文旅产业与乡村振兴耦合系统的相关数据概览。

表 3 文化旅游产业与乡村振兴战略的互动耦合机制(2014 年至 2023 年)

年份	U_1 文旅产业	U_2 乡村振兴	耦合度 C	耦合协调度 D	协调等级	对比类型
2014	0.1379	0.3234	0.9175	0.4572	濒临失调	旅游滞后型
2015	0.0836	0.4574	0.7368	0.4492	濒临失调	旅游滞后型
2016	0.3020	0.4145	0.9978	0.5964	勉强协调	旅游滞后型
2017	0.2116	0.6075	0.8790	0.5992	勉强协调	旅游滞后型
2018	0.3661	0.5178	0.9954	0.6624	初级协调	旅游滞后型
2019	0.2883	0.5188	0.9670	0.6236	初级协调	旅游滞后型
2020	0.3147	0.4779	0.9884	0.6246	初级协调	旅游滞后型
2021	0.3688	0.4459	0.9963	0.6391	初级协调	旅游滞后型
2022	0.7113	0.6269	0.9990	0.8214	良好协调	乡村滞后型
2023	0.8447	0.7602	0.9996	0.9001	良好协调	乡村滞后型

4.1 指标赋权分析

在文旅产业系统中,带动就业人数(权重 0.2139)和已开发旅游景点(权重 0.2081)是两个最为关键的指标,它们的高权重反映了其在推动文旅产业发展中的重要作用,与文旅产业重点发展的战略部署高度契合。在最近几年时间里,民宿经济蓬勃发展,带动了诸多积极变化;同时,一系列优惠政策的出台也有力地促进了民宿建设,这促使了农村居民对开设农家乐的兴趣,还显著带动了当地就业,使其成为文旅产业发展增长点。在乡村振兴系统中,最高权重指标是农民人均可支配收入,权重为 0.1337。因而,乡村振兴战略的推进,其核心要务聚焦于构建生态宜居的乡村环境,这一过程中,致力于构建可持续、环境友好、宜居的乡村生态系统。

4.2 文旅产业与乡村振兴综合评价指数分析

4.2.1 文旅产业发展水平

在 2014—2017 年间,文旅产业综合评价指数从 2014 年的 0.1379 提升到 2017 年的 0.2116,这是文旅产业起步发展阶段,文旅产业水平具有较快

的发展速度。在 2015—2016 年,增幅最大,增幅高达 2.61 倍。2017—2021 年间属于文旅产业缓慢调整期,文旅产业综合评价指数从 2017 年的 0.2116 增加到 2021 年的 0.3688,表现为上升趋势,增长较慢。2021—2023 年间属于文旅产业增长快速期,文旅产业综合评价指数由 2021 年的 0.3688 增长到 2023 年的 0.8447,增长了 1.29 倍。

4.2.2 乡村振兴发展水平

2014—2017 年属于乡村振兴发展波动增长期,乡村振兴综合评价指数从 2014 年的 0.3234 增加到 2017 年的 0.6075。2017—2021 年属于乡村振兴缓慢发展调整期,乡村振兴综合评价指数从 2017 年的 0.6075 降低到 2021 年的 0.4459,降低了幅度为 0.27 倍。2021—2023 年属于乡村振兴大幅发展增长期,乡村振兴综合评价指数从 2021 年的 0.4459 提高到 2023 年的 0.7602,增长了 0.70 倍。

4.3 文旅产业与乡村振兴对比分析

文旅产业与乡村振兴的协调度分为三类:文旅产业落后型、同步发展型和乡村振兴落后型。图 1

展示 2014—2023 文旅产业及乡村振兴综合指数。

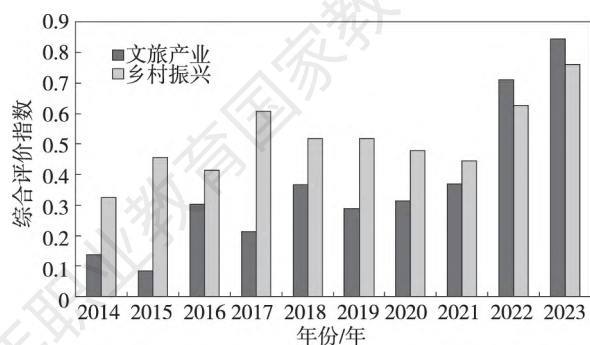


图1 文旅产业与乡村振兴评价指数(2014—2023)

由图1可见,在2014—2021年,相比于文旅产业综合发展水平,乡村振兴综合发展水平要高,为旅游发展滞后型,该时期内文旅产业的进展层次偏低,旅游领域的辐射力不够强劲,同时,具有地方特色的旅游资源以及旅游产业的整体布局均呈现出较为薄弱的态势;从2021年到2022年,乡村振兴领域与文旅产业系统在综合发展指数方面的差异呈现出了缩小的趋势;在2022—2023年,相比于文旅产业综合评价指数,乡村振兴综合评价指数则变小,属于乡村振兴发展滞后型。

4.4 文旅产业与乡村振兴耦合协调度分析

图2为2014—2023年文旅产业与乡村振兴耦合协调度趋势,由图2见,在2014—2020年,文旅产业与乡村振兴耦合协调度增长较缓;在2021—2023年,协调度具有较快增长,协调度较高,这表明文旅产业与乡村振兴系统间有重要影响存在,二者有一定协同效应。在2021—2023年,文旅产业与乡村振兴耦合属于快速发展增长期,耦合协调度从2021年的0.6391上增加到2023年的0.9001,协调等级从初级协调提高到良好协调。在耦合发展后期,发展文旅产业具有较高收益,进入耦合阶段会带来一定矛盾。



图2 文旅产业与乡村振兴协调度逐年提升(2014—2023年)

5 对策建议

5.1 通过挖掘特色产业将旅游开发层次提升

文旅产业发展具有迅猛态势,文旅产业游客从质量、项目、层次提出的要求均更高。利用现有条件将资源整合力度加强;若要实现二三产业嵌合程度的显著提升,就必须主动加大财政支持的力度,并且,在此基础上,进一步制定并增加一系列针对性强、效果明显的政策措施;开发高效旅游,设立文旅产业监控区、观摩学习区,推进重点区域建设,推动文旅产业特色融合共生。

5.2 通过完善配套设施对基础设施建设进一步强化

基础设施建设水平是地区经济和文化繁荣的根基,在改善城市环境、保障民众基本需求、提高文旅产业建设效率、加快文旅产业建设速度等方面发挥着重要作用。优化农家乐:停车场、指示牌、公卫、微景、超市、步道一应俱全。提升内部基础设施的建设力度,推动经济发展方式转变,加快文旅产业建设。

5.3 通过加强环境治理对乡村生态环境进行改善

以村集体为核心,乡镇政府需决心改貌,担责践行,信念坚定,政府及集体要将乡村整体规划做好,依据乡村度假规划,参照新农村建设,整体改造村庄,确保建设与协调发展理念一致;改善旅游区基础设施,包括水、电、网络和硬化道路,同时加强公共卫生服务的合作,对乡村生态进行规范保护和整治。

5.4 通过政府引导增强耦合发展动力

通过各部分协作汇聚力量,达成协同进步的和谐发展。政府合理调配资源,政策带动文旅产业壮大,集聚效益提升,优化资源配置。政府部门协调合作,汇聚力量,推进宣发,鼓舞新生代力量建设文旅产业。

6 结论

本文以M地区为研究对象,采用耦合协调度,对2014—2023年地方文旅产业升级与乡村振兴的耦合协调评价进行了研究,得出如下结论:

(1) 文旅产业与乡村振兴的耦合度持续增强,其协调等级已从濒临失调的境地稳步跃升至良好层次,展现出显著的耦合效应,目前正期待进入更高层次的耦合阶段。

(2) 乡村振兴战略通过全面推动,促进了文旅产业的繁荣,并以此为契机,加速了乡村振兴的步

伐,二者耦合过程中,乡村文化、农业产业及特色农产品的融入需经历一段磨合期。

(3) 文旅产业系统与乡村振兴系统经历耦合调整阶段,需要发展磨合期,才能实现互补发展。

参考文献:

- [1] 徐维祥,李露,周建平,等.乡村振兴与新型城镇化耦合协调的动态演进及其驱动机制[J].自然资源学报,2020,35(9):2044-2062.
- [2] 董文静,王昌森,张震.山东省乡村振兴与乡村旅游时空耦合研究[J].地理科学,2020,40(4):628-636.
- [3] 孙镇,王茜.文旅融合背景下乡村旅游核心竞争力的形成与提升研究[J].农业经济,2021(1):55-57.
- [4] 向延平.乡村旅游驱动乡村振兴内在机理与动力机制研究[J].湖南社会科学,2021(2):41-47.
- [5] 刘安乐,杨承明,明庆忠,等.中国文化产业与旅游产业协调态势及其驱动力[J].经济地理,2020,40(6):203-213.

- [6] 刘智.旅游产业与农村可持续生计耦合的空间格局及驱动机制:以张家界为例[J].经济地理,2020,40(2):209-216.
- [7] 耿松涛,张伸阳.乡村振兴背景下乡村旅游与文化产业协同发展研究[J].南京农业大学学报(社会科学版),2021,21(2):44-52.
- [8] 信慧娟,段文军,钟佩.乡村旅游发展与乡村振兴耦合评价指标体系构建:以广西资源县为例[J].乐山师范学院学报,2019,34(8):64-73.
- [9] 生延超,杨睿,李梦琪.乡村振兴与乡村旅游协同的测度与评价[J].湖南工业大学学报(社会科学版),2021,26(1):14-20.
- [10] 马文娟,温鑫淼,胡静.文旅融合助力乡村振兴的发展研究:以高椅古村为例[J].家具与室内装饰,2022,29(12):88-91.

责任编辑 王建蕊

(上接第19页)

4.2 建议

对政府而言,基于数字化转型对企业绩效的总体作用是偏向正的,应当积极落实系列政策,有序推动企业数字化转型。具体说来,政府应构建数字化转型的政策支持体系,通过精细化和差异化的支持体系促进各类企业的数字化转型,特别是技术密集型企业的加快转型。同时,政府部门应加大对企业数字化转型的支持力度,加快推进数字基础设施建设,对企业数字化改造给予更多政策上的支持,减轻企业数字化资本投入的压力,缩短其数字化项目回报周期。

对企业而言,企业应积极推进数字化转型进程。现阶段,我国企业数字化转型程度不高且存在较大差异,尤其技术密集型企业数字化转型需进一步深化。企业在实施数字化转型时,应提高自身的信息对称性水平,根据自身的实际情况制定数字化发展战略。同时,企业应优化人才结构,注重提升高学历数字化技术人才的比例,可通过建设数字化技术创新团队和开展员工培训等方式,为企业开展研发创新活动强化技术基础,助力企业高质量发展。

参考文献:

- [1] 卢雨,杨力,朱俊奇.数字经济与工业技术创新发展水平及耦合协调度评价分析[J].黑龙江工业学院学报(综合版),2024,24(4):51-57.
- [2] 王文龙,杨红倩.信息化投资与企业绩效关系的文献综述[J].经济研究导刊,2017(34):8-11,51.
- [3] 王凡林,张瑜.信息化投资、IT治理与公司绩效提升:基于中国上市公司500强的实证分析[J].会计之友,2017(21):17-22.
- [4] 何帆,刘红霞.数字经济视角下实体企业数字化变革的业绩提升效应评估[J].改革,2019(4):137-148.
- [5] 黄华芳,未良莉.数字经济发展对我国制造业转型升级的影响:基于可计算一般均衡模型的价值链分析[J].黑龙江工业学院学报(综合版),2023,23(11):55-60.
- [6] 徐国虎,田萌.大数据系统实施对企业绩效影响的实证研究[J].科技进步与对策,2017,34(16):98-105.
- [7] 李琦,刘力钢,邵剑兵.数字化转型、供应链集成与企业绩效:企业家精神的调节效应[J].经济管理,2021,43(10):5-23.

责任编辑 王建蕊

2019—2021 年皖南地区地方品种鸡源沙门菌的血清型鉴定、毒力基因和耐药性检测

吴萍萍¹, 贺绍君²

(1. 池州职业技术学院生物与健康系, 安徽 池州 247000; 2. 安徽科技学院动物科学学院, 安徽 凤阳 223100)

摘要:为了分析皖南地区地方品种鸡(淮南麻黄鸡、淮北麻鸡、霍邱鸡和五华鸡)来源沙门菌的分布、毒力基因和耐药性情况,本试验于 2019—2021 年采集该地区地方品种鸡养殖场疑似沙门菌感染病死鸡的肝脏组织、肛拭子和死胚等病料组织 456 份,采用细菌分离培养、形态学观察、生化试验和特异性 *invA* 基因的 PCR 检测进行沙门菌鉴定,采用 Kauffmann-White 法、PCR 法和 K-B 纸片法分别检测分离菌株的血清型、毒力基因、耐药基因和耐药性。结果显示,共分离得到 127 株沙门菌,分属于 13 种血清型,其中以鸡白痢沙门菌、禽伤寒沙门菌和肠炎沙门菌为流行的优势血清型,分别占分离菌株的 26.0%、20.5% 和 17.3%;127 株沙门菌中携带的 4 种毒力基因(*spvA*、*spvB*、*spvC* 和 *spvR*)检出率介于 7.1%~74.8%,携带的 4 种毒力岛基因(SPI-1、SPI-2、SPI-3 和 SPI-5)检出率介于 38.6%~81.1%;127 株沙门菌对阿莫西林、氨苄西林和磺胺二甲氧嘧啶等 8 种药物的耐药率介于 56.7%~99.2%,以耐 10(12.6%)、9(15.0%)和 8(20.5%)种药物为主,耐药基因 *sul1*、*sul2*、*sul3*、*tet(A)*、*tet(M)* 和 *tet(R)* 检出率介于 32.3%~89.8%;经分析,地方品种鸡流行优势血清型与毒力基因和耐药基因均有一定的相关性。结果表明,从安徽省皖南地区 4 种地方品种鸡中分离的沙门菌具有多种血清型、携带多种毒力基因、耐药性严重,且携带多种耐药基因。

关键词:皖南地区;地方品种鸡;沙门菌;血清型;耐药性;耐药基因

中图分类号:S855.1

文献标志码:A

文章编号:0529-6005(2024)03-0040-08

Serotype Identification, Virulence Gene and Drug Resistance Detection of *Salmonella* in Local Chicken Breeds in Southern Anhui from 2019 to 2021

WU Pingping¹, HE Shaojun²

(1. Department of Biology and Health, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou 247000, China;

2. School of Animal Science, Anhui University of Science and Technology, Fengyang 223100, China)

Abstract: To analyze the distribution, virulence genes, and drug resistance of *Salmonella* in local chicken breeds (Huainan Ma Huang chicken, Huaibei Ma chicken, Huoqiu chicken, and Wuhua chicken) in Southern Anhui, 456 samples of liver tissues, cloacal swabs, and dead embryos from suspected *Salmonella*-infected and deceased chickens were collected from local chicken farms in the region from 2019 to 2021. *Salmonella* identification was conducted using bacterial isolation and culture, morphological observation, biochemical tests, and PCR detection of the specific *invA* gene. The Kauffmann-White method, PCR, and K-B paper method were employed to determine the serotypes, virulence genes, drug resistance genes, and drug resistance of the isolated strains. The results showed that a total of 127 *Salmonella* strains were isolated, belonging to 13 serotypes. The predominant serotypes were *Salmonella pullorum*, avian *Salmonella typhi* and *Salmonella enteritis*, accounting for 26.0%, 20.5%, and 17.3% of the isolated strains, respectively. Among the 127 *Salmonella* strains, the detection rates of four virulence genes (*spvA*, *spvB*, *spvC*, and *spvR*) ranged from 7.1% to 74.8%, and the detection rates of four virulence island genes (SPI-1, SPI-2, SPI-3, and SPI-5) ranged from 38.6% to 81.1%. The resistance rates of the 127 *Salmonella* strains to eight drugs, including amoxicillin, ampicillin, and sulfamethoxazole, ranged from 56.7% to 99.2%. The main pattern of resistance was resistance to 10 (12.6%), 9 (15.0%), and 8 (20.5%) drugs. The detection rates of drug resistance genes *sul1*, *sul2*, *sul3*, *tet(A)*, *tet(M)*, and *tet(R)* ranged from 32.3% to 89.8%. The analysis indicated a certain correlation between prevalent serotypes, virulence genes, and drug resistance genes in

收稿日期:2022-05-13

基金项目:2021 年高校优秀青年骨干人才国内访学研修项目(皖教秘人[2021]80 号, gxgnfx2021204);2021 年度安徽省高校自然科学研究重点项目(皖教秘科[2021]104 号, KJ2021A1418);2020 年度安徽省动物医学专业教学团队(皖教秘高[2020]155 号, 2020jxtd177)

作者简介:吴萍萍(1984-),女,副教授,硕士,研究方向为畜禽疾病防控,E-mail:a926422745@126.com

通信作者:贺绍君,E-mail:hfejdg@126.com

local chicken breeds. The results indicate that *Salmonella* isolated from four local chicken breeds in Southern Anhui exhibit various serotypes, carry multiple virulence genes, display severe drug resistance, and harbor numerous drug resistance genes.

Key words: Southern Anhui; local chicken breed; *Salmonella*; serotype; drug resistance; drug resistance gene

Corresponding author: HE Shaojun, E-mail: hfiejdg@126.com

在鸡养殖过程中,沙门菌成为危害蛋鸡和肉鸡的主要细菌之一^[1]。国内外相关研究表明,不同血清型的沙门菌在各个国家不同地区的种鸡场中广泛流行,可以通过水平传播和垂直传播,因此,对种鸡场中沙门菌的净化和防控具有重要意义,目前没有有效的沙门菌疫苗用于种鸡的免疫,这也是导致不同血清型沙门菌流行的主要原因之一^[2-3]。在蛋鸡和肉鸡的养殖过程中,沙门菌病主要通过抗菌药物进行治疗,抗菌药物的不合理使用导致沙门菌对临床常用药物表现多重耐药性^[4]。沙门菌可以引起多种动物(猪、鸡、鸭、鹅、牛、羊等)发病,是临床常见的食源性病原菌之一,其可以通过食物感染人,以肠炎和腹泻为主要临床症状,严重者可致其死亡^[5]。

研究表明,我国地方品种鸡沙门菌感染较严重^[6]。因此,对地方品种鸡进行有效的沙门菌净化和防控具有重要意义。鉴于此,本试验以皖南地区地方品种鸡(淮南麻黄鸡、淮北麻鸡、霍邱鸡和五华鸡)为研究对象进行沙门菌感染鉴定,并检测所分离菌株的生物学特性(血清型、毒力基因、耐药性和耐药基因),以期对皖南地区地方品种鸡沙门菌病的防控提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 病料来源 2019—2021 年采集安徽省皖南地区地方品种鸡(淮南麻黄鸡、淮北麻鸡、霍邱鸡和五华鸡)养殖场中疑似沙门菌感染病死鸡病料样品(肝脏组织、肛拭子和死胚等)共计 456 份。

1.1.2 主要试剂 四硫磺酸钠亮绿培养基(Tetrahionate broth base, TTB)、普通营养肉汤、沙门菌-志贺菌琼脂(*Salmonella-Shigella* agar, SS)培养基和沙门菌科玛嘉显色培养基,均购自上海户实医药科技有限公司;药敏纸片和沙门菌生化鉴定试纸条,均购自北京百欧博伟生物技术有限公司;沙门菌属血清型鉴定试剂盒,购自广州创仑生物制品有限公司;DL-2 000 Marker,购自广州鼎国生物技术有限公司;2 × Taq Master Mix,购自上海联迈生物工程有限公司;PCR 产物回收试剂盒和细菌基因组 DNA 提取试剂盒,均购自上海一基生物试剂有限公司。

1.1.3 主要仪器 双人(单面)垂直超净工作台(SW-CJ-VS2 型),无锡易纯净化设备有限公司产品;叠加式恒温恒湿培养箱,上海继普电子科技有限公司产品;PCR 扩增仪,翌圣生物科技(上海)股份有限公司产品;凝胶成像系统,广州博鹭腾生物科技有限公司产品。

1.2 方法

1.2.1 细菌分离和鉴定 将采集并处理的病料样品放入 PBS, 6 000 r/min 离心 5 min, 取上清液, 按照 1:100 比例分别在无菌条件下接种于 TTB 培养基, 于 37 ℃、200 r/min 振荡培养 8 ~ 12 h, 取培养物分别接种于沙门菌科玛嘉显色培养基和 SS 培养基, 于 37 ℃ 恒温条件鉴别培养 12 ~ 18 h, 经革兰染色后使用显微镜观察分离菌株的形态学特征。

1.2.2 细菌生化鉴定 按照沙门菌生化鉴定试纸条说明书操作, 对分离菌株进行生化特性鉴定。

1.2.3 细菌 PCR 鉴定 参照参考文献[7]报道的沙门菌保守区的 *invA* 基因鉴定引物, 引物序列为 F1: 5'-ACAGTGCTCGTTTACGACCTGAAT-3', F2: 5'-AGACGACTGCTACTGATCGATAAT-3', 目的基因片段大小为 241 bp, 引物由深圳华大基因股份有限公司合成。以提取的分离菌株的基因组 DNA 为模板, 用 *invA* 基因鉴定引物进行 PCR 鉴定。参照 PCR 产物回收试剂盒说明书操作, 将鉴定为阳性的 PCR 产物进行回收, 送深圳华大基因股份有限公司进行基因序列测定, 将测序结果与 GenBank 中登录的参考株进行同源性对比, 以同源性 > 97% 进行细菌种属鉴定^[8]。

1.2.4 细菌血清型鉴定 参照参考文献[9]报道的 Kauffmann-White 方法, 对临床分离的沙门菌株进行纯化培养并编号(S1 ~ S127), 按照沙门菌属血清型鉴定试剂盒说明书操作, 进行血清型鉴定。

1.2.5 细菌毒力基因和毒力岛基因检测 参照参考文献[10-11], 由深圳华大基因股份有限公司合成沙门菌 *spvR*、*spvA*、*spvB*、*spvC* 和 *spvD* 五种毒力基因检测引物, SPI-1、SPI-2、SPI-3、SPI-4 和 SPI-5 五种毒力岛基因检测引物, 采用 PCR 方法对分离的沙门菌株的毒力基因和毒力岛基因进行测定, 并利用 SPSS 20.0 软件 Bivariate 功能对分离的沙门菌的血清型与携带的毒力基因和毒力岛基因进行相关性分析。

1.2.6 药敏试验 参照美国临床检验标准委员会 (National Committee for Clinical Laboratory Standards, NCCLS) 2020 年推荐的标准 K-B 纸片法进行药敏试验,按照美国临床和实验室标准协会 (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) 推荐的标准判断分离菌株对 8 种临床常见抗菌药物的耐药性,用耐药 (Resistance, R)、敏感 (Sensitive, S) 或中介 (Intermediary, I) 表示,统计分析其耐药性数据^[12]。

1.2.7 细菌耐药基因检测 参照参考文献[13-14],合成氨基糖苷类耐药基因 2 种[*aac*(3)-Iv、*aac*(6')-Ib],磺胺类耐药基因 3 种(*sul1*、*sul2*、*sul3*),β-内酰胺类耐药基因 3 种(*tem*、*cmv*、*shv*),四环素类耐药基因 3 种[*tet*(A)、*tet*(M)、*tet*(R)],喹诺酮类耐药基因 3 种[*gyr*(A)、*gyr*(B)、*qnr*(S)],酰胺醇类耐药基因 1 种[*flo*(R)],多肽类耐药基因 1 种(*mcr*-1),共 7 类抗生素 16 种耐药基因。采用 PCR 方法对分离的沙门菌株的 16 种不同耐药基因进行测定,并利用 SPSS 20.0 软件 Bivariate 功能对分离的沙门菌的血清型与携带的耐药基因进行相关性分析。

2 结果

2.1 细菌分离和鉴定 通过细菌分离和培养,疑似沙门菌的分离菌株在沙门菌科玛嘉显色培养基上长出典型的浅绿色菌落,在 SS 培养基上长出典型的中间带黑心的菌落。分离菌株通过革兰染色并进行显微镜观察,可见两端钝圆、无荚膜的阴性短杆菌。疑似沙门菌菌株的培养特性和形态学特征与《伯杰细菌鉴定手册》中报道的沙门菌培养特性和

形态学特征基本一致。

2.2 细菌生化鉴定 沙门菌生化鉴定试纸条检测结果显示,分离菌株的生化特性与标准参考沙门菌株的生化特性符合率为 98.0%~99.9%,被鉴定为沙门菌,经统计共 127 株分离菌株初步鉴定为沙门菌。

2.3 细菌 PCR 鉴定 对临床分离的 127 株疑似沙门菌株,进一步进行 PCR 扩增鉴定,结果显示,127 株分离菌株均扩增出约为 241 bp 的目的条带(图 1)。测序结果显示,127 株分离菌株的测序结果与 GenBank 中登录的沙门菌参考菌株 *invA* 基因片段的同源性均大于 97.9%。根据 PCR 扩增和测序结果,127 株分离菌株被鉴定为沙门菌。

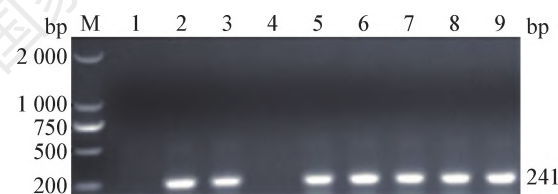


图 1 分离菌株的 PCR 鉴定

Fig. 1 PCR identification of the isolated strains
M:DL-2 000 DNA 相对分子质量标准; 1:空白对照; 2~9:分离菌株
M:DL-2 000 DNA Marker; 1:Blank control; 2-9:Isolated strains

2.4 细菌血清型鉴定 对分离的 127 株沙门菌进行血清型鉴定,结果显示,127 株沙门菌分属于 13 种血清型,其中,鸡白痢沙门菌、禽伤寒沙门菌和肠炎沙门菌为流行沙门菌优势血清型,分别占分离菌株的 26.0%、20.5% 和 17.3%;通过分析,13 种血清型分别分布于 4 种不同地方品种鸡中(表 1)。

表 1 不同地方品种鸡源沙门菌的血清型分布情况 (n=127)

Table 1 Distribution of *Salmonella* serotypes in different local chicken breeds (n=127)

血清型 Serotype	菌株数 Number of strains				菌株总数 Total number of strains	占比 (%) Proportion
	淮南麻黄鸡 Huainan Ma Huang chicken	淮北麻鸡 Huabei Ma chicken	霍邱鸡 Huoqiu chicken	五华鸡 Wuhua chicken		
鸡白痢沙门菌 <i>S. pullorum</i>	12	3	8	10	33	26.0
肠炎沙门菌 <i>S. enteritis</i>	9	2	4	7	22	17.3
禽伤寒沙门菌 <i>Avian S. typhi</i>	11	2	4	9	26	20.5
禽副伤寒沙门菌 <i>Avian S. paratyphoid</i>	3	1	1	3	8	6.3
鼠伤寒沙门菌 <i>S. typhimurium</i>	2	1	1	1	5	3.9
猪霍乱沙门菌 <i>S. cholerae</i>	2	0	0	3	5	3.9

续表						
血清型 Serotype	菌株数 Number of strains				菌株总数 Total number of strains	占比(%) Proportion
	淮南麻黄鸡	淮北麻鸡	霍邱鸡	五华鸡		
	Huainan Ma Huang chicken	Huaibei Ma chicken	Huoqiu chicken	Wuhua chicken		
都柏林沙门菌 <i>S. Dublin</i>	1	2	0	2	5	3.9
斯坦利沙门菌 <i>S. stanley</i>	1	0	0	2	3	2.4
伦敦沙门菌 <i>S. London</i>	0	2	2	0	4	3.1
德尔卑沙门菌 <i>S. delby</i>	1	0	0	1	2	1.6
病牛沙门菌 <i>S. bovis morbificans</i>	1	0	1	2	4	3.1
里森沙门菌 <i>S. Reesen</i>	2	0	1	2	5	3.9
阿柏丁沙门菌 <i>S. aberdeen</i>	2	0	1	0	3	2.4
未检出 Not detected	0	1	1	0	2	1.6

2.5 细菌毒力基因和毒力岛基因检测 采用 PCR 方法检测分离菌株的毒力基因和毒力岛基因的携带情况。结果显示,127 株沙门菌中 *spvA*、*spvB*、*spvC* 和 *spvR* 四种毒力基因的检出率介于 7.1% ~74.8%, SPI-1、SPI-2、SPI-3 和 SPI-5 四种毒力岛基因的检出率介于 38.6% ~81.1%,其他的毒力基因和毒力岛基因均未检测出(表 2)。相关性分析结果显示,皖南地区地方品种鸡流行优势血清型分离菌株携带的毒力基因和毒力岛基因种类较多,分离的 127 株沙门菌的血清型与毒力基因和毒力岛基因存在相关性(表 3)。

表 2 分离菌株的毒力基因和毒力岛基因检测

Table 2 Detection of virulence genes and virulence island genes in isolated strains					
毒力基因 Virulence gene	菌株数 Number of strains	占比(%) Proportion	毒力岛基因 Virulence island gene	菌株数 Number of strains	占比(%) Proportion
<i>spvA</i>	95	74.8	SPI-1	103	81.1
<i>spvB</i>	86	67.7	SPI-2	102	80.3
<i>spvC</i>	46	36.2	SPI-3	92	72.4
<i>spvD</i>	0	0	SPI-4	0	0
<i>spvR</i>	9	7.1	SPI-5	49	38.6

表 3 分离菌株血清型与毒力基因和毒力岛基因的相关性分析

Table 3 Correlation analysis between serotype and virulence genes, virulence island genes in isolated strains								
血清型 Serotype	毒力基因 Virulence gene				毒力岛基因 Virulence island gene			
	<i>spvA</i>	<i>spvB</i>	<i>spvC</i>	<i>spvR</i>	SPI-1	SPI-2	SPI-3	SPI-5
鸡白痢沙门菌 <i>S. pullorum</i>	30	29	17	2	33	33	30	21
肠炎沙门菌 <i>S. enteritis</i>	19	20	12	1	20	20	19	11
禽伤寒沙门菌 <i>Avian S. typhi</i>	26	24	12	2	26	25	25	12
禽副伤寒沙门菌 <i>Avian S. paratyphoid</i>	3	2	2	1	4	3	3	2

续表								
血清型 Serotype	毒力基因 Virulence gene				毒力岛基因 Virulence island gene			
	<i>spvA</i>	<i>spvB</i>	<i>spvC</i>	<i>spvR</i>	SPI-1	SPI-2	SPI-3	SPI-5
鼠伤寒沙门菌 <i>S. typhimurium</i>	2	2	1	1	3	3	2	1
猪霍乱沙门菌 <i>S. cholerae</i>	4	2	0	1	4	4	2	0
都柏林沙门菌 <i>S. Dublin</i>	3	2	1	0	3	3	3	1
斯坦利沙门菌 <i>S. stanley</i>	2	1	1	0	2	2	2	1
伦敦沙门菌 <i>S. London</i>	1	0	0	0	1	1	1	0
德尔卑沙门菌 <i>S. delby</i>	0	0	0	0	1	1	0	0
病牛沙门菌 <i>S. bovis morbificans</i>	1	1	0	0	1	2	1	0
里森沙门菌 <i>S. Reesen</i>	2	1	0	1	2	2	2	0
阿柏丁沙门菌 <i>S. aberdeen</i>	2	2	0	0	2	2	2	0
未检出 Not detected	0	0	0	0	1	1	0	0
总数 Total	95	86	46	9	103	102	92	49

2.6 药敏试验 结果如表 4 所示,从皖南地区 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌对阿莫西林、氨苄西林和磺胺二甲氧嘧啶等 8 种药物的耐药率介于 56.7% ~99.2% ,对头孢噻呋、大观霉素和多西环素等 8 种药物的耐药率介于在 7.1% ~33.1%。结果表

明,该地区 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌存在不同程度的耐药性。由表 5 可知,从 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌呈现多重耐药性,其中耐 10 (12.6%)、9(15.0%)、8(20.5%) 种药物的分离菌株最多,分离的 127 株沙门菌株至少耐 5 种药物。

表 4 分离菌株耐药性检测(*n* =127)
Table 4 Detection of drug resistance in isolated strains(*n* =127)

药物 Antibiotic	耐药菌株数 Number of drug-resistant strains	耐药率(%) Drug resistance rate	药物 Antibiotic	耐药菌株数 Number of drug-resistant strains	耐药率(%) Drug resistance rate
阿莫西林 Amoxicillin	123	96.9	磺胺间甲氧嘧啶 Sulfamethoxine	112	88.2
氨苄西林 Ampicillin	126	99.2	磺胺二甲氧嘧啶 Sulfamethoxine	118	92.9
头孢噻呋 Ceftiofur	9	7.1	磺胺噻唑啉 Sulfaoxazoline	121	95.3
庆大霉素 Gentamicin	72	56.7	恩诺沙星 Enrofloxacin	21	16.5
新霉素 Neomycin	79	62.2	环丙沙星 Ciprofloxacin	20	15.7
大观霉素 Spectinomycin	32	25.2	氧氟沙星 Ofloxacin	19	15.0
多西环素 Doxycycline	42	33.1	多黏菌素 Polymyxin	26	20.5
土霉素 Oxytetracycline	77	60.6	氟苯尼考 Florfenicol	39	30.7

表 5 分离菌株多重耐药性检测

Table 5 Detection of multiple drug resistance in isolated strains

耐药种类数 Number of drug resistance types	耐药菌株数 Number of drug-resistant strains	占比(%) Proportion
16	5	3.9
15	6	4.7
14	7	5.5
13	9	7.1
12	10	7.9
11	9	7.1
10	16	12.6
9	19	15.0
8	26	20.5
7	12	9.4
6	8	6.3

2.7 细菌耐药基因检测 采用 PCR 方法检测分离菌株耐药基因的携带情况。结果如表 6 所示,127 株沙门菌中 *sul1*、*sul2*、*sul3*、*tet* (A)、*tet* (M) 和 *tet* (R) 共 6 种耐药基因的检出率介于 32.3% ~ 89.8% ; *tem*、*cmv*、*shv*、*gyr* (A)、*gyr* (B)、*qur* (S)、*flo* (R)、*mcr-1*、*aac* (3) -*Iv* 和 *aac* (6') -*Ib* 共 10 种耐药基因的检出率介于 4.7% ~ 29.9%。相关性分析结果显示,皖南地区地方品种鸡流行优势血清型分离菌株携带的耐药基因种类较多,分离的 127 株沙门菌血清型与耐药基因存在相关性(表 7)。

表 6 分离菌株耐药基因检测

Table 6 Detection of drug resistance genes in isolated strains

耐药基因 Drug resistance gene	菌株数 Number of strains	占比(%) Proportion	耐药基因 Drug resistance gene	菌株数 Number of strains	占比(%) Proportion
<i>tem</i>	23	18.1	<i>gyr</i> (A)	21	16.5
<i>cmv</i>	6	4.7	<i>gyr</i> (B)	19	15.0
<i>shv</i>	24	18.9	<i>qur</i> (S)	21	16.5
<i>sul1</i>	107	84.3	<i>tet</i> (A)	42	33.1
<i>sul2</i>	112	88.2	<i>tet</i> (M)	41	32.3
<i>sul3</i>	114	89.8	<i>tet</i> (R)	72	56.7
<i>aac</i> (3) - <i>Iv</i>	32	25.2	<i>flo</i> (R)	31	24.4
<i>aac</i> (6') - <i>Ib</i>	38	29.9	<i>mcr-1</i>	12	9.4

表 7 分离菌株血清型与耐药基因的相关性分析

Table 7 Correlation analysis between serotypes and drug resistance genes of isolated strains

血清型 Serotype	耐药基因 Drug resistance gene															
	<i>tem</i>	<i>cmv</i>	<i>shv</i>	<i>sul1</i>	<i>sul2</i>	<i>sul3</i>	<i>aac</i> (3) - <i>Iv</i>	<i>aac</i> (6') - <i>Ib</i>	<i>gyr</i> (A)	<i>gyr</i> (B)	<i>qur</i> (S)	<i>tet</i> (A)	<i>tet</i> (M)	<i>tet</i> (R)	<i>flo</i> (R)	<i>mcr-1</i>
鸡白痢沙门菌 <i>S. pullorum</i>	14	3	13	33	33	33	15	18	11	10	11	19	19	24	16	5
肠炎沙门菌 <i>S. enteritis</i>	4	1	5	22	22	22	9	8	4	4	5	10	10	19	7	2
禽伤寒沙门菌 Avian <i>S. typhi</i>	5	2	6	26	26	26	7	10	6	5	5	12	11	22	8	4
禽副伤寒沙门菌 Avian <i>S. paratyphoid</i>	0	0	0	5	6	8	1	1	0	0	0	1	1	2	0	1

续表																
血清型 Serotype	耐药基因 Drug resistance gene															
	tem	cmv	shv	sul1	sul2	sul3	aac(3)-Iv	aac(6')-Ib	gyr(A)	gyr(B)	qur(S)	tet(A)	tet(M)	tet(R)	flo(R)	mcr-1
鼠伤寒沙门菌 <i>S. typhimurium</i>	0	0	0	3	4	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
猪霍乱沙门菌 <i>S. cholerae</i>	0	0	0	4	4	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
都柏林沙门菌 <i>S. Dublin</i>	0	0	0	3	2	3	0	1	0	0	0	0	0	2	0	0
斯坦利沙门菌 <i>S. stanley</i>	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
伦敦沙门菌 <i>S. London</i>	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
德尔卑沙门菌 <i>S. delby</i>	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
病牛沙门菌 <i>S. bovis moribificans</i>	0	0	0	1	4	4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
里森沙门菌 <i>S. Reesen</i>	0	0	0	3	4	4	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
阿柏丁沙门菌 <i>S. aberdeen</i>	0	0	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
未检出 Not detected	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
总数 Total	23	6	24	107	112	114	32	38	21	19	21	42	41	72	31	12

3 讨论

沙门菌为禽类养殖业中较为常见且危害严重的病原菌之一,该菌可以通过多种途径感染不同种类的禽类(鸡、鸭和鹅等),可以引起腹泻、败血症和卵黄腹膜炎等一系列的炎症反应,严重时可以导致死亡^[15-16]。国内许多研究表明,鸡、鸭和鹅等家禽是沙门菌感染的主要宿主,禽类不仅是沙门菌重要的携带者,还是重要的传播者,沙门菌在禽类养殖过程中可以通过多种途径进行传播,最常见的传播方式为水平传播和垂直传播,尤其是种鸡垂直传播危害较大,是导致沙门菌在养殖过程中广泛流行和传播的因素之一^[17-20]。本试验结果显示,2019—2021 年于安徽省皖南地区地方品种鸡(淮南麻黄鸡、淮北麻鸡、霍邱鸡和五华鸡)养殖场中分离获得 127 株沙门菌,说明该地区 4 种地方品种鸡群中沙门菌的流行较严重。可能由于养殖场或者养殖户对地方品种鸡群沙门菌的防控意识较差,导致其地方品种鸡场中沙门菌流行严重,因此,应该注意地方品种鸡群沙门菌的防控和净化。研究表明,鸡源沙门菌具有多种不同的血清型,目前沙门菌尚无有效的疫苗进行预防,且不同地区血清型流行性也存在一定差异^[21-22]。本试验从皖南地区 4 种地方品

种鸡中分离获得的 127 株沙门菌的血清型鉴定结果显示,其分别属于 13 种血清型,其中以鸡白痢沙门菌、禽伤寒沙门菌和肠炎沙门菌 3 种优势血清型流行为主。与杨瑞等^[9]、崔鹤馨等^[11]和罗薇^[21]的研究结果存在差异,可能与采样地区和宿主鸡的品种(地方品种、商品蛋鸡)有关,说明不同地区沙门菌的流行血清型呈现多样性。

相关研究表明,沙门菌毒力基因存在于质粒和染色体中,主要包括毒力岛、质粒毒力和肠毒素等,其中毒力岛(Pathogenicity island, SPI)基因主要参与调控沙门菌对宿主细胞的入侵和损伤,毒力基因主要作用于肠道,损伤肠道黏膜。综上所述,毒力基因和毒力岛基因可以有效调控沙门菌的致病性,沙门菌携带的毒力基因和毒力岛基因可能具有潜在致病性^[23-25]。本试验结果显示,分离的 127 株沙门菌分离株中 *spvA*、*spvB*、*spvC* 和 *spvR* 四种质粒毒力基因检出率介于 7.1% ~ 74.8%, SPI-1、SPI-2、SPI-3 和 SPI-5 四种毒力岛基因检出率介于 38.6% ~ 81.1%,说明从该地区 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌携带多种毒力基因和毒力岛基因,经分析沙门菌血清型与毒力基因和毒力岛基因存在相关性。刘青霄^[23]和宋伟^[24]均报道地方品种鸡源沙门菌携带多种毒力基因和毒力岛基因,说明毒力

基因和毒力岛基因在鸡源沙门菌分离菌株中普遍存在。但是,沙门菌的毒力基因和毒力岛基因作用机理尚未明确,需要进一步研究。

文献报道显示,不同地区的不同养鸡场中流行的沙门菌已经对多种临床中常用的抗生素产生不同程度的耐药性,且部分沙门菌株产生了严重的多重耐药性,沙门菌的耐药性问题已很普遍^[26-27]。本试验结果显示,127 株沙门菌对阿莫西林、氨苄西林和磺胺二甲氧嘧啶等 8 种药物的耐药率在 56.7% 以上,以耐 10、9 和 8 种药物为主,说明从该地区 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌耐药性严重,且呈现多重耐药性。吴晓君等^[7]、羊扬等^[28]和晏玲等^[6]报道显示,鸡源沙门菌对常用的抗菌药物出现严重的耐药性,说明不同地区养殖场中分离的鸡源沙门菌的耐药性已经成为比较普遍的问题,应该引起重视,合理的使用抗生素,减少耐药性的产生。研究表明,沙门菌的耐药性问题已很普遍,研究沙门菌的耐药机制,对减少其耐药性产生和保护人类健康具有重要的意义^[8,15,18]。本试验结果显示,从皖南地区的 4 种地方品种鸡中分离的 127 株沙门菌携带多种耐药基因,且分离沙门菌的耐药性与携带的耐药基因存在相关性,说明分离沙门菌的耐药性可能与携带的耐药基因相关。姜梦等^[14]报道显示,鸡场分离的沙门菌耐药性较强且携带多种耐药基因。沙门菌耐药基因的作用机理尚未明确,需进一步研究。

参考文献:

- [1] 杜海霞,朱平军,娄福丽,等. 河南焦作地区肉种鸡场沙门菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国兽医杂志,2022,58(8):55-58.
- [2] 王广泽,沈欣悦,李建梅,等. 江苏某种鸡场鸡白痢沙门菌药物敏感性及其与耐药基因相关性分析[J]. 扬州大学学报:农业与生命科学版,2021,42(2):73-78.
- [3] 宋艳. 山东省部分种鸡场死胚中沙门氏菌的鉴定及耐药特性研究[D]. 泰安:山东农业大学,2020.
- [4] 刘蒙恩,刘洋,左春生. 致羔羊腹泻沙门菌的分离鉴定及耐药性检测[J]. 中国兽医杂志,2022,58(10):100-103.
- [5] 徐耀辉,邓同炜,齐亚如,等. 三黄种鸡场孵化死胚中沙门菌的分离鉴定与耐药性分析[J]. 畜牧兽医学报,2018,49(5):1081-1088.
- [6] 晏玲,向勇,刘鹏,等. 黄羽肉种鸡场死胚中鸡白痢沙门菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国家禽,2019,41(8):49-52.
- [7] 吴晓君,王少辉,杨登辉,等. 华东地区沙门菌流行病学及耐药性分析[J]. 中国动物传染病学报,2019,27(1):49-54.
- [8] 邱青璐,王铎,张召兴,等. 鸡肉加工及零售环节中分离的沙门氏菌血清型、毒力基因及耐药性检测[J]. 动物医学进展,2023,44(12):10-16.
- [9] 杨瑞,党儒尧,何云凤,等. 2019 年~2020 年河北地区鸡源沙门菌流行病学调查及耐药性分析[J]. 中国预防兽医学报,2021,43(9):924-929.
- [10] 吴翠蓉,黄璐璐,黄俊红,等. 我国猪、鸡源沙门菌和大肠埃希菌的耐药研究进展[J]. 中国抗生素杂志,2021,46(6):509-517.
- [11] 崔鹤馨,王楠,呼延含蓉,等. 吉林省规模化种鸡场沙门菌血清型鉴定与毒力基因及耐药性检测[J]. 动物医学进展,2020,41(11):58-61.
- [12] Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing;twenty-fourth informational supplement:M100-S24[S]. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2014.
- [13] 刘艳红. 沙门氏菌和大肠杆菌耐药性及耐药基因的研究[D]. 沈阳:沈阳农业大学,2016.
- [14] 姜梦,张天泽,李明玥,等. 昆明某鸡场沙门氏杆菌耐药表型与耐药基因相关性研究[J]. 黑龙江畜牧兽医,2019(21):93-97+179.
- [15] 李伟杰,田野,岂晓鑫,等. 扬州江都区鸡白痢沙门菌的基因型及耐药性分析[J]. 畜牧与兽医,2021,53(12):71-75.
- [16] 苏战强,马晓玉,张毅,等. 新疆某种鸡场蛋鸡沙门氏菌分离鉴定及耐药性分析[J]. 动物医学进展,2021,42(11):60-64.
- [17] 李超. 2019—2020 年度华东地区鸡白痢沙门菌的流行病学调查及鸡白痢沙门菌减毒活疫苗免疫效力评价[D]. 扬州:扬州大学,2021.
- [18] 杨瑞. 河北省鸡源沙门菌的分离鉴定、毒力与耐药检测[D]. 秦皇岛:河北科技师范学院,2021.
- [19] 王广泽. 江苏某种鸡场鸡白痢沙门菌耐药性检测及其变化趋势分析[D]. 扬州:扬州大学,2021.
- [20] 宋艳,张富友,顾小雪,等. 山东济宁地区百日鸡群沙门菌的鉴定及耐药特性研究[J]. 中国预防兽医学报,2021,43(1):21-28.
- [21] 罗薇. 规模化种鸡场沙门菌流行病学调查及噬菌体新型生物消减措施评估[D]. 扬州:扬州大学,2019.
- [22] 王海波. 某父母代黄麻肉种鸡沙门氏菌病的净化及防制效果评价[D]. 石河子:石河子大学,2020.
- [23] 刘青霄. 芦花鸡鸡胚源沙门氏菌的分离鉴定及其耐药与毒力相关基因分析[D]. 泰安:山东农业大学,2020.
- [24] 宋伟. 西藏鸡源沙门氏菌的分离鉴定与病原生物学特性研究[D]. 拉萨:西藏大学,2021.
- [25] 仲艳,王希玉,李海宾,等. 2016 年~2018 年华东地区家禽沙门菌的分离鉴定及耐药性分析[J]. 中国预防兽医学报,2020,42(6):549-554.
- [26] 吴翠蓉,黄璐璐,黄俊红,等. 我国猪、鸡源沙门菌和大肠埃希菌的耐药研究进展[J]. 中国抗生素杂志,2021,46(6):509-517.
- [27] 何英. 重庆市部分地区动物源沙门菌耐药性分析及 ESBLs 基因的检测[D]. 重庆:西南大学,2019.
- [28] 羊扬,张欣,杨斌,等. 广西钦州地区黄羽肉鸡场种鸡死胚沙门菌分离鉴定与耐药性分析[J]. 中国家禽,2019,41(17):68-71.

(责任编辑 孟迪)

资源开发利用

DOI: 10.15906/j.cnki.cn11-2975/s.20221028

中药渣对湖羊生长性能、肉质及抗氧化影响的研究

吴萍萍¹, 江丽丽², 江美莲³

(1. 池州职业技术学院, 安徽池州 247000;

2. 宣城市宣州区畜牧局, 安徽宣城 242099;

3. 池州市疾病预防控制中心, 安徽池州 247000)

[摘要] 本研究旨在评估不同水平的中药渣对湖羊生长性能、肉质和抗氧化性能的影响。试验将60头平均断奶体重为 (15.49 ± 0.14) kg的湖羊分为3组, 每组5个重复, 每个重复4头羊。3组湖羊饲喂玉米、青贮玉米和豆粕为主的全混合日粮, 在为期12周的饲养试验期间, 在全混合日粮中分别添加0.05%和1%中药渣。结果: 1%中药渣组湖羊的末重和日增重与0.05%中药渣组和对照组无显著差异($P > 0.05$)。0.05%中药渣组湖羊的末重和日增重较对照组显著提高4.34%和10.43%($P < 0.05$), 但0.05%和1%中药渣组料重比较对照组显著降低11.89%和6.61%($P < 0.05$)。与对照组相比, 0.05%和1%中药渣组湖羊的眼肌面积显著提高9.93%和9.09%($P < 0.05$), 但0.05%和1%中药渣组湖羊的蒸煮损失显著降低12.40%和11.95%($P < 0.05$)。0.05%和1%中药渣组湖羊血清甘油三酯浓度、总抗氧化力(T-AOC)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)和超氧化物歧化酶(SOD)活性显著高于对照组($P < 0.05$), 但血清胆固醇和丙二醛(MDA)浓度显著低于对照组($P < 0.05$)。结论: 湖羊从断奶到饲养12周, 日粮中添加0.05%~1%中药渣可改善饲料效率, 提高肌肉眼肌面积, 降低蒸煮损失及改善血清抗氧化酶活性。考虑到湖羊的末重和日增重, 日粮中适宜的中药渣添加水平为0.05%。

[关键词] 中药渣; 湖羊; 生长性能; 肉质; 抗氧化**[中图分类号]** S826**[文献标识码]** A**[文章编号]** 1004-3314(2022)10-0113-04

动物营养学家一直试图调控瘤胃发酵, 不仅是为了提高纤维消化率, 还为了减少甲烷排放和氮排泄, 蒋辰宇等(2019)报道, 控制反刍动物瘤胃生态系统, 提高纤维性饲料的消化率, 减少反刍动物的甲烷排放, 提高动物生长性能, 是动物微生物学家和营养学家最重要的研究目标。通过营养手段来调控瘤胃生态系统的方法包括在饲料中添加离子基团、卤素化合物、有机酸和其他抗生素等(汪水平, 2015)。但由于抗生素已明确禁止在饲料中添加, 因此, 研究和评估天然抗菌剂的潜力越

来越受到科学家的重视, 如大蒜油或柠檬草粉已被证明可以调控反刍动物的瘤胃发酵, 提高营养物质利用率和抗氧化性能(盛晓婧等, 2019)。大蒜含有大量的有机硫化合物, 如大蒜素、s-烯丙基半胱氨酸、二烯丙基二硫化物、s-甲基半胱氨酸亚砷和s-烯丙基半胱氨酸, 被研究为水或乙醇提取物或干粉(王喜欢等, 2017)。在畜牧业生产中大蒜被广泛研究, 结果发现, 大蒜可提高生长率、消化率和胴体性状(Tatara等, 2008)。在制药产业中, 大蒜常作为中药类原料之一, 制药过程中会产生大量副产物, 这些残渣通常会被遗弃, 不仅造成资源浪费, 同时也对环境污染造成影响。因此, 为了充分利用中药制作过程中产生的废渣, 本研究研究中药渣对湖羊生长性能、肉质和抗氧化性能的影响。

基金项目: 2021年度安徽省高校自然科学研究重点项目(皖教秘科[2021]104号, KJ2021A1418); 安徽省高校优秀青年骨干教师国内访问研修项目(gxgnfx2021204); 2020年度安徽省高校自然科学研究重点项目(皖教秘科[2020]100号, KJ2020A1007)

1 材料与方法

1.1 动物分组与日粮 试验将 60 头平均断奶体重为 (15.49 ± 0.14) kg 的湖羊分为 3 组, 每组 5 个重复, 每个重复 4 头羊。3 组湖羊饲喂玉米、青贮玉米和豆粕为主的全混合日粮, 在为期 12 周的饲养试验期间, 在全混合日粮中分别添加 0、0.5% 和 1% 中药渣。在试验开始和 12 周结束的最后 1 d, 对每头湖羊进行称重, 统计试验期间的饲料用量。

表 1 断奶后湖羊日粮配方及营养水平 g/kg

原料	含量	营养水平	含量
玉米	394	有机物	92.5
青贮玉米	280	干物质	90.0
麸皮	35	粗蛋白质	15.5
豆粕	100	粗脂肪	3.0
菜粕	75	钙	0.85
鱼粉	50	磷	0.50
大豆油	6.8		
代乳粉	10		
食盐	2		
石粉	7.3		
磷酸氢钙	4.9		
小苏打	5		
预混料	15		

1.2 血清指标分析 在试验第 12 周结束时, 每个重复选择 1 头健康且体重良好的湖羊称重, 然后颈静脉采血, 分离血清后, 采用商品试剂盒测定血清生化指标和抗氧化酶活性。

1.3 动物屠宰 将上述称重后的湖羊屠宰, 称量屠体重, 参考鲁琳(2012)的方法测定湖羊的屠宰性能(热胴体重、冷胴体重)及肉品质指标(脂肪深度、眼肌面积、pH、蒸煮损失、滴水损失和肉色)。

1.4 数据处理 试验数据通过 SPSS 软件单因素方差模型处理, 采用 Turkey 法进行多重比较, $P < 0.05$ 表示组间差异显著。

2 结果与分析

2.1 中药渣对湖羊生长性能的影响 由表 2 可知, 日粮添加不同水平的中药渣对断奶后 12 周湖羊的采食量无显著影响($P > 0.05$), 1% 中药渣组湖羊的末重和日增重与 0.5% 中药渣组和对

照组无显著差异($P > 0.05$)。0.5% 中药渣组湖羊的末重和日增重较对照组显著提高 4.34% 和 10.43% ($P < 0.05$), 但 0.5% 和 1% 中药渣组料重比较对照组显著降低 11.89% 和 6.61% ($P < 0.05$)。

表 2 中药渣添加水平对湖羊生长性能的影响

项目	对照组	0.5% 中药渣	1% 中药渣	标准误	P值
初重/kg	15.68	15.34	15.46	0.14	0.49
末重/kg	32.46 ^b	33.87 ^a	32.82 ^{ab}	0.60	0.04
日增重/(g/d)	199.76 ^b	220.59 ^a	206.67 ^{ab}	8.66	0.03
采食量/(kg/d)	1.48	1.44	1.43	0.02	0.16
料重比	7.41 ^a	6.53 ^b	6.92 ^b	0.36	0.02

2.2 中药渣对湖羊肉品质的影响 由表 3 可知, 日粮添加 0.5% ~ 1% 中药渣对湖羊屠体重、热胴体重、冷胴体重、脂肪深度、屠宰后 45 min 的 pH、系水力和肉色(L、a 和 b 值)的影响无显著差异($P > 0.05$)。与对照组相比, 0.5% 和 1% 中药渣组湖羊的眼肌面积显著提高 9.93% 和 9.09% ($P < 0.05$), 但 0.5% 和 1% 中药渣组湖羊的蒸煮损失显著降低 12.40% 和 11.95% ($P < 0.05$)。

表 3 中药渣添加水平对湖羊肉品质的影响

项目	对照组	0.5% 中药渣	1% 中药渣	标准误	P值
屠体重/kg	27.58	27.76	27.84	0.13	0.25
热胴体重/kg	18.94	19.03	18.99	0.05	0.76
冷胴体重/kg	18.05	17.89	18.12	0.12	0.19
脂肪深度/cm	0.36	0.33	0.34	0.02	0.45
眼肌面积/cm ²	21.34 ^b	23.46 ^a	23.28 ^a	1.18	0.04
pH _{45min}	6.36	6.40	6.37	0.02	0.32
蒸煮损失/%	26.78 ^a	23.46 ^b	23.58 ^b	1.88	0.03
系水力/%	24.65	25.13	24.84	0.24	0.31
肉色					
L	40.86	41.09	41.13	0.15	0.22
a	16.15	15.63	15.87	0.26	0.48
b	5.87	6.02	6.05	0.10	0.53

2.3 中药渣对湖羊血清生化及抗氧化指标的影响 由表 4 可知, 日粮中药渣添加水平对湖羊血清总蛋白、白蛋白、尿素氮浓度及过氧化物酶(CAT)活性的影响无显著差异($P > 0.05$)。0.5% 和 1% 中药渣组湖羊血清甘油三酯浓度、总抗氧化力(T-AOC)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)和超氧化物歧化酶(SOD)活性显著高于对照组

表 4 中药渣添加水平对湖羊血清生化及抗氧化指标的影响

项目	对照组	0.5%中药渣	1%中药渣	标准误	P值
总蛋白/(g/L)	40.03	39.15	41.38	20.11	0.26
白蛋白/(g/L)	24.12	24.67	24.29	12.18	0.49
总胆固醇/mmol	3.18 ^a	1.47 ^b	1.26 ^b	1.31	0.03
甘油三酯/mmol	1.35 ^b	1.87 ^a	1.95 ^a	0.90	0.04
尿素氮/(mg/L)	278.65	259.87	261.23	133.57	0.38
CAT/(U/mL)	2.15	2.28	2.21	1.11	0.52
T-AOC/(U/mL)	3.87 ^b	6.72 ^a	7.13 ^a	3.29	0.02
GSH-Px/(U/mL)	187.65 ^b	318.76 ^a	323.48 ^a	151.96	0.04
SOD/(U/mL)	26.87 ^b	49.82 ^a	51.33 ^a	24.09	0.03
MDA/(nmol/mL)	7.65 ^a	3.37 ^b	3.46 ^b	3.13	0.04

($P < 0.05$), 但血清总胆固醇和丙二醛(MDA)浓度显著低于对照组($P < 0.05$)。

3 讨论

试验将中药渣添加到全混合日粮中,并在整个试验期间被所有动物充分消耗,尽管在各组中试验原料的添加水平不同,但各组全混合日粮的营养成分基本一致。而试验发现,日粮添加不同水平的中药渣对断奶后 12 周湖羊采食量无显著影响,0.5% 中药渣组湖羊的末重和日增重显著高于对照组,这与 Wanapat 等(2009)报道的生长指标结果相似。

本研究未能测定中药渣的主要营养成分,因此,我们假设,试验用的中药渣原料蛋白质含量可满足湖羊生长,因此,在当今蛋白饲料短缺的前提下,开发和利用一些副产物资源具有重要意义。此外,由于中医药事业飞速发展,中药加工副产物排放量与日俱增,环境污染问题与资源浪费问题也凸显出来。李芙蓉等(2019)报道,中药渣固态发酵后可提高蛋白质含量,降低纤维含量,在饲料中添加可提高适口性,改善肉质。本研究结果发现,大部分胴体性状和肉质指标无显著差异,但中药渣组眼肌面积升高,蒸煮损失降低。圣平等(2019)也报道了类似的结果,同时其发现湖羊肌肉水分和粗蛋白质含量显著降低,但脂肪含量显著升高。因此,中药渣作为饲料原料具有较好的营养和药用价值,这对国家畜牧养殖业的发展有良好的促进作用。

血清生化指标显示,0.5% 和 1% 中药渣组湖

羊血清甘油三酯浓度、总抗氧化力、谷胱甘肽过氧化物酶和超氧化物歧化酶活性显著高于对照组,但血清胆固醇和丙二醛浓度显著降低。甘油三酯浓度的提高说明中药渣改善了湖羊的脂代谢。祝倩等(2017)发现,中药渣可改善母猪抗氧化酶活性,降低丙二醛浓度。上述结果表明,中药渣可改善湖羊抗氧化性能,进而维持其机体状况良好,有利于生长。但由于本研究未分析中药渣的活性成分,其抗氧化机理还不清楚,因此,下一步试验需评估中药渣中的活性成分及哪些成分对抗氧化具有影响。

4 结论

在湖羊断奶到 12 周龄日粮中添加 0.5% ~ 1% 中药渣可改善饲料效率,提高肌肉眼肌面积,降低蒸煮损失,改善血清抗氧化酶活性。考虑到湖羊的末重和日增重,日粮中适宜的中药渣添加水平为 0.5%。

参考文献

- [1] 蒋辰宇,普宣宣,刘俊峰,等. 瘤胃甲烷菌与其他瘤胃微生物关系和测定技术研究进展[J]. 家畜生态学报,2019,9: 9 ~ 13.
- [2] 鲁琳. 高精料日粮中添加丙酸钙对育肥牛生产性能、胴体品质及肌肉脂肪调控基因表达的影响[D]. 博士学位论文,南京农业大学,2012.
- [3] 李芙蓉,李宏伟,田永峰,等. 中药渣固态发酵生产蛋白饲料研究与应用[J]. 饲料研究,2019,4: 94 ~ 99.
- [4] 圣平,何力,张志红,等. 饲喂中药渣对湖羊生长性能及肉质的影响[J]. 饲料研究,2019,1: 1 ~ 5.
- [5] 盛晓婧,庞旭,张继光. 大蒜中有机硫化物萃取技术研究进展[J]. 农产品质量与安全,2019,1: 49 ~ 54.
- [6] 汪水平. 植物提取物调控瘤胃发酵的研究进展[J]. 畜牧兽医

学报, 2015, 1 : 12 ~ 19.

[7] 王喜欢, 张金华, 胡亚南, 等. 大蒜素对高脂饮食 ApoE^{-/-}小鼠动脉粥样硬化形成的影响 [J]. 中国动脉硬化杂志, 2017, 2 : 140 ~ 144.

[8] 祝倩, 解培峰, 李华伟, 等. 中药渣发酵物对母猪繁殖性能和血浆指标的影响 [J]. 天然产物研究与开发, 2017, 12 : 2141 ~ 2146.

[9] Tatara M R, Sliwa E, Dudek K, *et al.* Aged garlic extract and

allicin improve performance and gastrointestinal tract development of piglets reared in artificial sow [J]. *Ann Agric Environ Med*, 2008, 15 : 63 ~ 69.

[10] Wanapat M, Polvorach S, Boonnop K, *et al.* Effects of treating rice straw with urea or urea and calcium hydroxide upon intake, digestibility, rumen fermentation and milk yield of dairy cows [J]. *Livest Sci*, 2009, 125 : 238 ~ 243.

Effects of chinese medicine residue on growth performance, meat quality and antioxidant of Hu sheep

WU Pingping¹, JIANG Lili², JIANG Meilian³

(1.Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou, Anhui Province 247000, China;

2.Xuancheng Xuancheng District Animal Husbandry Bureau, Xuancheng, Anhui Province 242099, China;

3.Chizhou animal disease prevention and control center, Chizhou, Anhui Province 247000, China)

[Abstract] The purpose of this study was to evaluate the effects of adding different levels of Chinese herb residues in diets with the control group on growth performance, meat quality and antioxidant performance of Hu sheep. Sixty Hu sheep with an average weaning body weight of (15.49 ± 0.14) kg were divided into 3 groups with 20 sheep in each group and 5 replicates in each group and 4 sheep per replicate. Hu sheep in the three groups were fed a total mixed diet consisting mainly of corn, silage corn and soybean meal. During the 12-week feeding experiment, the total mixed diet was supplemented with 0, 0.5% and 1% herb residues, respectively. Results : There were no significant differences in final weight and daily gain between 1% Chinese herb residue group and 0.5% herb residue group and control group ($P > 0.05$). Compared with the control group, the final weight and daily gain of Hu sheep in 0.5% Chinese herb residue group were significantly increased by 4.34% and 10.43% ($P < 0.05$), but the feed weight in 0.5% and 1% herb residue groups was significantly decreased by 11.89% and 6.61% ($P < 0.05$). Compared with the control group, eye muscle area of sheep in 0.5% and 1% Chinese herb residue groups was significantly increased by 9.93% and 9.09% ($P < 0.05$), but cooking loss of sheep in 0.5% and 1% herb residue groups was significantly decreased by 12.40% and 11.95% ($P < 0.05$). The serum triglyceride concentration, total antioxidant power (T-AOC), glutathione peroxidase (GSH-Px) and superoxide dismutase (SOD) activities in 0.5% and 1% Chinese medicine residue groups were significantly higher than those in control group ($P < 0.05$), but the serum cholesterol and malondialdehyde (MDA) concentrations were significantly lower than those in control group ($P < 0.05$). Conclusion : From weaning to feeding 12 weeks, adding 0.5% to 1% Chinese herb residues in diets can improve feed efficiency, increase eye muscle area, decrease cooking loss and improve serum antioxidant enzyme activity of Hu sheep. Considering the final weight and daily gain of Hu sheep, the optimal supplemental level of herb residue was 0.5%.

[Key words] Chinese medicine residue ; Hu sheep ; growth performance ; meat quality ; antioxidation

中草药饲料添加剂对皖南草鸡生长性能、抗病能力和肉品质影响的研究

吴俊 吴萍萍 许二学 朱宏兵

(池州职业技术学院, 安徽 池州 247000)

摘要: 试验旨在探讨中草药添加剂对皖南草鸡生长性能、抗病力和肉品质的影响。选取800只健康的皖南草鸡, 随机分为4个组, 每组10个重复, 每个重复20只。对照组草鸡饲喂基础日粮, 试验1~3组分别在基础日粮中添加0.5%、1.0%、1.5%的中草药添加剂。试验期8 w。结果显示, 试验2组和3组草鸡的平均日增重显著高于对照组 ($P<0.05$); 试验2组和3组草鸡的料重比均极显著低于对照组 ($P<0.01$)。试验组草鸡的发病率、克粪便卵囊数 (OPG) 均极显著低于对照组 ($P<0.01$); 试验2组和3组草鸡的病死率均极显著低于对照组 ($P<0.01$); 试验组草鸡的腹泻率均显著低于对照组 ($P<0.05$)。试验2组和3组草鸡的全净膛率和腿肌率均显著高于对照组 ($P<0.05$); 试验2组草鸡胸肌滴水损失率显著低于对照组 ($P<0.05$); 试验2组和3组草鸡胸肌剪切力显著低于对照组 ($P<0.05$); 试验组草鸡的胸肌胆固醇含量均显著低于对照组 ($P<0.05$)。研究表明, 在皖南草鸡日粮中添加适量的中草药添加剂可有效改善其生长性能、屠宰性能和肉品质, 降低发病率; 最适添加量为1.0%。

关键词: 中草药添加剂; 草鸡; 生长性能; 抗病力; 肉品质

中图分类号: S 831

文献标识码: A

文章编号: 1002-2813 (2022) 09-0056-04

Doi: 10.13557/j.cnki.issn1002-2813.2022.09.013

Effect of Chinese herbal medicine feed additives on growth performance, disease resistance and meat quality of Wannan grass chickens

WU Jun WU Ping-ping XU Er-xue ZHU Hong-bing

Abstract: The experiment was to explore the effect of Chinese herbal medicine additives on growth performance and disease resistance and meat quality of Wannan grass chickens. 800 healthy Wannan grass chickens were selected and randomly divided into four groups, with ten replicates in each group and 20 chickens in each replicate. The grass chickens in control group were fed with basal diets, and 0.5%, 1.0% and 1.5% of Chinese herbal medicine additives were added to the basal diets in experimental group 1~3, sequentially. The test period was 8 w. The results showed that the average daily gain of chickens in experimental group 2 and group 3 was significantly higher than that in control group ($P<0.05$), and the feed to gain ratio in experimental group 2 and group 3 was significantly lower than that in control group ($P<0.01$). The morbidity and number of OPG in experimental group were extremely lower than those in control group ($P<0.01$). The mortality of chickens in group 2 and group 3 was extremely lower than that in control group ($P<0.01$). The diarrhea rate in experimental group was significantly lower than that in control group ($P<0.05$). Evisceration rate and leg muscle rate of chickens in experimental group 2 and group 3 were significantly higher than those in control group ($P<0.05$). The drip loss rate of breast muscle in experimental group 2 was significantly lower than that in control group ($P<0.05$). The shear force of breast muscle in experimental group 2 and group 3 was significantly lower than that in control group ($P<0.05$). The cholesterol content of breast muscle in experimental group was significantly lower than that in control group ($P<0.05$). The experiment indicates that adding appropriate amount of Chinese herbal medicine additives to the diet of Wannan grass chickens can effectively improve the growth performance, slaughter performance and meat quality, and reduce the incidence of disease. The optimal addition amount of Chinese herbal medicine additive is 1.0%.

Key words: Chinese herbal medicine additive; grass chicken; growth performance; disease resistance; meat quality

第一作者: 吴俊, 硕士, 副教授, 研究方向为临床兽医。

基金项目: 安徽省自然科学基金重点项目 (项目编号: KJ2020A1007)

收稿日期: 2021-06-15

中草药具有天然、绿色、取材方便、低残留、无耐药性等特点, 兼具营养与药用价值^[1-3]。饲喂中草药添加剂可提高动物机体免疫力, 增强抗病力和机体抗氧化功能, 改善肉品质等^[4-8]。皖南草鸡体躯中等、结构匀称、

肉质鲜美。目前,中草药在动物生产中的应用的研究主要集中于反刍动物、猪、肉鸡、蛋鸡等方面,有关草鸡养殖生产中的研究较少。本试验探究在日粮中添加不同剂量的中草药添加剂对皖南草鸡的生长性能、抗病力及肉品质的影响,为中草药在草鸡养殖中的应用提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用的中草药制剂为清瘟败毒散和驱虫止痢,中草药添加剂主要由黄连、常山、仙鹤草、白头翁、马齿苋、地锦草、黄芩、地黄等10余味中草药组成,清瘟败毒散和驱虫止痢以1:1的比例饲喂草鸡。

中清瘟败毒散购自北京中农动泰生物科技有限公司,驱虫止痢购自北京生泰尔科技股份有限公司。草药添加剂按不同比例与基础日粮均匀混合后饲喂草鸡。

1.2 试验设计

选取800只健康的皖南草鸡,随机分为4组,每组10个重复,每个重复20只。

对照组草鸡饲喂基础日粮,试验1~3组分别在基础日粮中添加0.5%、1.0%、1.5%的中草药添加剂。试验期8 w。基础日粮组成及营养水平见表1。

表1 基础日粮组成及营养水平

项目	1~28日龄	29~56日龄
原料组成/%		
玉米	62.25	62.87
豆粕	28.80	27.60
鱼粉	2.20	1.50
次粉	2.50	4.00
磷酸氢钙	1.30	1.38
贝壳粉	0.75	0.50
石粉	0.85	0.80
食盐	0.35	0.35
预混料	1.00	1.00
合计	100.00	100.00
营养水平		
代谢能/(MJ/kg)	11.85	12.02
粗蛋白/%	20.03	19.15
粗纤维/%	2.65	2.66
粗脂肪/%	2.97	2.90
钙/%	1.10	1.03
有效磷/%	0.50	0.45
蛋氨酸/%	0.45	0.41
赖氨酸/%	1.06	0.92

注:1.预混料为每千克日粮提供:VA 11 000 IU、VD₃ 3 280 IU、VE 25 IU、VK₃ 2 mg、VB₁ 1.5 mg、VB₁₂ 0.05 mg、叶酸0.6 mg、烟酸35 mg、泛酸15 mg、Fe 100 mg、Cu 20 mg、Mn 80 mg、Zn 60 mg、Se 0.20 mg、I 0.40 mg。

2.营养水平均为计算值。

1.3 饲养管理

试验草鸡自由采食饮水,每日打扫鸡舍卫生,保证环境干净,按照鸡场日常管理进行免疫。

1.4 测定指标及方法

1.4.1 生长性能

称取草鸡1日龄、28日龄、56日龄的体重,记录各组采食量,计算平均日增重、平均日采食量及料重比。

$$\text{平均日增重} = (\text{末重} - \text{初重}) / \text{试验天数} \quad (1)$$

$$\text{平均日采食量} = \text{总采食量} / \text{试验天数} \quad (2)$$

$$\text{料重比} = \text{平均日采食量} / \text{平均日增重} \quad (3)$$

1.4.2 抗病力指标

观察草鸡鸡群状态,记录鸡群发病、腹泻、死亡等情况;克粪便卵囊数(OPG)的检测使用饱和食盐水漂浮法对粪便进行处理,采用麦克马斯特计数板进行计数。

1.4.3 屠宰性能

试验第56 d,每组选取20只草鸡屠宰,检测草鸡的屠宰率、全净膛率、腹脂率、胸肌率及腿肌率。

$$\text{屠宰率} = \text{屠体重} / \text{活重} \times 100\% \quad (4)$$

$$\text{全净膛率} = \text{全净膛重} / \text{活重} \times 100\% \quad (5)$$

式中:屠体重为活重去掉血液和羽毛的重量;全净膛重为屠体重减去头、食道、嗦囊、气管、生殖器官、消化器官、脚及腹脂的重量。

$$\text{腹脂率} = \text{腹脂重} / \text{全净膛重} \times 100\% \quad (6)$$

$$\text{胸肌率} = \text{胸肌重} / \text{全净膛重} \times 100\% \quad (7)$$

$$\text{腿肌率} = \text{腿肌重} / \text{全净膛重} \times 100\% \quad (8)$$

1.4.4 肉品质

试验第56 d,每个重复取2只鸡,采血,屠宰,分离左侧胸肌进行肉质分析。草鸡屠宰15 min,使用DSH-2F pH计测定鸡肉pH值,Minolta Chroma Meter II校正板校准色度仪测定肉色。取胸肌鲜肉样长宽厚为3 cm × 2 cm × 1 cm,称重(W₁),4℃保存24 h。使用滤纸擦去样品表面渗出的汁液后称量(W₂),测定滴水损失率。

$$\text{滴水损失率} = (W_1 - W_2) / W_1 \times 100\% \quad (9)$$

左侧胸肌取样,置于塑料薄膜袋中将空气挤出,包扎后4℃冷藏,熟化24 h。取出熟化肉样,室温下放置1 h,将温度计插入肌肉中心部位,将肉样包扎好,保持袋口向上,80℃水浴至温度计达到70℃,取出肉样,静置。将冷却后的肉样按与肌纤维呈垂直方向切取厚度为1.5 cm的肉片,使用1.27 cm直径的圆形取样器延肌纤维方向钻切肉样块,C-LM3型数显肌肉嫩度仪测定剪切力,每个肉样检测3次。

采用索氏醚浸提法^[9]检测胸肌内粗脂肪含量;采用凯氏定氮法检测^[10]胸肌内粗蛋白含量;采用高效液相色谱法检测^[11]胸肌肌苷酸;参考Kim等^[12]的方法检测胸肌胆固醇含量。

1.5 数据统计与分析

采用Excel 2020软件对采集和检测的数据统计整理,

SPSS 20.0 软件进行单因素方差分析, Duncan's 法进行组间数据的多重比较。结果以平均值和总误差表示, $P<0.05$ 表示差异显著, $P<0.01$ 表示差异极显著。

2 结果与分析

2.1 中草药添加剂对皖南草鸡生长性能的影响 (见表2)

由表2可知, 试验2组和3组草鸡的平均日增重显著高于对照组 ($P<0.05$); 试验2组和3组草鸡的料重比均极显著低于对照组 ($P<0.01$)。因此, 草鸡日粮中添加0.1%~1.5%的中草药可明显改善草鸡的生长性能。

表2 中草药添加剂对皖南草鸡生长性能的影响

项目	初重/g	末重/g	平均日增重/ [(g/只·d)]	平均日采食量/ [(g/只·d)]	料重比
对照组	35.00	973.03	16.75 ^b	42.34	2.53 ^A
试验1组	34.00	991.30	17.09 ^{ab}	42.51	2.49 ^{AB}
试验2组	35.00	1 027.37	17.72 ^a	42.60	2.40 ^B
试验3组	35.00	1 020.46	17.60 ^a	42.48	2.41 ^B
SEM	0.22	5.37	0.14	0.26	0.06
P值	0.273	0.083	0.043	0.519	0.004

注: 同列数据肩标小写字母不同表示差异显著 ($P<0.05$), 大写字母不同表示差异极显著 ($P<0.01$), 字母相同或无字母表示差异不显著 ($P>0.05$); 表3与表4与此同。

2.2 中草药添加剂对皖南草鸡抗病力的影响 (见表3)

由表3可知, 试验组草鸡的发病率、OPG 数均极显著低于对照组 ($P<0.01$); 试验2组和3组草鸡的病死率均极显著低于对照组 ($P<0.01$); 试验1组草鸡的病死率显著低于对照组 ($P<0.05$); 试验组草鸡的腹泻率均显著低于对照组 ($P<0.05$)。因此, 在草鸡日粮中添加0.5%的中草药添加剂即可明显提高草鸡的抗病力。

表3 中草药添加剂对皖南草鸡抗病力的影响

项目	发病率/%	病死率/%	腹泻率/%	OPG/(个/g)
对照组	5.23 ^A	2.73 ^{Aa}	3.56 ^a	261.00 ^A
试验1组	3.63 ^B	1.71 ^{ABb}	2.19 ^b	166.00 ^B
试验2组	2.39 ^C	1.03 ^{Bb}	1.27 ^c	95.00 ^C
试验3组	2.20 ^C	0.97 ^{Bb}	1.45 ^c	93.00 ^C
SEM	0.62	0.21	0.18	4.82
P值	0.001	0.006	0.012	0.003

2.3 中草药添加剂对皖南草鸡屠宰性能的影响 (见表4)

由表4可知, 试验2组和3组草鸡的全净膛率和腿肌率均显著高于对照组 ($P<0.05$)。因此, 在草鸡日粮中添加0.1%~1.5%的中草药添加剂可以有效提高屠宰性能。

2.4 中草药添加剂对皖南草鸡肉品质的影响 (见表5)

由表5可知, 试验2组草鸡胸肌滴水损失率显著低于对照组 ($P<0.05$), 试验2组和3组草鸡胸肌剪切力均显著低于对照组 ($P<0.05$), 试验组草鸡胸肌胆固醇含量均

显著低于对照组 ($P<0.05$)。因此, 适量的中草药添加剂可以改善肌肉嫩度, 调节胆固醇含量。

表4 中草药添加剂对皖南草鸡屠宰性能的影响 单位: %

项目	屠宰率/%	全净膛率/%	胸肌率/%	腿肌率/%	腹脂率/%
对照组	84.69	63.62 ^b	12.54	9.77 ^b	2.48
试验1组	84.80	64.20 ^{ab}	12.73	10.35 ^{ab}	2.37
试验2组	85.01	65.38 ^a	12.80	11.28 ^a	2.30
试验3组	84.95	65.27 ^a	12.77	10.94 ^a	2.32
SEM	3.17	2.94	1.03	0.83	0.19
P值	0.824	0.041	0.130	0.036	0.173

表5 中草药添加剂对皖南草鸡肉品质的影响

项目	对照组	试验1组	试验2组	试验3组	SEM	P值
pH值	5.80	5.77	5.73	5.76	0.67	0.106
红度 (a*)	9.87	10.04	10.37	10.70	1.76	0.390
黄度 (b*)	8.49	8.55	8.48	8.56	1.60	0.521
亮度 (L*)	55.30	55.82	56.30	56.93	5.03	0.829
滴水损失/%	2.60 ^a	2.55 ^a	2.31 ^b	2.48 ^{ab}	0.21	0.039
剪切力/N	30.58 ^a	28.91 ^{ab}	27.73 ^b	28.22 ^b	2.96	0.040
粗蛋白/%	22.67	22.70	22.72	22.70	3.04	0.173
粗脂肪/%	3.39	3.42	3.45	3.43	0.30	0.491
肌苷/(mg/g)	1.18	1.20	1.22	1.22	0.19	0.492
胆固醇/(mg/kg)	976.29 ^a	879.10 ^b	830.04 ^b	858.21 ^b	7.38	0.020

注: 同行数据肩标不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$), 字母相同或无字母表示差异不显著 ($P>0.05$)。

3 讨论

3.1 中草药添加剂对皖南草鸡生长性能的影响

目前, 中草药添加剂在草鸡养殖生产中的应用研究较少。本试验研究发现, 在草鸡日粮中添加1.0%~1.5%的中草药添加剂可明显提高皖南草鸡的平均日增重, 降低料重比, 说明中草药对草鸡的生长性能具有促进作用。张晋川等^[13]研究表明, 在滨海草鸡日粮中添加由黄芪、当归、党参、炒山楂、甘草、马齿苋、贯众等7种中草药组成的复方制剂, 中草药添加剂添加量为1.0%时, 可以明显促进草鸡生长, 提高机体免疫力。Nguyen等^[14]研究表明, 在越南肉仔鸡日粮中添加2%的纳米中草药添加剂可明显提高肉仔鸡的生长性能和饲料转化率。王清峰^[15]研究表明, 在散养肉鸡日粮中添加1%的青蒿及其复合中草药添加剂可以提高肉鸡平均日增重及粗蛋白代谢率, 降低料重比。本试验结果与上述研究结果类似, 说明中草药添加剂可以有效改善鸡的生长性能, 原因可能是中草药具有清热解毒、提高免疫力的功能。

3.2 中草药添加剂对皖南草鸡抗病力的影响

中草药具有提高动物生长性能、预防和治疗疾病的作

用,能够增强机体免疫力,提高动物的抗病能力^[16]。研究表明,中草药具有抗菌、抗病毒、驱虫等作用^[17]。Nguyen等^[14]研究发现,饲喂2%纳米中草药添加剂组的越南肉仔鸡未发生呼吸道和消化道疾病,病死率为0。孟虹艳^[18]研究发现,使用由皂角、茯苓等组成的复方中草药添加剂使土鸡的成活率显著提高2.76%~6.27%。青蒿及其复方中草药添加剂可以有效降低肉仔鸡的发病率和克粪便卵囊数^[15]。本试验结果表明,日粮中添加中草药添加剂能够降低草鸡的发病率、OPG个数、病死率和腹泻率,说明中草药添加剂可以减少发病率、降低病死率。中草药添加剂具有抗病力与其具有抑菌、抗菌有关,可以提高动物机体的免疫力及抗氧化能力,进而增强机体的抗病力^[19]。

3.3 中草药添加剂对皖南草鸡屠宰性能的影响

本试验中,试验2组和3组草鸡的全净膛率和腿肌率显著高于对照组,说明在草鸡日粮中添加0.1%~1.5%的中草药添加剂可以有效提高草鸡的屠宰性能。Nguyen等^[14]研究表明,纳米中草药添加剂可以有效提高越南肉仔鸡的全净膛率、胸肌率和腿肌率。王清峰^[15]研究表明,中草药添加剂可以有效改善散养肉鸡的屠宰性能,其中对全净膛率和腿肌率效果最为明显。唐燕飞等^[20]研究发现,由牛膝、栀子等中草药组成的复方制剂明显提高试验鸡的全净膛率、胸肌率和腿肌率。中草药添加剂能够改善动物机体屠宰性能的原因可能是中草药添加剂中的生物活性成分调节了机体的代谢机制,进而提高了动物的屠宰性能^[21]。

3.4 中草药添加剂对皖南草鸡肉品质的影响

肉品质的指标主要包括pH值、剪切力、滴水损失等理化指标及粗蛋白、粗脂肪、粗灰分等营养成分指标。肌肉pH值可以间接反映肉色、剪切力、粗蛋白的变化情况^[22]。滴水损失与剪切力可以反映肌肉的嫩度。肌内粗蛋白、粗脂肪等营养物质的含量反映肌肉的营养价值。本试验中,试验2组草鸡胸肌滴水损失显著低于对照组,试验2组和3组草鸡胸肌剪切力显著低于对照组,试验组1~3组草鸡胸肌胆固醇含量显著低于对照组,说明中草药添加剂可以改善皖南草鸡肌肉的嫩度,并降低肉质中的胆固醇含量。姜贺等^[23]研究表明,中草药添加剂可以明显提高林下鸡的肌肉粗蛋白及粗灰分的含量,改善林下鸡的肉质性状。Nguyen等^[14]研究表明,纳米中草药添加剂可以明显降低越南肉仔鸡胸肌和腿肌的滴水损失及剪切力。中草药中的营养物质可使日粮中营养成分更丰富,促进有益成分在畜产品中的沉积,进而改善肉品质^[24]。

4 结论

在皖南草鸡日粮中添加适量的中草药添加剂可以明显提高其抗病力,有效改善其生长性能、屠宰性能和肉品质。综合各项指标数据及成本考虑,中草药在草鸡日粮中的最适添加量为1.0%。

参考文献

- [1] 宿国强,陈媛婧,杨海明,等.中草药添加剂在肉仔鸡生产中的应用[J].中国饲料,2021(1):48-52.
- [2] 杨二聪,刘海斌,官丽辉,等.不同剂量中草药添加剂对坝上长尾鸡产蛋性能及蛋品质的影响[J].饲料研究,2020,43(10):39-41.
- [3] 贺德聪.中草药在鸡病防治中的应用[J].饲料博览,2017(4):69.
- [4] 于佳楠,王晶,陈贝妮,等.复方中草药添加剂对芦花鸡生长性能及肠道菌群结构的影响[J].中国兽医学报,2020,40(9):1832-1835.
- [5] 王佳丽,徐聪.复方中草药对肉鸡生长性能及免疫功能的影响[J].饲料研究,2012,35(1):24-26.
- [6] 孟令楠,冀红芹,路卫星,等.复方中草药添加剂(HMA)对蛋鸡生产性能及抗氧化性能的影响[J].现代畜牧兽医,2021(6):49-52.
- [7] 刘国乾,李海华,姜文联,等.复方中草药制剂对黄麻鸡生产性能及免疫功能的影响[J].黑龙江畜牧兽医,2019,566(2):112-114.
- [8] 尧国荣,曾作材,方霞,等.自制中草药饲料添加剂预防鸡球虫病及促进生长性能的效果观察[J].家禽科学,2018,286(8):8-10.
- [9] 孙玉民,罗明.畜禽肉品学[M].济南:山东科学技术出版社,1993.
- [10] 胡向前.苜蓿草粉及日粮粗蛋白水平对猪胴体品质和肉质的影响[D].重庆:西南大学,2006.
- [11] 李家胜,陈民利.高效液相色谱法测定畜禽肌肉中的肌苷酸含量[J].浙江农业大学学报,1998,24(3):295-296.
- [12] Kim M, Shin H K. The water-soluble extract of chicory influences serum and liver lipid concentrations, cecal short-chain fatty acid concentrations and fecal lipid excretion in rats[J]. Journal of Nutrition, 1998, 128: 1731-1736.
- [13] 张晋川,李巨银,陈光明,等.中草药组方对滨海草鸡生长和免疫功能的研究[J].江苏农业科学,2012,40(3):160-161.
- [14] Nguyen T T H,邹振兴,胡永灵,等.纳米复方中草药添加剂对鸡生长性能、肉品质及抗病能力的影响[J].湖南生态科学学报,2020(1):40-44.
- [15] 王清峰.青蒿及其复合中草药添加剂对散养肉鸡生长、免疫及抗病性能的研究[D].贵阳:贵州大学,2018.
- [16] 鲍宇.中草药型饲料添加剂研究使用进展[J].中国畜牧兽医文摘,2016,32(8):227-228.
- [17] 张颖.中草药添加剂在肉牛生产中的应用[J].中国动物保健,2009(2):88-90.
- [18] 孟虹艳.饲料中添加中草药对土鸡生长性能和抗病能力的影响[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2008.
- [19] 胡永灵,叶世莉,罗佳捷.中草药制剂对热应激奶牛泌乳性能、抗氧化能力及免疫功能的影响[J].草业学报,2015(1):132-132.
- [20] 唐燕飞,葛洪伟,韦宗海,等.中草药添加剂对广西麻鸡屠宰性能和肉品质的影响[J].饲料博览,2013(8):34-37.
- [21] 张慧茹,赵殿齐,杨国浩,等.中草药饲料添加剂对肉鸡屠宰性能和肉品质的影响[J].中国家禽,2014,36(3):46-48.
- [22] Fletcher D. Broiler breast meat color variation, pH, and texture[J]. Poultry Science, 1999, 78(9): 1323-1327.
- [23] 姜贺,泽泽,李洪龙.中草药添加剂对林下鸡生长性能、肉质性状和血液生化指标的影响[J].饲料研究,2015,38(5):39-43.
- [24] 靳二辉,周先建,孙启,等.复方中草药制剂对肉鸡肌肉发育和肉品质的影响[J].江苏农业学报,2018,34(2):374-384.

涉农高校乡村振兴人才培养优化路径探索^{*}

徐鑫¹, 彭常安², 张琪³, 王广峰⁴

(1. 六安职业技术学院城市建设学院, 安徽 六安 237158; 2. 芜湖职业技术学院食品与生物工程学院, 安徽 芜湖 241003;
3. 菏泽学院药学院, 山东 菏泽 274015; 4. 菏泽学院合作发展处, 山东 菏泽 274015)

摘 要:乡村振兴人才培养路径优化是涉农高校发展的首要任务, 培养乡村振兴需要的高素质创新型、技术型、技能型复合人才是涉农高职院校的主题和使命, 是解决乡村人才供给侧结构不足、促进乡村乡村振兴的关键。目前, 一些涉农高校在乡村振兴人才培养中依然面临“三农”情怀教育、专业布局、人才供给等困境, 需要构建“大思政”育人格局、优化专业布局、重塑乡村振兴高素质复合型人才培养路径, 旨在破解乡村振兴人才培养瓶颈, 为涉农高校乡村振兴人才培养路径提供借鉴。

关键词:高职院校; 人才培养; 乡村振兴; 优化路径

中图分类号:G642.0 **文献标识码:**A **文章编号:**1673-2103(2023)05-0128-05

DOI:10.16393/j.cnki.37-1436/z.2023.05.021

全面建设社会主义现代化国家离不开农业农村现代化, “三农”问题始终是关系国计民生的根本性问题, 党的二十大提出全面推进乡村振兴, 促进乡村全面振兴人才是关键。因此, 加快新农科人才培养, 优化人才培养路径, 积极探索实践涉农高校乡村振兴人才培养新模式, 既具有重大的理论价值, 又具有重大的实践价值。

1 涉农高校培养乡村振兴人才的现实要求

习近平总书记 2019 年 9 月 5 日给全国涉农高校书记、校长和专家代表回信中提出, “中国现代化离不开农业农村现代化, 农业农村现代化关键在科技、在人才”。同时寄语涉农高校以“立德树人、强农兴农”为发展主题, 为乡村全面振兴培养更多“知农爱农”新型人才^[1]; 中央相继出台了《关于加快推进乡村人才振兴的意见》《关于加快新农科建设推进高等农林教育创新发展的意见》《关于深化现代职业教育体系建设改革的意见》等重要文件, 为加快培育现

代农业高素质创新型、技术型、技能型复合人才, 切实提升乡村振兴人才的培养质量指明了创新方向、提供了内生动力^[2]。

1.1 培养乡村振兴人才是一项重大的战略性任务

一是实施乡村振兴战略对人才需求刻不容缓。培养高素质涉农人才是实施乡村振兴最活跃的源头活水, 是推动乡村振兴战略的刚性需求。经济发达地区和大都市对涉农人才产生“虹吸”效应, 绝大部分涉农毕业生首选在经济发达地区和大都市就业、创业和发展, 因此, 涉农高校担负培养拥有深厚家国情怀和“三农”情感的乡村振兴人才重任, 深入剖析涉农专业建设和人才培养过程中的困境与机遇, 研究破解对策和建议, 既具有重要的现实意义, 又具有深远的历史意义。二是涉农高校人才培养必须聚焦乡村振兴亟需的高素质创新型、技术型、技能型、复合型人才。人力资源是推动乡村振兴战略的新引擎, 复合型人才是推进乡村振兴战略的加速器, 是实现中国式现代化的关键。在乡村振兴新阶段, 我国的农业

^{*} 收稿日期: 2023-06-15

基金项目:2021 年安徽省高等学校省级质量工程中草药栽培与加工专业教学资源库(2021zyjxzyk032); 2022 年安徽省高等学校省级质量工程教育教学研究项目(2022jyxm1515); 安徽省职业教育创新发展试验区培育库项目(WB-ZJYQ-016)

作者简介:徐鑫(1969—), 男, 安徽霍邱人, 教授, 硕士, 研究方向: 食品加工与安全、教育教学研究。

通信作者:王广峰(1969—), 男, 山东东平人, 副教授, 硕士, 研究方向: 乡村振兴。

产业得到快速发展,人们消费需求的升级,驱使农业向高度个性化、职业化、绿色化、有机化、生态化、品质化发展,新形势新农科对涉农人才要求已经发生重大变化,乡村振兴需要大批高素质复合型人才,以建立现代乡村产业体系,打造现代农业全产业链,实现全面推进乡村振兴和共同富裕的目标。

1.2 乡村振兴人才培养是涉农高校的主题

一是培养适应全面推进乡村振兴的高素质复合型人才是涉农高校的重要使命。全面推进乡村振兴需要一大批促进现代农业农村高质量发展的高素质创新型、技术型、技能型、复合型人才。涉农高职院校以现代农业技术复合型人才培养为目标,在人才教育培养中有机融入乡村振兴的要素需求,切实担负起农业的科学研究、科研成果传播和实用技术推广的社会责任,承载起优秀传统文化、农耕及非遗文化传承的重任,切实解决乡村振兴人力资源短缺的问题,为现代农业高质量发展提供人才支撑。二是人才培养改革是涉农院校创新发展的战略性举措。涉农院校培养适合乡村振兴发展需要的高素质“一专多能”复合型人才,是涉农院校在新时代创新发展的战略举措。近年来,为面向乡村振兴战略发展需要,掀

起了新农科“质量革命”^[3]。高校进行了以生为本、技能为重、产教融合、守正创新等教学改革,构建了同区域产业经济结构相匹配、同乡村振兴人才需求相适应的涉农教育新模式。

2 涉农高校助推乡村振兴人才培养的现实挑战

涉农高校乡村振兴人才培养质量高低是检验其新农科建设质量的标准。乡村振兴人才总体规模不断扩大,涉农专业整合、改造和升级显著增强,服务乡村振兴能力持续攀升,但随着我国全面推进乡村振兴战略的不断深化,涉农高校在助推乡村振兴人才培养过程中面临诸多现实挑战。

2.1 涉农高校在高等教育体系中地位亟待加强

从表 1 可得,2019~2022 年四所“双一流”涉农高校的招生生源质量排名落后于学校综合实力排名。可见优质生源的流失影响了涉农高校学科的建设发展,也妨碍了优秀乡村振兴人才培养,甚至导致优秀师资队伍流失和学科实力的减弱,影响涉农专业的生存发展。

表 1 四所涉农高校 2019~2022 年软科综合排名与生源质量排名

涉农高校	2019 年		2020 年		2021 年		2022 年	
	综合排名	生源排名	综合排名	生源排名	综合排名	生源排名	综合排名	生源排名
中国农业大学	42	59	30	54	30	68	29	61
西北农林科技大学	81	103	68	116	76	97	74	119
华中农业大学	67	100	39	87	42	96	42	110
南京农业大学	69	104	47	92	52	94	49	118

2.2 涉农专业认同度亟待加强

由图 1 可得,涉农专业学生对专业认同度和就业前景“满意”的分别仅占 9.21%、7.35%,不满意及以上高达 37.05%、38.56%,说明该部分学生学农并非出自内心的意愿,而是高考分数不高,或高考调剂到涉农专业,存在厌农情绪和学习动力不足现象。

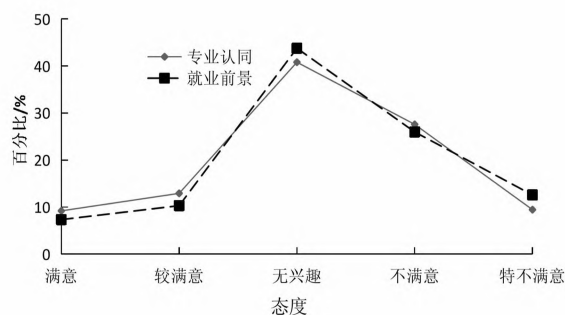


图 1 学生对专业的认同及就业前景态度

由图 2 可得,影响学生对涉农专业认同度较高因素分别是“三农”情怀、经济收入和发展空间,占比

分别是 79.93%、74.01% 和 66.12%；其次是城乡差异和工作环境，占比分别是 59.2% 和 57.03%。究其原因，是农村社会发展不平衡不充分和农村工作条件艰苦等，使涉农学生扎根农村面临工资待遇偏低、生活质量不高和发展空间受限等困惑；另外，社会偏见和其他因素对专业认同度影响也不容忽视。由于人们对传统“三农”存在社会偏见，导致一些家长不愿自己的子女学农，造成学生在升学志愿填报时就回避涉农专业。因此，必须加强“三农”情怀教育，提高涉农专业认同度。

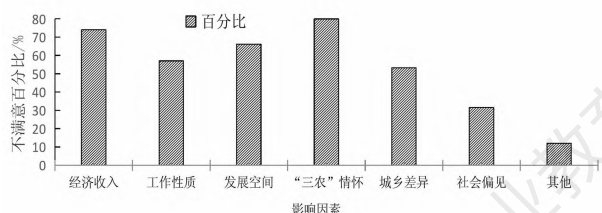


图 2 涉农毕业生对工作不满意的原因

2.3 专业建设有待加强、整合和升级

促进乡村振兴必须走现代农业发展之路，现代农业以互联网、区块链和智能装备为主，主要打造大数据、智能化和生物技术等农业产业，促进农业从生产、加工到服务等各环节一体化全产业链的发展，催生了精准农业、乡村电商、康养和农业综合体等新产业、新业态，促使传统涉农的职业岗位的知识和技能升级。由于目前涉农高校偏少，招生规模持续缩减，严重妨碍了乡村振兴战略的步伐^[4]。据统计，21 世纪以来，全国普通在校涉农专业大学生数占在校生总数占比不足 5%，研究生占比不足 2%，成教涉农在校生占比不足 0.5%，这种现状与发达国家的高等农科教育存在显著差距。近年来，各院校为培养乡村振兴人才，加大了新农科建设力度，对涉农专业进行了调整，整合和升级，但农业人才供给仍满足不了乡村振兴战略需求。山东省 155 所高校开设涉农专业有 39 所，但在校生数占比仅 1.43%^[6]。专业布局忽视区域特色产业与乡村发展趋势，导致涉农人才培养和区域产业经济发展急需的高素质创新型、技术型、技能型、复合型人才需求很难达到耦合。

2.4 人才供给与乡村振兴战略人才需求匹配度有待提高

涉农高校教育人才供给与乡村振兴战略人才需求不匹配，难于实现高素质技术技能型复合乡村振

兴人才的培养目标。从人才培养模式看，我国涉农高校教育尚未完全脱离以生产分工设置专业的教学桎梏，人才培养模式仍然沿袭传统的教育模式，过分追求理论教学，对技能型、交叉型、创新型和复合型人才培养程度不足，很难满足现代农业发展多元化复合人才需求；从协同育人看，政府、高校、企业和行业之间协同育人效果发挥不明显，“产”“教”融合不稳，校内外教学实践基地建设滞后，学生缺少直接参与农业行业、企业生产一线和创新创业设计锻炼，导致涉农专业教学与现代农业生产实际脱节，学生发现问题、解决问题和创新能力等培养不足，严重束缚了涉农高校对乡村振兴战略的复合人才培养。从“教师、教法、教材”（简称三教）改革看，随着农业农村现代化发展和数字技术的广泛应用，农业行业企业对涉农高校的人才培养提出了更高要求，而涉农高校在“三教”改革等方面尚存在一定差距。大多涉农高校教师都是从学校到学校，没有农业企业工作经验，导致教师技能素养不足，很难在教学中完成对学生动手能力的培养；其次，部分教师以学生为中心的理念落实不充分，教学过程中忽视教学的学习情境、师生互动、思维能力启发和灵活多样的教学方法，教学效果与实践要求有差距。在教法方面存在着注重理论知识被动传授，对学生的创新思维和实践能力的培养重视不够。针对互联网的普及，大多涉农高校展开了从“项目式学习”到“问题导向”“素养引领”“成果产出”等教育理念的系列教学改革，但存在教学改革步伐缓慢、针对性不强、措施不力、效果不佳。教材方面，部分新农科教材内容更新相对滞后，与农业产业新技能脱节。此外，教材的高质量数字资源偏少，不利于高校学生自主和深度学习。

3 基于乡村振兴人才培养的优化路径

涉农高校教育在乡村振兴战略人才培养过程中亟待解决好“三农”情怀教育、专业结构、育人方式与乡村振兴战略人才需求匹配度等现实问题，优化专业结构，布局交叉融合新农科；重塑乡村振兴高素质复合人才培养模式，努力提升乡村振兴人才培养质量。

3.1 构建“大思政”育人格局，厚植“大国三农”情怀内核

坚持教育优先发展，培养造就大批德才兼备高

素质人才。首先,构建“大思政”的人才培养体系。涉农高校结合乡村振兴战略,将“大国三农”领域的亮点挖掘提炼成思政教育元素,有机融入到涉农人才培养方案中,制定涉农课程思政建设标准,将乡村振兴、社会服务和耕读教育纳入涉农专业人才培养全过程,完善“知识传播、技能培养和‘三农’价值塑造”三维一体的综合评价标准,形成“大思政”的人才培养体系。其次,培养涉农学子“大国三农”情怀。围绕中华五千年农耕文明、农业科技史、乡土优秀传统文化传承等方面,深挖凝练涉农专业课程所蕴含的思政教育元素。再次,厚植涉农职业素养。依据专业特征,结合区域经济、文化和产业等要素,组织学生走进乡村开展社会实践活动,调查了解农村,将专业学习与乡村振兴战略相结合,搭建理论和实践的纽带^[6]。

3.2 优化专业结构,布局交叉融合新农科

专业结构是涉农高校教育发展的立根之基和存续之源。党的二十大报告提出要以立德树人为根本,加强和促进新兴和交叉专业建设,着力打造高质量教育体系。这为涉农高校教育打破传统涉农类专业所特有的农学属性和学科鸿沟壁垒,建设一批适应当地产业经济发展需要的新兴交叉涉农专业提供了依据。一是面向中国式农业现代化布局新专业。瞄准现代农业新业态、新技术、新产业和乡村振兴战略,着眼乡村产业发展需求,服务山水林田一体化治理和“一二三”产融合多功能农业的新要求,积极布局人工智能、生物医学康养、绿色低碳、文化遗产等“涉农+”新兴专业,创新培养乡村振兴急需的技术技能型复合人才,为实现农业现代化提供人才支撑。二是人才培养要对接当地乡村和行业、产业发展需求,以培养扎根乡村、服务“三农”为导向,精准定位,制定专业发展规划,优化布局涉农专业结构,“链”出农业新业态,促进区域经济高质量发展。三是积极发展新农科。涉农高校要主动将农、理、工、医、文、经等知识和技能有机融入到课程资源和人才培养方案中,形成多学科知识融合、多技能交叉耦合、多领域相互渗透的新农科。

3.3 重塑乡村振兴高素质复合型人才培育新模式,提升乡村振兴人才培养质量

涉农高校面对乡村振兴背景下人才培养的新视野、新方向和新诉求,要更新人才教育培养理念,深

化产教融合,实施多主体育人加强“三教”改革等举措,以提升乡村振兴人才培养质量。

1) 树立人才教育培养新理念。当前,涉农高校教育没有很好对接区域农业经济新形态、新产业、新技术,缺乏与涉农产业链、价值链的耦合,主要原因是人才教育培养理念相对滞后,表现在教育理念与乡村振兴人才需求不相适应。以学生为中心、耕读教育、因材施教和产教融合等理念还没有完全融入教育教学全过程,多专业渗透、“岗课赛证”融合等理念还需强化,还未真正实施“依农时教学”“农学交替”“师徒制”教学模式。新时代农科要以国家重大战略和区域地方经济发展为重要使命,积极面向新农业、新乡村、新农民和新生态引领农业发展,树立教育教学新理念,创新人才培养新模式,构建人才培养新体系,培养适应乡村振兴需要的创新型、复合型人才。

2) 深化产教融合,实施多主体育人培养改革。涉农高职职业教育的“单向育人”培养模式难以对接地方主导特色产业。因此,涉农职业教育要以农业供给侧结构调整为导向,积极推进“学校、政府、科研院所、行业、地方和企业”多主体协同融合育人模式,以“资源互补、文化融合、产学研结合”为依托,共建涉农专业实习实训基地、科技孵化园、创新创业中心等,构建“基础知识传输+岗位技术能力培养+复合职业素养养成+价值塑造”的人才培养路径,探索“真实岗”教学内容与理实一体、“多循环”涉农交替与能力“螺旋”递进培养方式,实现涉农高职教育培养乡村振兴人才供需有效耦合,为涉农专业整合改造升级和科学研究提供空间,进而破除高职院校培养乡村振兴人才瓶颈。

3) 深化“三教”改革。一是深化教师队伍改革。教师是教育的首要资源,是教育内涵式发展和人才培养提质培优最关键要素。培养的涉农教师不仅要具备高尚的师德、扎实的农业理论知识、精湛的专业实践动手技能,还要提升教师的信息素养。利用信息化技术,熟练开展混合式教学,利用大数据掌握学生学习动态,评价学生学习行为,研判学生综合素养。教师要养成深度学习习惯,持续更新业务知识和技能,提升教育教学水平。二是深化教法改革。抛弃老师“一言堂”的教学形式,实行启发式教学法、陪伴式教学法、小组讨论法、翻转课堂法、活动教学法等,提高学生学习的参与度,调动学生的主动性;实施线上

线下相结合的混合式教学,拓展学生学习和师生互动的时空。三是深化教材改革,加强课程教材建设。涉农教材建设内容要契合现代农业行业产业发展趋势,既要注重农业行业产业发展的新知识、新技术、新工艺和新方法等“技”方面知识,也要注重思政育人、专业育人等“德”方面内容。要突出特色如开发形式活泼、内容丰富的活页式、工作手册式、“纸质+信息化资源”立体化等教材,以满足师生不同时空使用教材资源。

4 结束语

乡村振兴人才培养是涉农高校和涉农专业的重要职责,乡村振兴急需大批高素质创新型、技术型、技能型、复合型人才。坚持问题导向、目标导向、效果导向,只有坚持导向构建“大思政”育人格局、优化专业结构、重塑乡村振兴高素质复合型人才培养模式,才能培养出适应乡村振兴战略发展需求的人才。

参考文献:

- [1]习近平.习近平给全国涉农高校书记校长和专家代表回信[J].中国农业教育,2019,20(04):43.
- [2]中国职业教育质量年度报告项目组.我国职业教育发展的成绩、挑战与对策——《2020 中国职业教育质量年度报告》综述[J].中国职业技术教育,2021(15):5-12.
- [3]王佩.农村职业院校服务乡村振兴战略研究[J].菏泽学院学报,2020,42(03):67-71.
- [4]田福忠,李建奇,王宜磊,等.产业学院建设的探索与实践研究——以山东大健康产业学院为例[J].菏泽学院学报,2022,44(05):139-142.
- [5]山东省教育厅(省委教育工委).山东普通高等学校名单[EB/OL].(2022-12-06)[2023-04-01].http://edu.shandong.gov.cn/art/2022/12/6/art_11996_10307462.html.
- [6]中共中央办公厅、国务院办公厅.中办、国办印发《关于加快推进乡村人才振兴的意见》[EB/OL].(2021-02-26)[2023-04-30].<https://www.163.com/dy/article/G3OBD59705199FC8.html>.

An Exploration on the Optimization Path of Rural Vitalization Talents Training in Agriculture-related Vocational Colleges

XU Xin¹, PENG Chang-an², ZHANG Qi³, WANG Guang-feng⁴

(1. School of City Construction, Lu'an Vocational and Technical College, Lu'an Anhui 237158, China;

2. School of Food and Biological Engineering, Wuhu Institute of Technology, Wuhu Anhui 241003, China;

3. School of Pharmacy, Heze University, Heze Shandong 274015, China;

4. Cooperation and Development Department, Heze University, Heze Shandong 274015, China)

Abstract: The optimization of the rural revitalization talent training path is the primary task for agricultural vocational colleges. The cultivation of high-quality, innovative, technical, and skilled talents required for rural revitalization is the eternal theme and mission of these institutions. Such talents play a key role in addressing the shortage of rural talents and promoting rural revitalization. Currently, some agricultural vocational colleges are still facing challenges in the training of rural revitalization talents, including issues related to the education about “agriculture, rural areas, and farmers,” the layout of majors, and the supply of talents. These institutions need to establish an “ideological and political” education framework, optimize major layouts, and reshape the training mode for high-quality technical and skilled talents for rural revitalization. This is essential to overcome the bottlenecks in rural revitalization talent training and provides a reference for the cultivation path of rural revitalization talents in agricultural vocational education.

Key words: higher vocational colleges; talent training; rural revitalization; optimization path

(责任编辑:徐慧)

以技能提升为核心的“一课一地、能劳耦合” 劳动教育改革研究

方宇鹏,戴启培,徐洪武

(池州职业技术学院 建筑与园林系,安徽 池州 247000)

摘要:劳动教育是实现立德树人根本任务的重要组成部分,推进劳动育人是高校思想政治教育工作的重要内容。为深入贯彻落实高校劳动教育,发挥专业劳动教育在立德树人过程中的主体地位,针对高职院校劳动教育存在的问题提出若干原则,并结合高职农林类专业实际情况,探讨以技能提升为核心的劳动教育模式改革与实践。聚焦专业劳动教育的开展,系统介绍“一课一地、能劳耦合”劳动教育教学模式及实践效果,以期从实践中不断总结经验,为培养高职院校学生热爱劳动、崇尚劳动提供实践参考价值和启发。

关键词:技能;一课一地;能劳耦合;劳动教育;实践

中图分类号: G711;G712 **文献标识码:** A **文章编号:** 1008-2638(2023)09-0168-05

DOI:10.13971/j.cnki.cn23-1435/c.2023.09.013

Reform and Practice of Labor Education Mode of “One Lesson, One Place, Ability and Labor Coupling” based on the Concept of Skill Improvement

FANG Yu-peng, DAI Qi-pei, XU Hong-wu

(Department of Architecture and Landscape Architecture, Chizhou Vocational and Technical College, Chizhou Anhui 247000, China)

Abstract: Labor education is an important part of the fundamental task of building morality and cultivating people. Promoting labor education is an important content of Ideological and political education in Colleges and universities. In order to thoroughly implement the labor education in Colleges and universities and give full play to the main position of professional labor education in the process of building morality and cultivating people, this paper analyzes the current situation of labor education in higher vocational colleges, puts forward the theoretical path for the problems existing in labor education in higher vocational colleges, and discusses the reform and practice of labor education mode based on the concept of improving the skills in combination with the actual situation of agriculture and forestry majors in higher vocational colleges. Focusing on the development of professional labor education, this paper systematically introduces the teaching mode and practical effect of "one lesson, one place, ability and labor coupling" labor education, in order to continuously summarize experience from practice and provide practical reference value and inspiration for cultivating students in Higher Vocational Colleges to love and advocate labor.

Key words: skills; One Lesson One Place; ability and labor coupling; labor education; practice

劳动教育是提升新时代大学生综合素质、强化新时代大学生综合能力、培养社会主义建设者与接班人的重要环节。^[1]习近平总书记在全国教育大会上强调,要在学生中弘扬劳动精神,教育引导学

生全面发展,从而构建更符合学生发展的人才培养体系。^[2]《关于职业院校专业人才培养方案制订与实施工作的指导意见》中指出,要结合专业实习、实训深化高职院校大学生劳

收稿日期:2023-03-22

作者简介:方宇鹏(1987-),女,副教授,硕士。主要从事园林专业教学改革研究。戴启培(1970-),男,教授,硕士。主要从事高职教学改革研究。徐洪武(1990-),男,讲师,硕士。主要从事园林专业教学改革研究。

基金项目:安徽省高校教学研究重点项目:基于分岗强能模式下园林专业群劳动教育课程改革与实践(2020jyxm1301);安徽省高水平专业群(高职)-池州职业技术学院园林技术专业群(2020zyq56);安徽省高校优秀青年人才支持计划一般资助项目(gxyqZD2019224)

动教育。《关于全面加强新时代大中小学劳动教育的意见》中明确提出,学校要不断优化课程设置,将劳动教育课程列入职业院校人才培养方案,构建有针对性、开放性和实践性的综合劳动教育课程体系。^[3]作为高职院校,教育教学的主要目标是培养具备实操技能、管理能力和一线服务的综合型高技能人才,也是培养社会主义劳动者与建设者的主要阵地。^[4]大学生劳动教育是实现大学生德智体美劳全面发展的必由之路,是提升大学生综合素质与实践能力的必要环节,也是高职院校实现立德树人这一目标的重要途径,加强高职院校劳动教育具有极其重要的现实意义。因此,高职院校在培养技术技能型人才的过程中,应结合专业课程教学与实践,将劳动教育元素融入专业课程教学体系,传授正确劳动思想。

“一课一地、能劳耦合”劳动教育教学模式核心内涵为:“一课”即通过一节课,融入劳动育人思政元素,打造专业劳动课程特色,以课内项目为抓手,推进劳动教育课程改革,树立学生劳动意识和工匠精神;“一地”即通过一块地,搭建劳动教育实践平台,以责任地生产及社会服务为抓手,提高学生职业技能,培养学生全面发展。通过全面的实施劳动教育,引导和塑造学生的劳动意识与劳动精神,最终激发劳动意识与劳动精神的内生动力形成劳动能力,真正实现“劳动光荣、技能宝贵、创造伟大”的教育目标,促进学生德智体美劳全面发展。

一、高职院校劳动教育存在的问题

教育与生产劳动结合是马克思主义教育思想的核心内容。随着经济社会发展与教育体制改革,劳动教育的内涵不断拓展,其涵盖范围涉及人才培养的各方面,但从当前高职院校劳动教育实际开展情况来看,仍存在价值矮化、机制虚化、内容窄化等问题制约高职院校劳动教育高质量发展。

(一) 高职院校劳动教育的价值矮化

不同时期劳动教育理论研究具有显著的外生性,政府政策或者重要讲话是劳动教育开展的重要推动力。从高职院校劳动教育实践来看,学校弱化、家庭软化、社会淡化是当前高职院校劳动教育开展的典型特征。随着劳动教育内涵拓展、范围外延,部分高职院校劳动教育形式逐渐多样化,如社会实践、专业实习、志愿活动等多种途径,学生完成一定数量的劳动教育内容即可获得相应的实习实践学分,但劳动教育质量难以得到有效保证,劳动教育实践过程脱离了培养学生的本质,学生在劳动的过程中以获得学分作为出发点。高职院校需要合理平衡劳动教育手段与教育工具有效性。因此,劳动是物质财富与精神财富的创造源头,劳动效果对个体发展与情感愉悦具有显著的促进作用,物质生存劳动是个体发展过程中异化劳动的典型表现,所以高职院校劳动教育发展必须突破价值矮化的问题,需要正确处理全面提升人才培养质量的价值危机。

(二) 高职院校劳动教育的机制虚化

《关于全面加强新时代大中小学劳动教育的意见》提出后,高校均从不同方向、不同层面开展劳动教育工作,但劳动教育体制机制有待完善,缺乏合理有效的劳动教育制度,涉及具体规划、经费预算、效果评价与激励考核制度,高职院校

劳动教育工作更多停留在理论学习、行动落实不到位的层面。从高职院校劳动教育开展现状来看,系统组织、长期计划与操作落实缺乏是制约其劳动教育效果提升的重要问题。虽然部分高职院校将劳动教育与社会实践、专业实习与志愿服务等教学活动结合,并赋予其一定数量的学分学时,拟通过规范化的课程教学实现劳动教育育人效果,但劳动教育实际开展过程仍存在娱乐化、形式化、无序化等现象,难以有效发挥劳动教育全面提升人才培养质量的育人作用。所以,高职院校必须解决好劳动教育机制虚化的问题,结合学校谋划、产业定位、区域适配、企业随动等因素合理制定劳动教育顶层设计,通过机制体制设计有效保证劳动教育育人效果提升。

(三) 高职院校劳动教育的内容窄化

劳动是个体获得物质基础的重要来源,也是“个体存在方式”的终极旨趣,其对学生个体综合发展十分重要,所以高校必须充分发挥好劳动教育的育人育才作用。高职院校的办学目标是培养技能型人才,技能培养与劳动教育结合面广、结合形式多、结合效用强,但部分高职院校受限于教学场地、师资队伍与教育经费等硬件资源等问题,劳动教育广度与深度有待拓展深化,劳动教育质量需要在实践循环中获得提升。就高职院校劳动教育参与主体范围而言,大多数高职院校社会实践活动、志愿服务活动均以“点面结合”组队形式为主,将参与主体划分为重点团队与普通团队。重点团队学生综合素质较高,学校在物质资源、师资队伍等方面提供充分保障,劳动教育成果产出具有丰富性、特色突出;而普通团队以自愿组队或个人形式返乡就近开展社会实践活动与志愿服务活动,难以保证实践活动的育人效果,甚至偏离劳动教育与实践协同育人的本质要求,造成学生对劳动教育内容理解与意义认识不足。劳动教育不等于社会实践活动与志愿服务活动等,实践活动或志愿服务是高职院校开展劳动教育的载体与呈现方式,所以高职院校需要有效挖掘各项教育教学活动的劳动教育元素,有效解决高职院校劳动教育内容窄化等问题,将劳动教育融入高职院校人才培养全过程,避免劳动教育出现狭隘化与等同化的现象。

二、高职院校劳动教育实现的原则

“五育并举”是人才培养的根本目标,劳动育人是提升人才培养质量的重要环节,也是高职类学校落实“立德树人”这一根本任务的主要抓手。创新教育理念、把握教育内涵是高职类学校实施劳动教育的首要任务,其需要通过构建教育平台、完善顶层设计、规划教育内容、计划教育安排保证高职院校劳动教育活动开展与育人目标实现,以劳动教育推动个体全面发展。

(一) 劳动教育纳入人才培养体系

习近平提出,要“努力构建德智体美劳全面培养的教育体系,形成更高水平的人才培养体系”,所以劳动教育已成为高校教育体系的核心内容,将劳动教育纳入人才培养体系是高职院校教育教学改革与提升人才培养质量的首要任务。人才培养方案是培养体系的重要组成部分,所以高职院校必须以劳动教育作为价值引领,结合不同专业培养要求改革人才培养方案。第一,必须明确劳动教育在人才培养目标中的

重要地位,并将劳动教育效果在不同专业的人才培养规格中予以体现;第二,构建系统完善的劳动教育课程体系,并按照课程内容配比一定数量的课时学分,体现劳动教育课程的知识、能力与素质要求;第三,结合地域特色、办学目标与专业集群,深入挖掘劳动教育元素,并将其融入劳动教育通识课程,通过理论教学与实践教学相结合的方式开展劳动教育教学与考核评价。因此,劳动教育纳入人才培养体系是矫正高职院校劳动教育价值矮化的有效途径之一,也是推动劳动教育实质化、效用化的基本抓手。

(二) 劳动教育融进专业课程教学

通识课程是实施劳动教育的主渠道,但高职院校劳动教育更应注重与专业课程同向同行、协同发展。高职院校是培养技能型人才的主阵地,其人才培养计划中包含丰富的专业实践课程,所以必须发挥好专业实践课程或者理论课程实践教学环节的劳动教育载体作用,通过专业课程教学实现劳动教育育人作用。同时,深度挖掘专业课程蕴含的劳动教育元素是劳动教育融进专业课程教学的有效结合点,专业课教师实施专业教学的同时注重培养学生的劳动意识、劳动精神与劳动习惯,真正做到专业技能教育与劳动教育协同发展。如在实验环节引导学生进行准备材料、实践操作、成果总结、废料处理、场地清理等程序,不仅可以向学生传授专业知识与实践技能,还可以通过劳动引导实现劳动教育的育人育才作用。

(三) 劳动教育对接创新创业教育

劳动的本质是创造性实践活动,其是创新精神、创业意识的集中体现,所以劳动教育与创新创业教育形式不同但目标一致。就高校劳动教育本质而言,“劳动”应以现代劳动为主、体力劳动为辅,即身体劳动是劳动教育的一部分,但劳动教育更多强调的是综合运用专业知识的创新劳动,其中创新劳动是能够实现知识创新、技术创新与制度创新的劳动,所以创新创业教育也成为劳动教育的重点内容。因此,高职院校必须及时改革劳动教育理念与教学形式,以创新创业教育引领劳动教育,凸显劳动教育对创新精神、创业意识培养的重要性。同时,创新创业教育不等于创新创业层面的理论教育与实践活动,更应注重创新创业教育对劳动意识、劳动精神与劳动习惯的提升作用,如以创新创业意识培养与劳动教育为导向,结合学科竞赛与创新创业训练计划项目同步开展劳动教育,深入推荐劳动教育对接创新创业教育。

三、“一课一地、能劳耦合”劳动教育实践

高职院校坚持“五育”协调发展的教育方针,必须突显劳动教育对人才培养质量的重要影响。聚焦立德树人根本任务,探究劳动教育的价值取向及其实现机理是现阶段高职院校开展劳动教育的主要任务。基于高职院校劳动教育现状与理论路径,池州职业技术学院结合农林类专业技能提升理念创新开展“一课一地、能劳耦合”劳动教育教学模式,具体实践过程如下:

(一) 构建“一节课+思政”劳动教育课程体系

高职教育的特色在于培养学生的职业技能,为进一步推进劳动教育和专业教育的结合,将劳动精神、劳模精神、工匠精神、艰苦奋斗等精神的教育纳入专业课程体系,高职院校

应围绕专业人才培养目标,合理设置劳动课程的教学内容,将劳动教育真正作为专业人才培养体系的重要环节纳入人才培养方案,并分配专门的学时学分及考核评价方案。在前四学期每周安排一节课,课程内容根据学生的层次、专业课学习情况及岗位需要进行设置,形成园林生产由易到繁、由单一到综合,最终形成模拟企业运营模式的生产劳动梯度结构(见图1)。确保四学期课程内容相互呼应、相互融合,课程内容符合学生成长认知规律,兼顾对学生劳动认知、劳动情感、劳动技能等方面的培养。在具体课堂教学中,将马克思主义劳动观等课程思政元素与劳动教育融合,通过思政育人模式对制度性安排进行细化,包括每学期劳动教育的教学内容、活动组织、劳动工具的合理使用和安全意识等。通过四学期长学制的劳动教育培养模式及各学期不同的劳动教育侧重点,实现课程目标和内容衔接的逻辑性、完整性与进阶型,培养学生树立正确的劳动观念。

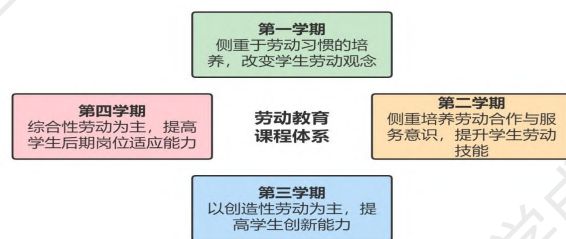


图1 专业劳动教育课程内容

(二) 构建“一块地+技能”的劳动教育实践体系

为培养农林类专业学生成为社会需求的技能型人才,根据专业特点,积极整合校内资源,利用校园及植物园资源,将农林类专业劳动教育与实习、实训、社会实践和创新创业等有机融合,不断提升学生专业技能。通过采取“分地到班、自主经营”的教学模式,各班级认领一块责任地,学生结合个人的优势及行业发展的需求,进行责任地的种植与养护管理,为校园绿化增添色彩,将劳动教育与校园文化建设充分融合,培养学生责任感与获得感。如学生结合园林规划、园林工程施工等课程进行责任地的整体规划,体验园林设计师职业,并按照规划图纸进行小范围改造施工,真实模拟实际工作过程,在提升专业技能的同时获取职业成就感,体验劳动成果来之不易,引导学生主动参与劳动、尊重劳动,构建劳动实践育人格局。

(三) 拓展“专业+社会服务”的校外实践基地

为拓展学生的社会服务能力及爱农情怀,积极探索劳动教育创新模式,推进劳动教育走深走实,将劳动教育与社会实践有机结合,引导学生利用专业技能积极参与社会服务。与学校周边乡村联动,共建农村生产实践性基地,组织学生利用业余时间学进乡村,开展专业劳动,如园林植物养护等,通过创造性劳动助力乡村振兴。

(四) 融入“企业工匠+全国劳模”的多元师资队伍

加强劳动教育,首先要有一支热爱劳动、崇尚劳动的多元化师资队伍。高职院校劳动教育师资队伍建设中,以专业教师作为主体,同时引进企业工匠、全国劳模等社会精英作为兼职教师,将劳动教育的理念带入课堂,传播劳动故事,能引导学生认识到劳动的价值。通过聘请企业工匠及全国劳

模等作为劳动教育的传授者,讲授劳模故事、工匠精神等,构建全员参与、“企业工匠+全国劳模”兼职的多元化师资队伍^{[7]42-43},有效发挥劳动教育的合力,使学生崇尚劳动。

(五) 构建“全面+多元”的劳动教育评价制度

评价是实施劳动教育的指挥棒,科学考核评价是反映劳动教育教学质量与育人效果的坚实保障。为充分发挥学生潜能,尊重学生个性化发展和主体地位,需构建“全面+多元”的劳动教育评价制度(见图2)。全面主要体现在:评价内容、评价过程和评价角度。评价内容包括:学生专业劳动

结果、劳动技能的掌握情况、劳动过程中的态度与习惯、合作意识、探究创新能力及工匠精神等多方面内容的综合评价;评价过程包括:劳动前的准备工作评价、劳动过程的综合评价、劳动后的总结等情况评价;评价角度包括:激励和褒扬角度的评价、鞭策和约束角度的评价等。多元主要体现在:评价主体和评价方式。评价主体主要有:学生的自我评价、学生间互相评价、教师客观评价和家长对子女表现的评价;评价方式包括:展示式评价、销售式评价和竞赛式评价等。具体评价指标包括横向指标和纵向指标(见表1)。

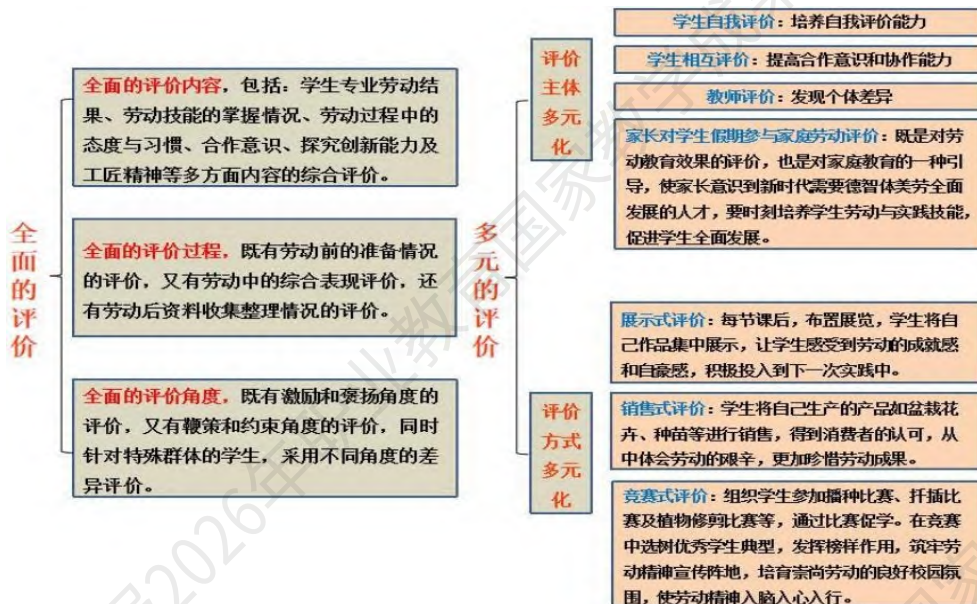


图2 专业劳动教育课程评价方案

表1 劳动教育课程评价指标

评价指标	一级指标	二级指标	三级指标(评价要点)
横向指标	劳动认知	劳动观念	1. 感受到劳动的快乐、尊重劳动并崇尚劳动;2. 认为劳动是积极的学习方式,通过劳动提升责任感。
		劳动知识	1. 以积极心态参与生产劳动;2. 懂得劳动光荣、劳动伟大的道理。
	劳动情感	劳动态度	1. 对于劳动感受更为深刻;2. 认识不劳而获的错误观念。
		劳动兴趣	1. 积极参与生产劳动、家庭劳动、社会服务劳动等;2. 对劳动产生热情
	劳动习惯	劳动意识	1. 认识劳动是大学生需要具备的素养;2. 能够将生产劳动与就业结合在一起。
		劳动行为	1. 能够主动参与班级一块地的生产;2. 有合作劳动的意识。
	劳动能力	生产技能	1. 有一定的专业生产技能;2. 能在生产中解决问题。
		生产创造	1. 能为劳动基地贡献力量,有社会服务意识;2. 生产劳动中有创新思维。
	劳动精神	吃苦耐劳	1. 有吃苦耐劳的工匠精神精神;2. 工匠精神应用于专业学习中。
		劳动价值	1. 正确认识劳动的价值;2. 乐于奉献,助力乡村振兴。

纵向指标	学生自我评价	自我认识	劳动态度、劳动技能等方面
		自我反省	生产劳动中的收获和不足
	学生相互评价	劳动结果	合作意识、劳动结果等方面
		劳动前	生产劳动前准备情况
	教师评价	学生劳动过程	专业劳动结果(通过展示、销售、竞赛等方式评比)
			专业劳动技能掌握情况
		劳动后	劳动过程中的态度、习惯、合作意识、创新、工匠精神等
			资料的整理收集
	家长评价	家长反馈	通过第三方角度给与学生生活劳动认识、态度等评价

综上所述,高职院校是培养大学生专业技能、综合素质和社会适应能力的主阵地。将专业人才技能培养与劳动教育结合,可以有效提高高职院校技术技能型人才培养质量。随着“美好乡村建设”及“乡村振兴”等国家战略实施,农林类高素质技术技能型人才市场缺口较大,高职院校在培养农

林类专业人才时需要高度重视劳动教育,提高学生对专业学习的积极性,激发学生的专业劳动潜能,让学生形成正确的劳动观,为更好地适应后期就业打下良好的基础,同时为培养一批懂农爱农、崇尚劳动的学生奠定理论思想和专业基础。

参考文献:

- [1]梅纪萍.职业院校劳动教育内涵特质与实践路径研究[J].中国职业教育,2020(23):30-33+40.
- [2]冯长征.加强职业学校劳动教育的实践研究[J].教育,2020(02):46-47.
- [3]中共中央国务院关于全面加强新时代大中小学劳动教育的意见[M].北京:人民出版社,2020.
- [4]高孙伊娃.新时代大学生劳动观状况及引导策略研究[D].哈尔滨:哈尔滨师范大学,2020.
- [5]林夕宝,余景波,宋燕.高职院校发挥劳动教育育人效能研究[J].山东工会论坛,2020(04):28-37.
- [6]严家凤.发挥劳动教育在立德树人中的重要作用[N].安徽日报,2020-03-17(006).
- [7]武彩红,谭菊,邱树磊,陆辉,朱道仙.新时代涉农高职院校劳动教育的内涵与实践路径[J].中国畜禽种业,2021(12).

(责任编辑 董翔薇)

(上接第167页)践课程知识库,让学生借助公众号,订阅号,实时了解,在线学习^[8]。除此之外,各大高校之间也可借助慕课、主题论坛,完成教育资源的共享和优秀视频展播活动,使学生能够在交互式平台中获取更加丰富的学习资源。

第三,重视思政课程实践教学评价的科学化发展。要想让实践教学建设达到内涵式发展,应用型本科高校管理者应当合理制定考评体系。通常情况下,考评主体为学生的实践活动成绩以及教师实践教学效果。对于学生的评价可由思政教师直接负责,对于教师的考评,可由学校教务处和思想政治理论课所在的部门负责考评。形式应当借助多元化,立体化评价机制,重视评价结果的反馈。^[9]首先,评价指标全面化。教师不仅要重视学生在实践活动中的参与情况以及理论知识的应用,同时,也要本着客观、公平、真实的原则,对学生的思想动态,知识水平做出更全面的评价,保证评价结果的有效性。其次,评价方式多元化。教师可本着定性定量的

原则,着重对学生的实践能力进行评价,既对学生的显性能力进行评价,同时也要关注学生的隐性能力发展。再次,评价主体多元化。教师不仅要让学生自评,而且还要开展生生互评的活动,必要的时候让企业相关人员或学校管理者,同行专家共同制定评价体系,这样能够让学生从多个角度了解自己学习的不足之处。最后,评价反馈动态化。各种评价结果要实时反馈,便于师生共同总结和反思,为后续实践课程的动态调整提供更多参考。

综上所述,应用型本科高校思政课实践教学建设对于思政教学内涵式发展,培养高层次应用型人才有着重要的意义。学校管理者,教师,社会相关人员,地方政府应当形成教育合力,从认知理念、顶层设计,运行机制,资源投入等多个角度为思政课实践教学的建设提供更多支持。只有不断优化实施环境,立足理论基础,才能真正推进思政课实践教学的可持续发展。

参考文献:

- [1]翟会盘.影响应用型本科高校思政课实效性的教师因素[J].中学政治教学参考,2021(36):81-84.
- [2]何益忠,周嘉楠.思政课实践教学:概念辨析与体系创新[J].中国高等教育,2020(06):17-18+53.
- [3]顾以传,刘银华.论新时代高校思政课实践教学模式创新[J].学校党建与思想教育,2020(24):57-58.
- [4]周宇宏.关于思政课实践教学有效性的探讨[J].江苏高教,2010(04):68-69.
- [5]杨增崇,赵月.善用“大思政课”:深刻内涵、时代价值与建设理路[J].学校党建与思想教育,2022(05):19-23.
- [6]冯刚,陈梦霖.高校思政课实践教学的内涵、价值及其实现[J].学校党建与思想教育,2021(18):4-9.
- [7]郑崇玲.新中国成立以来党领导高校思政课建设的历史考察[J].中国高校社会科学,2020(03):19-28+157.
- [8]魏鹏程.短视频泛娱乐化对高校思政教育的挑战及应对策略[J].传媒,2023(07):81-83.
- [9]宿月荣.高校思政课实践教学:全员化、具象化、全程化[J].教育理论与实践,2017(18):57-59.

(责任编辑 吴明东)

以职教集团为引领探索中高职衔接服务地方经济发展新途径 ——以安徽大别山职教集团建设发展为例

汪玉奎

(六安职业技术学院 校企合作办公室, 安徽 六安 237158)

摘要:高职院校肩负着服务地方经济发展的重要职责。由于一定区域内职业院校门类较多,学校之间衔接与协助松散,因而在人才、技术、资源等方面不能形成合力优势共同为地方经济发展服务。因此,探索以职教集团为引领,开展中高职衔接服务地方经济发展道路是新时代优化职教资源、发展职业教育、服务地方经济的有效途径。安徽大别山职教集团就是基于这样的目标,经安徽省教育厅批准成立的,集团以六安职业技术学院为理事长单位,组织区域内职业院校30余家,在六安市政府领导下,区域内的校企合作、社会经济服务工作成效显著。

关键词:职教集团;校企合作;中高职衔接;安徽大别山职教集团

中图分类号: G719.2

文献标识码: A

文章编号: 1008-9640(2018)03-0148-02

党的十九大报告中指出:“完善职业教育和培训体系,深化产教融合、校企合作。”这为职业院校指明了办学方向,也对职业院校校企合作与服务地方经济发展工作提出了更高要求。安徽大别山职教集团正是基于这一目标创建与发展起来的。安徽大别山职教集团于2013年7月经安徽省教育厅批准成立,集团以六安职业技术学院为理事长单位,在安徽大别山区域内,联合30多家中高职院校及部分知名企业组成职教集团。在六安市政府领导下,坚持“共建共享,合作双赢”的准则,开展了招生就业、校企合作、校校合作、师资培训、教科研、信息资源建设、职业技能竞赛、职业技能鉴定、实习实训基地建设、社会服务等职教集团工作,有力促进了区域内职业教育的快速发展,为地方经济发展提供了人才与技术支撑。

一、以项目为引领,注重中高职衔接,强化集团自身建设

集团成立以来,按照各高职与中职院校的师资与专业情况,吸收优秀人才,成立校际间各工作部与专业建设委员会,以年初制定的年度工作项目开展年度工作,使校校合作密切,人才培养质量显著提升,集团实力增强。

(一)大力开展集团内“双师”培训工作,打造“名师工作坊”,提升整体师资水平

集团成立后,积极争取安徽省教育厅“中高职衔接”综合改革项目,推荐了“中高职衔接”向纵深发展,大力开展集团内师资培训,并与中职学校形成合力,互帮互助,使教学资源得到最大优化。集团先后培训

旅游管理、汽车运用技术、园艺、互联网技术、物流、建筑工程等专业教师600余人;建成数控加工技术、旅游服务与管理、机电一体化、电子技术、服装设计与工艺、汽车运用与维修、现代农艺技术等类专业名师工作坊14个,专业名师在集团教师中多次展示教学艺术,有力提高了集团内教师整体教学与实践水平。

(二)广泛开展集团内技能大赛活动,注重人才动手能力培养,提高人才培养质量

举办集团内技能大赛活动,以赛事为推手,加强中高职院校联络,促进中高职有效衔接,提升各职业院校人才培养质量。大别山职教集团以项目为引领,以举办技能大赛为重要活动,加强集团内各职业院校的交流与合作,互学互助,每年度举办技能型、实用性、技术性大赛十余个,并吸引企业参加,在不同院校设立赛区,参赛教师与学生在不同院校体验了先进的教学设备,既提高了技能水平,又促进了各院校间的广泛交流。

(三)开展集团内各工作部与专业委员会活动,提升集团整体工作水平

集团内设立了招生就业、校企合作、校校合作、师资培训、教科研、信息资源建设、职业技能竞赛、职业技能鉴定、实习实训基地建设、社会服务等十个工作部,以及机械、财经商贸、土木水利、电子技术、旅游服务、医疗卫生、公共管理与服务、服装、信息技术、文化艺术、教育、农林牧渔等十二个专业建设委员会,集团明确要求各工作部和专业委员会年度内必须积极开展各部门工作,并在年度内总结表彰。各工作部和专业委员会专项工作的开展离不开

收稿日期:2018-03-08

作者简介:汪玉奎(1968—),男,安徽淮南人,六安职业技术学院校企合作办公室主任。研究方向:高职院校校企合作及服务工业经济发展。

地方政府的支持和行业、企业的广泛合作,通过工作部和专业建设委员会的活动开展,加强院校间的横向联系,为服务地方经济发展打下良好基础。

(四) 统筹区域内职业教育资源

实现集团内信息资源、教学资源共享是职教集团建设的目标之一。集团内,六安职业技术学院、六安技师学院、国家级的金寨职业学校等实训条件较好,积极为其他院校提供实习实训基地,以达到教学资源利用最大化。高职院校为中职院校开办中高衔接班,开办“五年一贯制”教学,在安徽省高职院校分类招生改革工作中,促进了中高职有效衔接,保证了集团内中高职院校的可持续发展。

二、面向区域内经济发展的支柱产业,开展校企合作工作

(一) 做好校企对接基础工作,持续做好合作企业资源库建设

第一,开展职教集团内各中高职学校校企合作工作情况经济开发区企业调研,广泛了解企业需求,学校与企业之间交流校企合作的成功工作模式,集团对主要合作企业、典型的合作案例进行重点推广。第二,对照检查已有合作企业合作情况,深化合作内容,改善合作方式,建立大别山职教集团企业资源库,积极对外加强联络,寻求新的合作对象。第三,改善合作模式,满足各职业院校在专业建设、人才培养方案论证、教学实习实训等教学工作的需要,同时在六安经济开发区内广泛联系物流、商贸、电子商务、服装、生态农业、汽车营销、机械制造等多门类行业企业,加强合作交流。第四,聘请企业专家开展专业建设委员会、校外专业带头人建设工作,邀请企业专家、领导开展专业校企人才培养座谈、人才培养方案论证、企业文化讲座,同时在企业开展“职业岗位能力体验中心”基地建设。

(二) 注重合作内涵建设,切实实施产教融合

按照职教集团教学改革需要,线下教学需要学生进入企业生产岗位完成实习实训教学任务,实施产教融合。因此,在六安星锐齿轮、六安中财管道、迎驾酒业、艾莱依服饰、六安和昌汽车销售、六安利凌建筑材料、同济生生物科技等有限公司,开展了电子商务、旅游管理、信息技术、建筑施工技术、服装设计、电气自动化、汽车营销等专业的实践教学。

(三) 开展集团内教师进企业工作锻炼活动,提升职业院校教师的实践教学能力

为提升教师的业务能力,集团有计划地组织教师进企业工作锻炼活动,即利用假期选派教师进重点企业挂职锻炼。通过教师与地方企业、行业的广泛对接交流,教师与企业技术人员开展校企教研项目的申报与研究,提升了职业院校教师的实践教学能力,有效实现了校企“资源共享,合作共赢”。

三、聚焦区域经济发展,为地方经济社会发展服务尽职尽责

(一) 针对区域内的主导产业提供技术咨询与人才保障

围绕六安市重点培育的六安齿轮、六安电机、六安绿色食品、衡山高端装备制造、杭埠电子信息、金寨新能源、霍山/金寨生物健康、叶集家居制造、霍邱铁基新材料九大产业集群,充分利用集团内专业和人才优势,积极与企业对接,满足企业需求,重点支持扶持,打造六安工业的名片。

(二) 开展多类别培训,为社会和企业提供更优质的服务

集团开展了多类别的培训工作:集团借助职业院校教学设备资源,全面开展技术培训、技术测试、技能鉴定等社会服务;利用大别山职教集团优势,完成了新型职业农民培训 400 人次;利用六安职业技术学院网络技术实验平台创建了 ATA 考试中心,为六安市银行系统提供培训及银行业从业资格考试工作;集团每年在六安军分区开展的国防生、军校生、义务兵征兵中完成应征入伍新兵心理测试工作;积极为六安市多家单位提供建设规划设计、建筑工程管理服务,多次为六安市农村村镇建设、乡村公路建设提供工程测量、工程材料鉴定管理及规划服务;在区域内开展的茶艺师、维修电工、汽车维修工、数控车工等职业资格鉴定工作社会成效显著。通过开展形式多样的社会服务工作,提升了职教集团的影响力,赢得了政府的支持、社会和企业的赞誉。

(三) 助力脱贫攻坚,开展科技扶贫

积极承接贫困村帮扶任务,利用涉农专业优势,在六安市罗集乡杨公村建立了药用植物白芨繁育基地,提供种苗与种植技术,推广高产值种植产品,因地制宜,改善了贫困村农业生产结构,建立了贫困村脱贫致富的长效机制。

四、总结与展望

安徽大别山职教集团成立以来,各项工作稳步推进,社会成效显著,这说明职教集团可集中区域内的职教优势,整合职教资源,促进区域职教事业的抱团发展,并推动地方经济社会发展。为使职教集团在区域经济社会发展中发挥更重要作用,需要政府、学校、企业更加密切的交流与协作,形成统一规划与行动,结合区域社会经济发展实际有效开展各项工作,使职教集团更好地服务于地方经济发展。

参考文献

- [1] 王稼伟. 职业教育集团化办学的研究与实践[J]. 江苏教育, 2014, (44): 14-15.
- [2] 张良. 职业教育可持续发展机制研究[J]. 成人教育, 2012, (7): 38-40.

(责任编辑:张红雨)

六安市“农文旅”产业融合发展的现状及对策研究

汪本勤^{1,2}, 王云鹤¹, 王家祥^{1,2}, 杨劲松³, 涂福磊⁴,
傅 恬², 毕 毅², 汪耀武^{2,5}, 崔黎明²

(1. 六安职业技术学院, 安徽 六安 237158; 2. 六安市绿色发展研究会, 安徽 六安 237100;
3. 六安市农业农村局, 安徽 六安 237100; 4. 六安市文化与旅游局, 安徽 六安 237100;
5. 政协六安市委员会, 安徽 六安 237100)

摘 要:在实际调研的基础上, 综述了六安市“农文旅”产业发展的成效, 分析了“农文旅”产业发展中存在的问题, 提出了促进“农文旅”产业融合发展的对策建议, 即强化全市“农文旅”融合发展整体规划; 加大资金投入, 改善基础设施条件和服务水平; 打造特色“农文旅”体验项目, 塑造品牌和亮点; 立足资源禀赋, 塑造多元“农文旅”经济业态; 精心宣传策划, 做好项目的营销推介活动; 引进和培育“农文旅”人才, 构建适用的人才队伍; 建立健全“农文旅”融合发展机制。

关键词:六安市; “农文旅”产业; 融合发展; 对策

中图分类号: F127

文献标识码: A

文章编号: 1009—9735(2022)04—0046—05

“农文旅”产业融合发展, 即“农业+文化+旅游”的产业联动发展, 是以农业产业为基础, 旅游休闲为形态, 风土文化为灵魂, 挖掘农业景观资源、农业生产条件、乡村文化资源等深层价值, 发展乡村旅游的业态和经济模式。党的十九大将乡村振兴、美丽乡村建设作为国家战略, 明确了以振兴农村产业为重点任务的农业农村发展道路。十九大报告指出: 以文促旅, 以旅兴农, 使农业和旅游相得益彰; 以农造景, 以景带旅, 以旅促农, 农旅融合, 实施乡村振兴战略必须走城乡融合发展、乡村绿色发展、乡村文化兴盛、美丽乡村建设之路, 必须走中国特色富农之路。“农文旅”融合是乡村振兴战略背景下产业发展的必然趋势和要求, 是农村经济的重要支撑, 也是城市消费需求的热点所在^[1]。

“农文旅”融合作为一种全新的业态和经济, 将成为乡村振兴的重要支撑。20 世纪 80 年代初期, 随着我国农村改革和乡镇企业异军突起, 农、工、商、旅多元发展, 乡村旅游崭露头角。20 世纪 90 年代初开始, 乡村旅游兴起, 并逐步呈现规模化趋势。2012 年 10 月, 党的十八大提出大力推进生态文明建设, 努力建设美丽中国, 实现中华民族永续发展。从 2016 年开始, 我国进入了“大乡村旅游时代”, 乡村旅游逐步成为大众旅游项目。据相关统计, 2012 年至 2018 年, 全国乡村旅游人次年均由 8 亿人次增加到 30 亿

人次, 乡村旅游进入大众化时代^[2]。各地积极探索形成了“农文旅”融合发展的特色模式, 如天目湖一站式休闲模式、宋城演艺模式、宁波慈城模式、重庆高标准农田模式等。在推进“农文旅”融合发展实践中, 各地切实感受到: 文化的融入可以提升旅游品质、丰富旅游产品的内涵、提升旅游产品的附加值, 更好满足游客的精神需求; 旅游的融入可以促进田园景观、乡土风味及农事活动等资源的优化, 向农业提供服务和商业价值; 农业融入旅游业能够挖掘、保护和传承乡土文化, 改善农村的生态环境, 带动农民就业增收, 实现农村增色、农业增效、生态增优、文化增智, 带动农业结构转型升级。

一、六安市“农”“文”“旅”产业发展概况

六安旅游资源丰富, 自然景观独特, 历史文化悠久, 皋陶文化、楚文化、淮夷文化、红军文化交相辉映。南部山区森林覆盖率达 96.5%, 其负氧离子含量位居全国各大名山前列。拥有天堂寨、白马尖等国家级森林公园及大别山六大水库上游水源涵养林国家

* 收稿日期: 2022—02—10

基金项目: 六安市绿色发展研究会 2021 年重点课题 (lalyh202107)。

作者简介: 汪本勤(1968—), 女, 安徽霍邱人, 硕士, 教授, 研究方向: 植物学, 绿色发展; 通信作者: 王家祥(1963—), 男, 安徽六安人, 硕士, 教授, 研究方向: 绿色发展, 机械制造。

级自然保护区。有108位开国将军,被誉为红军的故乡、将军的摇篮。拥有佛子岭等六大水库及江淮两大流域、灌溉面积1000万亩的特大型淠史杭灌区。全市共有国保单位7处、省保单位59处,司法鼻祖皋陶、三国名将周瑜、宋代画家李公麟等良将英才辈出,人文历史厚重,遗址古迹众多,大别山国家地质公园也备受国内外专家学者关注。

通过“十三五”期间的发展,旅游产业初具规模。全市旅游业“吃、住、行、游、购、娱”六要素全面发展,现代旅游产业体系初步形成。目前全市拥有4A级及以上景区26家,其中5A级景区2家(天堂寨景区、万佛湖景区);国家级全域旅游示范区1个(霍山县),旅游强县4家,省级旅游度假区3处,接待床位约10万多张。年接待游客6000多万人次,实现年旅游总收入500亿元以上。

“十三五”期间,乡村旅游明显带动提升。全市目前拥有省级以上休闲农业示范点16家,共建成乡村旅游点141个,特色民宿22家,旅游扶贫重点村65个,拥有国家乡村旅游创客示范基地1个,省级乡村旅游创客示范基地4个,省级旅游小镇5个,省级优秀旅游乡镇36个,省级乡村旅游示范村68个,拥有各类农家乐1000多家,其中五星级农家乐50家。2020年全市休闲观光农业接待量达到1553.5万人次,年营业收入50.03亿元,常年从事休闲观光职业人数达11万人,从业人员劳动报酬年人均达1.67万元,打造了六安山水文化旅游节、六安茶谷开茶节、国际羽绒文化节、六安市脆桃节、六安市小龙虾文化节等节庆品牌,打造了天堂寨、白马尖、铜锣寨等景区周边地区一批田园风情的农家乐品牌和柳编、泥塑、剪纸、木雕等一批创意农业文化品牌。

二、“农文旅”产业融合发展中存在的问题

凭借优越的自然条件和较为厚重的文化,经过多年发展,六安市“农”“文”“旅”产业得到长足发展,但发展的潜力还没充分发掘,“农文旅”融合发展不足。主要表现在以下方面:

(一)全域性“农文旅”融合发展整体规划不够

“农文旅”融合发展还缺少高层次的规划指引。休闲农业的发展还处在自发状态,主要以农家乐、观光农业、休闲垂钓等小而分散的业态存在。市级规划不到位,某些县区有休闲农业与乡村旅游发展规划,但前瞻性不够,发展定位不高,谋划深度不够,与特色产业、绿色生态、农耕文明、乡风文化等衔接不紧密,可操作性不强,随着时间的推移、发展观念的转变,规

划显得滞后,指导性不强。产业发展用地规划也存在瓶颈,缺乏明确的方向和指引。

(二)资金投入不足,基础设施相对薄弱

市级旅游方面的资金没有专门投向休闲农业产业发展和主体培育的资金。基础设施相对比较薄弱。部分旅游连接线通往旅游地的道路等级不高,旅游舒适性不够;交通集散体系不完善,部分景区及周边区域拥堵不畅;公共服务设施配套滞后,一些景区景点、美丽乡村和特色田园的道路、住宿、餐饮、停车位、卫生设施、驿站、观景台、旅游标识系统等公共配套设施不能满足要求;运用现代科技的能力不足,智慧服务水平、农产品展销、地方文化特色展示等配套功能尚待提升^[3]。

(三)“农文旅”资源融合不深,亮点和品牌不多

六安市霍山石斛、竹海、板栗、名茶、中草药、白鹅、果蔬、鱼虾、稻米等农产品资源丰富,皋陶文化、楚文化、淮夷文化、红军文化、水利文化内涵深厚;淠史杭工程、大别山、淮河岸风景优美,乡风民俗淳朴。但各类资源和景点分散孤立,融合发展不足,“农文旅”精品项目缺乏深度开发设计,亮点和品牌不多。从事乡村休闲旅游企业小而散,经营理念滞后,缺乏实力强、带动力大的龙头企业,农产品品牌不响,特色种植基地、各种观光园区知名度不够,号召力不足。在项目的独特性、持续性方面缺少创新,“农文旅”产品特色不明显,主体虽多,但良莠不齐,处在不平衡的较低水平,未能形成产业化集群效应,缺乏一定的市场竞争力^[3]。

(四)“农文旅”项目推介力度不够,文化氛围不浓

“农文旅”项目包装策划不够,专业的推介宣传和营销不足。针对不同消费群体的“农文旅”项目开发设计不够,市场发掘不够,推介宣传不精准,多媒体推介宣传环节缺乏整体控制,市场回报率不高。营销激励机制还没建立,企业和从业者拓展“农文旅”市场的积极性和主动性不高。“农文旅”文化氛围不浓郁。

(五)从业人员整体素质和水平不高,专业人才缺乏

2020年六安市休闲观光从业人数11万人,大部分是农民,从业人员劳动报酬年人均1.67万元,人均收入偏低。目前乡村旅游从业人员的综合素质仍然相对偏低,大部分没有受过正规的培训,受过高层次教育的管理人才更为奇缺,全市专业的导游队伍只有100人左右。高校培养的旅游专业人才存在“引进、留不住”问题,因此很难充分利用当地资源、文化、

环境和生态等因素进行科学布局与经营,打造高品质的“农文旅”项目。在“农文旅”项目服务体系建设上,如环境整洁、居住洁净、餐饮卫生、安全方便、基本设施保障、接待人员礼仪和素质等方面,缺乏专业人员指导和专业从业者,档次难以提升。

(六)行业指导和市场机制不健全,品味难以提升

一是没有建立专业的“农文旅”研究机构和研发团队,对“农文旅”整体规划、项目策划、乡村旅游营销管理等缺乏深入研究和规律的把控,科学指导欠缺,行业整体品味难以提升。二是市场监管不力,管理标准不到位。体现在管理主体责任不明确,项目建设标准缺乏,企业经营资质管理滞后,餐饮和民宿服务标准执行和监管不到位等,这些都制约了“农文旅”产业品质的提升。

三、对策和建议

(一)强化全市“农文旅”融合发展整体规划

遵循国家《“十四五”旅游业发展规划》和《长江三角洲区域一体化发展规划纲要》,进行“农文旅”空间布局,构建人文资源、自然资源、农业产业与旅游业融合发展的格局。聘请“农文旅”融合发展研究领域的专家学者和各相关部门及业界精英组成规划编制组,在深入调研、全面科学分析论证的基础上,进行全市“农文旅”融合发展整体规划编制,使规划具有前瞻性、周密性、创新性和可操作性,符合六安的地域特点、资源禀赋和市场需求,开辟和引领人们的消费需求,实现环境保护、资源利用、文化传承、经济效益的协调统一。以保护生态环境为前提,科学规划,确立产业集群、村庄集中、要素集聚、人居环境提升、“农文旅”融合的发展目标。

(二)加大资金投入,改善基础设施条件和服务水平

完善提升部分旅游连接线通往旅游地道路,提升出行的舒适性;进一步完善一些景区景点、美丽乡村和特色田园的道路、住宿、餐饮、停车位、卫生设施、驿站、观景台、旅游标识系统等公共配套设施;提高技术装备水平,完善智慧服务、农产品展销、地方文化特色展示等配套功能设施和信息化装备水平;制定项目服务质量标准,加强农产品质量安全追溯体系建设和质量标准建设,提升服务质量,塑造良好形象^[4]。

(三)打造特色“农文旅”体验项目,塑造品牌和亮点

项目带动是加快“农文旅”融合发展的“主引擎”。积极打造以康养体验为核心的“农文旅”项目,推进生

态与田园、康养、文化、旅游、教育、互联网等产业深度融合。进行生态体验、生态科考、生态康养、森林体验、森林养生、田园养生、文旅养生等综合项目打造,促成以观光休闲为主体的旅游市场向以度假居住结合观光、休闲、体验、养生为核心的度假市场转变,满足游客沉淀心灵、享受生活、体验“闲情逸致”的需要。

一是与生态环境相结合打造田园生态养生项目。即依托大别山良好的气候及生态环境,构建生态体验、度假养生业态,打造休闲农庄、养生度假区、养生谷、温泉度假区、生态酒店、茶香小镇等产品,形成生态养生大健康产业体系。二是与养生养老结合发展田园健康享老项目。结合各县区的养老事业,将医疗、气候、生态、康复、休闲等多种元素融入养老产业,发展康复疗养、旅居养老、老年体育、老年文化活动等业态,打造集养老居住、养老配套、养老服务为一体的养老度假基地综合品牌项目。三是与体育运动结合打造田园运动康体项目。依托大别山山地、峡谷和六大水库等地形地貌及资源,发展山地运动、水上漂流、户外拓展、户外露营、户外体育运动、养生运动、传统体育运动、徒步旅行等户外康体养生产品,推动体育、旅游、度假、健身、赛事等业态的深度融合发展。四是与文化休闲结合打造田园文化养心项目。深度挖掘六安民俗、历史文化,运用创意化的手段,打造利于养心的精神层面的旅游产品,使游客在获得文化体验的同时,能够修身养性、回归本心、陶冶情操。五是与休闲农业相结合打造健康饮食养生项目。结合“西山药库”和六安特色农业进行健康食品开发,通过发展绿色种植业、生态养殖业,开发适宜于特定人群、具有特定保健功能的生态健康食品,同时结合生态观光、农事体验、食品加工体验、餐饮制作体验等活动,推动健康食品产业链的综合发展^[1,5,6]。

(四)立足资源禀赋,塑造多元“农文旅”经济业态

产业多元是引领“农文旅”融合发展的“新风口”。结合六安各地的资源禀赋特色和发展基础,打造多元的“农文旅”经济新业态。一是开发精品线路,发展“线路”经济。结合农业三产融合示范园区、人居环境整治和休闲美丽乡村建设,在铁路沿线、大别山风景道、江河沿线及城市周边、省际周边、景区周边,开发休闲农业和乡村旅游示范项目,创新游客互动体验项目,建立丰富多样、富含品味的产业体系。依托六安市知名景区和大型旅游景点,对沿线休闲农业项目完善设备、提升品位、丰富内涵,将更多的休闲观光园区与天堂寨、燕子河、万佛湖、佛子岭、铜锣寨、大峡谷等

诸多自然景区连接融合,开发2~3日行程的精品线路,积极打造适宜游客物质和精神需求的休闲农庄、农家小品、乡情活动,引导周边农户参与接待和服务,有效推动“农文旅”产业融合,综合利用。二是开发文创产品,发展“小镇”经济。开展特色小镇建设是实现产业、资本、土地和企业集聚融合的有效路径。目前,六安市有国家及省各部厅委命名的特色小镇共30个,可以借助特色小镇建设的契机,规划打造文旅产业,挖掘开发生态自然型多样的旅游产品和度假产品组合,深挖延伸融合产业功能、文化功能、旅游功能和社区功能,促进叠加效应,推进融合发展,以丰富集镇化建设内涵,壮大“农文旅”经济。三是开发游乐项目,发展乡村“夜经济”。将推进“农文旅”融合发展与耍火龙或舞火狮、中秋赏月、赶庙会、看花灯等传统习俗结合起来,大力开发民间游娱活动,发展乡村“夜经济”。依托优良的自然环境和优美的田园风光,开发灯展、戏曲、舞台表演等夜娱项目;努力发掘农耕文化资源,开发荷塘月色、篝火晚会、网红打卡地夜景点;抓住游客购买欲望,开发民俗老街、民间工艺、户外影视剧拍摄等“夜态经济”;结合特色产业宣传推介,积极举办桃花节、龙虾节、美食文化节、制茶大赛等地方节庆活动,吸引游客品尝特色小吃,体验地域文化;充分吸收和运用现代元素,全面开发仰望星空、温泉疗养、帐篷营地、音乐晚会等夜宿项目,实现“留人、留钱又留心”的效果。四是开发休闲食品,发展“后备箱”经济。进一步加快休闲食品分拣、加工、包装、销售,充分利用六安瓜片、皖西白鹅、霍山石斛、六安脆桃、大别山有机米、江淮小龙虾等传统品牌和特色农产品资源优势,深挖文化内涵,努力推出一批具有皖西地域文化特色的名优特农产品,积极争取进景区、进宾馆、进超市、进服务区、进网购平台,让游客在六安观光游览的同时,享受田间地头的采摘乐趣,带走本地更多质优价廉的农副产品,实现全市“农文旅”资源的转化增值。

(五)精心宣传策划,做好项目的营销推介活动

通过多种途径加大宣传推介力度,助推“农文旅”项目品牌和亮点的打造,实现田园增收、农业增效、农民增富。一是拓展营销渠道。充分发挥专业协会的作用,摸清家底,整合信息,引入“农业+”理念,积极与各类电商平台接洽合作,完善市场对接渠道,帮助“农文旅”的农产品和农业园区更好地走向市场。二是办好特色活动。将农业节庆活动打造成“农文旅”的特色,在各重点园区办好节庆活动和主题采摘休闲

体验活动,形成贯穿全年的宣传声势。三是加大媒体宣传。通过电视、网络、微博、微信、抖音等各类媒体,开展长效宣传推介,如《全景六安》在多种媒体播放,就是以“吃、住、行、游、淘、娱、探”为切入点,挖掘六安本土人文特色和乡土风情,深度介绍全市各地风景名胜、旅游景点、文化饮食、民风民俗、地方历史,是一种很好的推介。四是举办会展活动。通过农博会等各种展会活动,全面展示和树立优质农特产品和特色“农文旅”农业园区的良好形象^[7]。五是加强农产品质量安全追溯体系建设和区域公用品牌、企业品牌、产品品牌等创建,建立农产品加工、休闲农业与乡村旅游及相关配套服务的展销展示平台。

(六)引进和培育“农文旅”人才,构建适用的人才队伍

由于六安市“农文旅”产业的工作人员普遍来源于乡村,受教育程度不高,不利于“农文旅”产业融合的系统化、标准化发展。一是可寻求专家团队的帮助,高起点、高水平、高标准协调各区域农业、旅游和文化产业融合发展,完善“农文旅”融合发展示范园区规划。二是通过完善高层次专业人才下乡的激励政策及产业扶持机制,吸引一批优秀的专家学者,党政干部、投资者下乡。三是培养培训一大批本土人才。政府统筹,组织农业、旅游业、文化产业相关企业选派人员参加培训,与高校合作建立培训实习基地,为本地从业者提供更多学习技术、行业规范和经营管理方法的机会。四是系统输送一大批懂“农文旅”产品设计、运营管理和营销思维的复合型人才。通过建立合理的用人留才机制,引进一批“留得住”的复合型创新人才,以高速发展的经济和良好的行业前景吸引人才,促进人才返乡,形成良性的人才机制。

(七)建立健全“农文旅”融合发展机制

体制机制建设关系到“农文旅”融合发展的可能性和持久性。一是要加强“农文旅”融合发展组织领导,建立重大事项联合审议、决策制度。完善“农文旅”融合发展政策协同体系,形成党委政府牵头、职能部门齐抓共管、社会广泛参与的协同组织机制,确保“农文旅”融合发展政策、举措落地落实。二是搭建合作平台,提升“农文旅”融合发展联动机制。把市场需求与农林牧渔等自然生态资源、乡村文化特色结合起来,联合农、林、住建、交通、文旅等部门,开辟“农文旅”融合发展项目“绿色通道”,按照“全景式打造、全产业发展、全社会参与、全方位服务、全区域管理”原则,多领域宽范围协同推进。三是加强统筹协调,构

建利益均衡机制。大力支持企业经营生产,规范企业经营行为;通过信息公开、民主决策等方式,保护农民的土地、资金、生态等合法权益,鼓励农民积极主动参与“农文旅”融合发展项目,获取更大实惠,逐步构建兼顾公平的利益均衡机制。四是强化市场监管,保持“农文旅”市场秩序、产品质量和良好声誉。五是成立六安市“农文旅”融合发展研究机构,开展“农文旅”产业整体规划、项目设计、品牌打造、营销与管理等方面的深入研究,探索规律,提供科学的指导,以提升六安市“农文旅”项目的品位和行业发展水平^[8-9]。

四、结语

按照六安市“十四五”规划和乡村振兴战略部署,利用皖西大别山资源优势,转变农业发展方式,加快农业转型升级,全力推进“农文旅”融合发展。这不是一蹴而就的工作,需要政府、投资人、经营者及新型职业农民的持续努力,抓住“农文旅”融合发展的切入点,选择正确发展模式和路径,打造区域品牌项目,建立健全各种配套设施和机制,形成“农文旅”融合发展的合力,从而赋予乡村振兴发展的内生动力。

参考文献:

- [1]朱焕焕.“农文旅融合”多轮驱动,促进美丽乡村建设[J].蔬菜,2020(12):1-9.
- [2]陆勇.乡村振兴背景下“文旅农”融合发展研究[J].北方经济,2020(3):153-155.
- [3]孙美琪,孙从榕,肖志雄.安徽歙县“农文旅”产业融合发展模式研究[J].中国集体经济,2020(35):123-126.
- [4]许玲凤,王文.农文旅融合视角下休闲农业发展研究[J].河南农业,2019(1):4-5.
- [5]刘运辉.麻江县农文旅融合发展的措施与方法[J].改革与开放,2018(14):26-28.
- [6]曹莉丽.金华市农文旅融合发展模式研究[J].乡村科技,2019,2(2):36-37.
- [7]蒋好.浅谈无锡市滨湖区农文旅融合发展[J].上海农业科技,2020(1):8-9,11.
- [8]曹莉丽.农文旅融合助力浙江乡村振兴的对策研究[J].现代农村科技,2019(8):99-100.
- [9]吴昌和,彭婧.对推动“农文旅”一体化发展的思考[J].理论与当代,2016(6):23-27.

Research on the Current Situation and Countermeasures of the Integrated Development of “Agriculture, Culture and Tourism” Industry in Lu'an City

WANG Benqin^{1,2}, WANG Yunhe¹, WANG Jiexiang^{1,2}, YANG Jingsong³,
TU Fulei⁴, FU Tian², BI Yi², WANG Yaowu^{2,5}, CUI Liming²

(1. Lu'an Vocational and Technical College, Lu'an 237158, China;

2. Lu'an Green Development Research Association, Lu'an 237100, China;

3. Lu'an Municipal Bureau of Agriculture and Rural Affairs, Lu'an 237100, China;

4. Lu'an Municipal Bureau of Culture and Tourism, Lu'an 237100, China;

5. Lu'an CPPCC, Lu'an 237100, China)

Abstract: This paper summarizes the development effect of “agricultural cultural tourism” industry in Lu'an City. The problems existing in the development of the “agricultural cultural tourism” industry are analyzed. The paper puts forward seven countermeasures and suggestions to promote the integrated development of “agricultural cultural tourism” industry: strengthening the city's “agricultural cultural tourism” integrated development overall plan; increasing capital investment and improving infrastructure conditions and service levels; creating characteristic “agricultural cultural tourism” experiencing projects to shape the brand and highlight; building diverse “agricultural cultural tourism” economic formats based on resource endowments; carefully publicizing and planning to do a good job in project marketing and promotion activities; introducing and cultivating “agricultural cultural tourism” talents to build a suitable talent team; establishing and improving the integrated development mechanism of “agriculture, culture and tourism”.

Key words: Lu'an City; “agricultural cultural tourism” industry; integrated development; countermeasures

六安市农业产业振兴与美丽乡村建设现状及对策研究

王云鹤¹, 夏 萍², 汪本勤^{1,3}, 王家祥^{1,3}, 杨劲松⁴

(1. 六安职业技术学院, 安徽 六安 237158; 2. 安徽农业大学, 安徽 合肥 230036;
3. 六安市绿色发展研究会, 安徽 六安 237100; 4. 六安市农业农村局, 安徽 六安 237100)

摘 要:从六安市农业产业、美丽乡村建设的情况及二者融合发展取得的工作成效中,分析了农业产业发展与美丽乡村建设中存在的问题,提出了产业振兴与美丽乡村建设 6 个方面的对策建议,即加强政策引领,完善相关的体制机制建设;加大经费投入,实现农村基础设施现代化;培育和引进人才,发挥人才和科技支撑作用;扶持重点项目,发挥项目引领示范作用;打造产业链,促进农村一二三产业融合发展;全域统筹推进,实施全域美丽乡村建设。

关键词:产业振兴;美丽乡村;现状;对策

中图分类号:F327.54

文献标识码:A

文章编号:1009-9735(2022)06-0005-10

党的十九大提出实施乡村振兴战略,是以习近平同志为核心的党中央深刻把握党和国家现代化建设的全局规律,顺应亿万农民对美好生活的向往作出的重大决策部署。“产业兴旺、生态宜居、乡风文明、治理有效、生活富裕”,是实施乡村振兴应遵循的二十字方针。产业兴旺是乡村振兴的经济基础,也是实现乡村振兴战略的首要目标;生态宜居要求创建适于居住的自然生态环境,落在开展美丽乡村建设上。2018 年,《中共中央国务院关于实施乡村振兴战略的意见》和《国家乡村振兴战略规划(2018—2022 年)》中提出了实施乡村振兴的三阶段:到 2020 年乡村振兴取得重要进展,制度框架和政策体系基本形成;到 2035 年乡村振兴取得决定性进展,农业农村现代化基本实现;到 2050 年实现农业强、农村美、农民富的目标。要实现这三个阶段的目标任务,产业兴旺和美丽乡村建设必须首先实现各项既定目标,完成从量到质的渐进式变化。2020 年,《中共中央、国务院关于抓好“三农”领域重点工作确保如期实现全面小康的意见》又对美丽乡村建设和产业振兴做出具体部署:以治理农村生态环境为问题导向,稳步推进畜禽粪污资源化利用、农用地土壤污染管控和修复利用、农药化肥减量行动、农膜污染治理和秸秆综合利用等美丽乡村建设新举措;依托区域优势资源,打造特色农业产业链,实现产业融合发展,构建产业链增值收益机制,形成强竞争力的产业集群,从而推动美丽乡村建设和产业振兴的同频共振发展。2021 年,《中共中央 国

务院关于全面推进乡村振兴加快农业农村现代化的意见》强调全面实施乡村振兴,立足当地特色资源,顺应产业发展规律,推动乡村产业发展壮大,优化产业布局,完善利益联结机制,让农民更多分享产业增值收益。

一、六安市农业产业、美丽乡村建设情况

(一)农业产业发展情况

近年来,六安市立足区域资源优势,推进农业供给侧结构性改革,发展农业特色优势产业,逐步形成了茶叶、蔬菜、水果、中药材、小龙虾、皖西白鹅、霍寿黑猪、皖西麻黄鸡等 8 大特色主导产业集群,2021 年,实现综合产值 542 亿元,为实现全面小康和美好幸福六安建设打下了坚实基础。一是加强顶层规划设计,强化政策引领。把推进农村产业发展纳入经济社会发展总体布局协调推进,在《六安市国民经济和社会发展规划第十三个五年规划纲要》《六安市乡村振兴规划(2018—2022 年)》将特色产业发展专门谋划布局。出台了《六安市“十三五”农业和农村经济发展规划》,在基地建设、资源保护、产品研发、加工流通、品牌创建、市场开拓等方面制定系列配套落实政策,并

* 收稿日期:2022-07-05

基金项目:安徽省教育厅高校人文社科重点项目(SK2020A0716);
六安市绿色发展研究会 2020 年重点课题(lalyh202007)。

作者简介:王云鹤(1989—),女,安徽六安人,硕士,讲师,研究方向:财务管理,乡村治理,绿色发展;通信作者:夏萍(1964—),女,安徽巢湖人,博士,教授,研究方向:农机装备应用体系设施装备与信息化,绿色发展。

设立特色产业发展资金,为全市特色产业发展提供政策和资金支持。二是依托平台载体,推进“138+N”工程。即:培育一批“农村产业发展带头人”,推进规模经营、主体经营和一二三产业融合经营,发展壮大茶叶、水果、蔬菜、中药材、小龙虾、皖西白鹅、霍寿黑猪、皖西麻黄鸡等一批特色主导产业,促进其他特色产业和资金、科技、市场、品牌等 N 种要素结合。三是发展精深加工,延伸产业链条。2021 年全市规模以上(2000 万元)农产品加工企业总数达 384 家,农产品加工产值达 447.3 亿元,农产品加工业产值在全市工业增加值占比 35%,带动农户人均增收 1700 元,成为拉动全市工业经济和 GDP 增长的重要力量。四是强化利益联结,助推产业扶贫。全面打造各类园区、龙头企业、农民专业合作社、家庭农场等。五是推动绿色发展,促进提质增效。开展有机肥替代化肥、生物防治替代化学防治的“双替代”示范行动,制定和执行茶叶、蔬菜、水果、中药材、皖西白鹅等技术标准和技术规程,推动建设一批标准茶园、设施果园、绿色菜园和生态药园。

(二)美丽乡村建设工作情况

市委市政府以实施乡村振兴战略为统领,围绕“生态宜居村庄美、兴业富民生活美、文明和谐乡风美”的总体目标,以改善农村人居环境为突破口,将美丽乡村建设与脱贫攻坚有机结合,全市美丽乡村建设的范围日趋扩大,氛围日趋浓厚,美丽乡村建设知名度、美誉度日益彰显,呈现出“串珠成线、以线带面、面上开花”的良好局面。一是扎实推进省级美丽乡村中心村建设。截至 2021 年经省批准六安市建设 679 个省级美丽乡村中心村。二是创建美丽乡村示范村和重点示范村。到 2020 年底,已打造 100 个美丽乡村示范村和 51 个重点示范村。

二、农业产业与美丽乡村建设融合发展工作成效

(一)创建了众多“一村一品”示范村

六安市以美丽乡村示范村为重点,通过加强规划引导、加大政策扶持、强化服务指导、开展宣传推介,不断培育壮大乡村产业,持续推进“一村一品”高质量发展,发掘乡村产业的功能价值,开发特色产品,推动一二三产业融合发展,努力形成产村深度融合的发展格局。截至 2021 年,六安市已完成“一村一品”专业村(乡镇)建设 335 个,其中种植业专业村 195 个,畜牧业 32 个,渔业 15 个,乡村旅游类 25 个(图 1)。为促进乡村全面振兴和农业农村现代化提供了有力支撑。

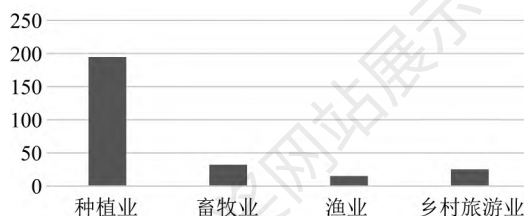


图 1 六安市一村一品示范村类型统计

(二)经营主体得到扶持壮大

在各地美丽乡村示范村发展规模经营、主体经营和一二三产业融合经营,促进当地农村土地流转率达到 53.1%,扶持壮大龙头企业、农民专业合作社、家庭农场、种养大户等经营主体力量,涌现了一批千亩连片万亩集聚的高效农业示范基地。发展百亩茶园、千亩果园和万亩稻渔综合种养基地的示范村镇近 100 处,在主导产业集中连片地区,一村一品示范村辐射带动了周边数十个村发展同一类型的特色主导产业。

(三)美丽乡村集体经济得到发展壮大

引导鼓励各类新型经营主体和返乡下乡人员优先到美丽乡村示范村投资兴业,建设原料生产基地,发展产地初加工、精深加工和加工废弃物综合利用,积极创新推广订单生产、合作经营、入股分红等多种产业发展模式,与广大农户建立紧密的利益联结机制,推动美丽乡村示范村通过发展产业实现年经济收入 50 万元,率先成为村级集体经济强村。如安徽徽莲农业科技发展有限公司利用霍邱县城西湖乡望湖村及周边 6 个村数万亩湿地,投资近亿元,发展莲藕、芡实产业,现有莲藕 1.6 万亩,芡实 2 千多亩,实现莲藕产量近 4 万吨,芡实产量 5000 公斤,产值约 6000 万元,近 2000 余户参与莲藕种植,实现年家庭收入 2 万元左右,村级集体收入增加 50 万元以上。

(四)休闲观光农业得到较快发展

大力发展休闲观光农业,投资开发民俗文化村、科普示范园、露天采摘园、生态农庄等一批休闲农业项目,使周边以特色产业为主的“一村一品”示范村以点连线、以线成片,成为休闲旅游产业的集散地和承载平台。如金安区九十里山水画廊、裕安樱花溪畔、金寨县花石乡大湾村农家乐和民宿等,均体现了“一村一品”特色主导产业。如金安区突出九十里山水画廊旅游资源优势,打造 5 万亩大别山茶园、10 万亩安徽桃乡和板栗、葡萄、油茶、脆桃等特色农业观光带,聚集了周边 30 多个行政村发展“一

村一品”特色产业,吸引众多城市居民前来观赏游玩。裕安樱花溪畔以樱桃、车厘子、香蕉、火龙果等水果种植为基础,致力于产加销和旅游服务为一体融合发展,目前发展水果种植面积300余亩,建有水上餐厅、垂钓中心、山居木屋等,成为一个集生态农业、观光旅游、休闲度假为一体的现代农业生态庄园,吸纳周边2个乡镇25个村发展“一村一品”果蔬产业。金寨县花石乡大湾村结合发展茶叶主导产业,近几年内新诞生了22家农家乐和民宿,每年迎来观光游客10万人次以上。

三、产业发展和美丽乡村建设中存在的问题

(一)政策制度有待完善

当前农村产业发展已处于上升阶段,六安市出台了促进产业发展的政策制度,建立了一定的保障机制,但这些政策和保障机制还不够完善,不够系统;集体经济得到一定程度的壮大发展,管理制度还不健全;小农户与现代农业经营主体的利益联结关系不紧密,机制不健全,农户利益难以得到保障;用地和资金上政策保障不足,农业经营主体融资难、融资贵的困境依然存在等。

(二)基础设施相对薄弱

产业振兴和美丽乡村建设需要对基础设施和公共服务网络进一步夯实,实现高效互联互通。经过5年的脱贫攻坚,基础设施和公共服务网络得到较大改善,但总体上,大部分乡村,交通道路、网络、物流以及供水、供电设施还相对滞后,农村内部以及农村与城镇间互联互通的顺畅程度还不同程度欠缺,制约了产业发展和美丽乡村建设的推进。

(三)人才队伍和技术力量缺乏

人才缺乏是制约乡村发展的重要原因。因人才缺乏,技术研发能力薄弱,创新能力不足,乡村产业发展存在不顾资源禀赋和市场需求的差别,常常效仿复制,在产业发展和美丽乡村建设中出现低效率重复性建设,因而导致产业竞争力不强,资源浪费,发展不可持续。由于管理人才缺乏,管理机制不健全,美丽乡村建设成果难以巩固提升。

(四)重点特色项目引领不足

农业全产业链发展根基不牢,农业产业项目零散,资金、项目、技术、管理等农业要素没能很好集聚,发展模式特色不明显。虽然建了一些如茶谷小镇、林果小镇、石斛小镇、羽绒小镇、中医药康养小镇等特色小镇,但在产业培育、配套设施及服务、资源配置、布局规划等方面引导和支持不足,小镇特

强沉色不够。

(五)产业融合发展水平较低

一是产业发展不平衡。特色农业分布点多面散,缺乏统一规划建设,产品难以保障市场常年周期性供给。农业与旅游、康养、文化等产业深度融合不够,不能最大化发挥效益。目前全市近3万个新型农业经营主体中,90%以上集中在农业一产领域,具备全产业链条的复合型经营主体数量占比不足2%。呈现一产水平不高,二产不优,三产滞后的局面。二是精深加工能力不足。除粮油、畜牧业、茶叶以外,我市特色主导产业如蔬菜、水产、水果、中药材、乳制品等多为生鲜上市,加工转化率不到30%,且采摘、储存、运销等环节损耗率近20%。大多数农副产品增值环节精深加工程度不高,产业链条还处于初加工阶段。休闲食品、方便食品、养生保健产品和高端衍生产品开发不够。三是市场开拓不够。农产品以实体营销为主,其中以大型超市、农贸和批发市场为主,线上营销、直销和直接进社区、工厂、学校、食堂等销售渠道有待加强。

(六)产业发展与美丽乡村建设统筹规划不够

产村融合发展全域性规划欠缺,特别是融入长三角一体化发展的深度和广度不够。当今时代,知识流、技术流、物流、信息流蜂拥而至,瞬息万变,产业发展、美丽乡村建设整体规划全局性、前瞻性、科学性不够,实际实施起来显得滞后,引领性和可操作性不强。例如在因地制宜,统筹考虑区域社会经济现状、农业特色、资源禀赋、绿色生态等功能定位上不准。

四、产业振兴与美丽乡村建设融合发展的建议

目前,六安市农村产业与美丽乡村建设融合发展的基础比较薄弱。因而,一方面应以生态经济化和经济生态化为原则,以产业化为发展方向,突出生态环境质量的提升和资源要素的积聚,促进人与自然和谐共生,达到美丽乡村建设和产业同步发展的效果;另一方面从乡村实际的资源禀赋和产业基础出发,延长产业链条、拓展产业功能、推动技术渗透、强化利益联结,形成规模经济明显、业态多样的产业融合发展模式,推进田园综合体和农业特色小镇建设,助推美丽乡村建设水平的提升^[1-3]。

(一)加强政策引领,完善相关的体制机制建设

遵循六安市“十四五”发展规划,进行美丽乡村建设和农村产业协同发展的政策和体制机制设计,积极融入长三角一体化发展,构建人文资源、自然资源、农

业产业与旅游业融合发展、适应乡村产业振兴规律的管理体系^[4]。政府要建立培育多元化产业融合主体制度,引导资金、技术、人才等要素向农村特色产业集聚,培育新型农业经营主体、农业龙头企业、家庭农场、专业合作社、工商企业、农业社会化服务组织;要运用现代科技进行技术创新和品牌创建;要积极开展金融制度创新,保障产业发展与美丽乡村建设协同发展的金融需求;要推进产学研深度融合和产业链各环节的连接,围绕全产业链制定政策;要建立农民和经营组织公平分享美丽乡村建设和产业融合发展成果的利益协调共享机制^[5]。

(二)加大经费投入,实现农村基础设施现代化

农村基础设施现代化、规范化是乡村振兴的基础。农村基础设施包括水、电、路、网等传统的和物流、金融、信息等现代的基础设施。市政府需进一步强化水、电、路、网等传统基础设施建设。统筹部署实施农村通信基础设施升级改造,满足乡村生产、生活与互联网高效连接的网络速度要求。统筹规划农村电商,建设农村物流设施,建立以行政村为物流节点的农村物流网络体系。建立农村普惠金融政策,加大金融支持力度,密切金融机构与新型农业经营主体的合作^[6]。加大环境整治力度,提高基础环卫水平。

(三)培育和引进人才,发挥人才和科技支撑作用

克服人才缺失的瓶颈,建立培育人才、引进人才、留住人才的机制。一是加快构建高素质农民教育培训体系。整合利用农业院校、农业科研院所、农业龙头企业等各类资源,开展新型职业农民和农村实用人才培训。二是畅通各类人才下乡渠道,落实县域内人才统筹培养使用制度,支持各类科技人员、大学生、企业家等到农村干事创业。建立机制,鼓励科研人员和专业技术人员下乡服务。鼓励农民工等人员返乡创业,实施现代青年农场主计划。三是吸引城市精英到农村创业,成为农村经济的新生力量。四是鼓励科研人员到农业合作社、农业企业兼职或任职,建立知识产权参股、分红等激励机制^[5-6]。

坚持创新驱动发展战略,强化科技支撑作用,加强农业生物技术研发,加强现代农业产业技术体系建设,面向农业全产业链配置科技资源,建立农业产业科技创新与服务中心,扩大特优农产品覆盖面。培育壮大一批农业高新技术企业,打造现代农业创新高地和产业高地。

(四)扶持重点项目,发挥项目引领示范作用

建设“高标准农田+新型经营方式+配套产业”的一体化项目。以农业主导产业为核心,将农业生产、农产品加工和销售及其他业态有机结合,聚集资本、技术和资源要素,构建农业全产业链发展的根基。把资金、项目、技术、管理等现代农业要素集聚到农业科技园区和产业集聚区,形成资金集聚、技术集成、产业融合的综合示范效应^[7]。

建设美丽乡村和农村产业协同发展的样板——农业特色小镇^[8]。各地可依托独特的自然环境、民俗风情、历史风貌、农业景观、农产品加工等特色,探索建设特色小镇,如茶谷小镇、林果小镇、石斛小镇、羽绒小镇、中医药康养小镇等特色小镇。

(五)打造产业链,促进农村一二三产业融合发展

立足资源优势,打造特色的农业全产业链,形成有竞争力的产业集群,建立健全农民分享产业链增值收益机制,推动一二三产业融合发展^[9]。一是加快发展农村产业融合发展示范园。二是进一步调整优化农村产业结构。加快推进品牌粮食和订单农业生产。推介亮化六安瓜片、霍山石斛、皖西白鹅、六安脆桃、六安龙虾等知名区域公共品牌。三是培育壮大融合经营主体。发展产业融合高端业态,探索创意农业、主题公园、科普培训、深度体验、新型疗养等新兴产业新模式。四是推进“互联网+”现代农业,加强农业智能系统和大数据系统推广应用。五是强化农产品质量安全监管。加强有机农产品、绿色食品、地理标志农产品建设和认证管理,打造地方知名农产品品牌。

(六)全域统筹推进,实施全域美丽乡村建设

深入研究,科学规划设计。在综合考虑区域社会经济现状、农业特色、资源禀赋、绿色生态等情况的基础上,确定切合实际、高标准、高层次的农业功能定位,编制科学的乡村产业规划和美丽乡村建设规划,提高规划的科学性、前瞻性水平,发挥规划引领和指导性作用。

因地制宜,全面统筹发展。将美丽乡村建设由点、线向全域推进,打造美丽乡村的升级版。农业农村部在《“美丽乡村”创建目标体系》中提出了“产业发展、生活舒适、民生和谐、文化传承、支撑保障”美丽乡村建设的五大指标体系,要求我们既要因地制宜,体现地域环境和资源禀赋的差异性,又要标本兼治优化人居环境,促进美丽乡村建设和产业的持续发展。

参考文献:

- [1]朱惠琼,罗旭辉,翁伯琦.农业绿色发展与美丽乡村建设融合发展的对策思考[J].福建农业科技,2019(7):48-52.
- [2]旭东,杜欢政.中国生态宜居和美丽乡村建设路径研究[J].中国农学通报,2019(28):158-164.
- [3]王克.基于乡村振兴战略的美丽乡村建设研究[J].中国前沿理论,2021(9):1-2.
- [4]朱东亚,陈嘉贤,潘光辉.加快构建适应乡村产业振兴规律的绩效管理体系[J].热带农业工程,2022(2):80-81.
- [5]付洪良.美丽乡村建设与农村产业融合发展的协同关系——乡村振兴视角下浙江湖州的实证研究[J].湖州师范学院学报,2019(1):8-18.
- [6]赵玉亮,史雅楠.十九大以来乡村人才振兴研究文献综述[J].安徽农业科学,2019(24):7-9.
- [7]陈星.乡村振兴视域下美丽乡村建设模式研究——以南京谷里街道为例[J].湖北农业科学,2019(19):12-16.
- [8]彭臻.“绿色发展”理念下美丽乡村建设的对策探究[J].吉林广播电视大学学报,2019(9):60-61.
- [9]灿业.乡村振兴战略背景下农村一二三产业融合发展研究[J].西部经济管理论坛,2019(6):26-31.

Research on the Current Situation and Countermeasures of Agricultural Industry Revitalization and Beautiful Rural Construction in Lu'an

WANG Yunhe¹, XIA Ping², WANG Benqin^{1,3},
WANG Jiaxiang^{1,3}, YANG Jingsong⁴

(1. Lu'an Vocational Technical College, Lu'an 237158, China;

2. Anhui Agricultural University, Hefei 230036 China;

3. Lu'an City Green Development Research Association, Lu'an 237100, China;

4. Lu'an Municipal Bureau of Agriculture and Rural Affairs, Lu'an 237100, China)

Abstract: This paper summarizes the achievements in the development of agricultural industry and the beautiful rural construction in Lu'an. The problems existing in the development of agricultural industry and the beautiful rural construction are analyzed. Six countermeasures and suggestions for industrial revitalization and beautiful rural construction are put forward: strengthening policy guidance and improving related system and mechanism construction; increasing capital investment to realize the modernization of rural infrastructure; cultivating and introducing talents to play the supporting role of talents and science and technology; supporting key projects to play a leading role; building an industrial chain to promote the integrated development of primary, secondary and tertiary industries in rural areas; promoting overall planning and implement the construction of beautiful rural areas in the whole region.

Key words: industrial revitalization; beautiful countryside; status quo; countermeasures



高职院校助力乡村人才振兴路径 ——乡村振兴研究之乡村人才振兴

何 华

(六安职业技术学院, 安徽 六安 237158)

摘 要: 乡村振兴是现今和未来阶段的“三农”工作导向和奋斗目标,是脱贫攻坚战果巩固的措施,也是农业农村现代化实现的切实可行的措施。而乡村振兴的顺利实施,离不开人才的支撑。因此我们应该充分剖析乡村人才现状。高职院校采取创新招生模式和就业渠道、强化三农课程开拓、理论与实践融合、深化校乡合作等方式为乡村振兴提供人才支持。

关键词: 乡村振兴; 高职院校; 助力; 乡村人才

1 乡村振兴背景下高职院校助力乡村人才振兴的意义

1.1 有利于乡村振兴的贯彻实施

全面推进乡村振兴战略实施,高职院校助力乡村人才培养,有利于实现乡村振兴的全面贯彻实施。乡村振兴人力资源的集聚和开发,促进乡村人力这个重要要素的综合素质得到有效提升,将有助于推动乡村振兴事业的全面发展,有助于构筑先进行乡村人才服务体系,在乡村人才振兴发展中体现思维体系创新,对实现乡村振兴战略的全面贯彻起很大的推动作用。

1.2 有利于乡村人才培养

乡村振兴背景下实现高职院校全面发展,推动乡村人才全面培养,有助于构建体系全面、要素丰富、人才能力活化的乡村人才培养机制,同时更多地帮助乡村贫困地区青年人,给他们搭建学习平台,给予智能帮扶和技能帮扶,有助于集聚乡村现有资源,培养乡村振兴人力资源优势,有利于实现乡村青年人才集聚,有利于实现乡村青年人才在技术创新能力上的发展,推动乡村振兴战略得以全面有效的实施。

1.3 有利于高职院校的多元化发展

乡村振兴背景下,高职院校助力乡村人才培养,实现乡村人才的全面教育,有利于推动高职院校实现多元化发展。在当前,随着我国教育体制的全面深化改革,高职院校逐步向服务型、技能型、专业化的方向进行发展,实现了高职院校功能转型、定位升级、服务三农的战略转向,有助于构造一个多元化的高校发展体系,推动高职院校在新条件下实现新的发展战略转型和新的功能优化。

1.4 有利于为高职院校学生拓展就业渠道

乡村振兴背景下,高职院校助力乡村人才振兴,有利于为高职院校的学生进一步拓展就业渠道。当前,随着新冠疫情持续反复,我国高校毕业生连年创下新高,以此进一步实现高职院校学生就业领域的拓展,有助于加快高职院校学生就业方向的多元化。正是由于高职院校广泛的深入乡村振兴战略指导下的乡村产业中,拓展学生的就业渠

道,才使得高职院校增强了就业的多元化、丰富性,为高职院校学生谋得了就业的灵活度。

2 乡村振兴背景下高职院校助力乡村人才振兴路径

2.1 创新招生模式和就业渠道

乡村振兴背景下,高职院校助力于乡村人才振兴,需要通过创新招生模式、加强就业渠道拓展,来开创新的发展思路^[1]。一是在招生方面,高职院校应着力于挖掘乡村招生点,形成渠道招生开发模式,广泛地接触乡村一线的广大学生,满足乡村振兴培养的需求,对乡村学生实施多种形式的招生考察,丰富招生标准,创造招生新模式,吸引更多的乡村青年加入到高职院校学习中,增强他们的学习主动性。二是在就业渠道的拓展方面,高职院校可以通过鼓励和实施免费教学的模式,对乡村学生进行招生吸引和就业供给,加强学生在毕业创业、农业产业化上的发展,不断增强对乡村农业发展的人才定点输送,实施订单化培训、订单化人才输送的开发模式,根据农业企业的不同需求,输送农村青年教育人才,推动高职院校人才就业提升。

2.2 强化思想政治教育,发挥文化传承功能

乡村振兴背景下,拓展高职院校的乡村人才发展战略,还必须强化思想政治教育^[2]。思想政治教育是高职院校培养乡村振兴人才,实施乡村振兴人才思想道德建设的重要着力点。要加大对高职院校在我国三农基本情况,基本农业产业发展状况,农业发展策略方面的教育引导,逐步使广大学生解决信息不对称性,了解农村经济发展状况,了解三农产业运行状况,消除广大高职院校学生对三农工作的偏见。加强人才扩招,增强三农人才的思想政治培育,从而实现学生对三农发展的理解,对农业产业化发展的认同,进而使他们愿意积极投身于农业产业化发展中,助力乡村振兴,实现转型发展。与此同时,还要加强学生对三农思想意识的全面掌握,培养他们懂农业、知农村、爱农民的思想品质,强化他们投身于农业发展的激情。宣传新时代农村精神文明建设成果,弘扬社会主义核心价值观,大力提倡文明健康、绿色环保的生活方式。发挥高职

基金项目: 2021年六安职业技术学院人文社科研究项目“乡村振兴背景下本土人才培养路径研究”(XJKY202101)。

作者简介: 何华(1974-),女,安徽六安人,六安职业技术学院讲师,硕士,研究方向:思想政治理论与实践。



院校文化传承功能,深入挖掘继承创新优秀传统乡土文化、历史文化、红色文化、非物质文化遗产,并融入教学中,使学生入耳、入心、入脑,内化于心,外化于行,进而传播、传承、发扬光大。

2.3 强化三农课程开拓

乡村振兴背景下,高职院校在发展乡村人才时,还要加强三农课程的实践化开拓。加强高职涉农专业耕读教育,将耕读教育相关课程作为涉农专业必修课。围绕乡村振兴需求,优化涉农专业课程,加强网络培训教育资源共享,打造实用精品培训课程体系。要强化理论与实践的全面融合,加强三农课程的开发,紧盯三农发展中最紧要的学科方向,最紧缺的人才需求,进行课程开发,着力在农业产业化、农业电商化、农业旅游化等方向上的课程设置,增强农业高职院校人才的实际发展能力,改变单一的学科设置环节,设置与时俱进,又切合农村产业发展实际的相关新兴产业,制定有效的人才培养计划,按照全面的教育结合理论,实现学生素养培养与能力开拓的有效结合^[3]。比如培育农村创新创业人才、培育农村电商人才、培育乡村工匠等方面着手开拓课程。还可以为当地农民工劳务输出品牌打造设置专业和课程,大力开展“订单式”“储备式”“实用性”就业技能培训。高职院校根据社会需求,制定培养计划,送培训下乡,培养出有地方特色的劳务工种,向用人单位输送有地方特色的劳务品牌人才。

2.4 加强理论与实践的融合教育

乡村振兴背景下,高职院校推动乡村人才振兴,还要加强理论和实践的全面融合。乡村发展离不开实践的推动,也同样需要理论的指引。因此,在高职院校实施乡村职业教育时,要对学生加强理论与实践的融合式教育。一方面,要着力强化与时俱进的教学原则,创新教学内容,以最新的三农理论,强化学生的理论掌握程度。另一方面,要不断的以当前三农领域最紧迫的产业需求为基础。强化实践性需求,主动深入调研,到一线去,到农村去,主动关注乡村发展中人才的实践性需求,在调研总结的基础上,针对不同地区的特色化农业产业,开设不同的农业产业化课程设计,从而加强高职院校的人才培养,综合性素质能力提升,有助于推动高职院校人才发展和乡村振兴的全面。比如实施乡村本土建设人才培育工程,加快培育修路工、水利员、改厕专家、道路养护员、农村住房建筑师等乡村建设工匠。强化砌筑工、抹灰工、镶贴工的技能培训,壮大农村建筑技能人才队伍。

2.5 深化校企合作,培育乡村人才

在乡村振兴背景下,高职院校要进一步加强与乡村之间的亲密合作,根据乡村需要培育乡村特色人才,不断拓展乡村人才发展的实践性指挥棒,按照分类培养,精准培养的原则,拓展乡村人才培养深度合作。以六安职业技术学院为例,首先,深入开展调研,获得最新的第一手资料,以此判断乡村人才的需求方向和量的大小。定位专业和方向。

其次,增设相关课程,提升乡村振兴人才技能。再次,开展“农科班”,旨在培养高素质基层干部,为了加强村级后备干部培养,“农科班”量身定制课程,培养热爱“三农”事业,掌握基层管理的基本原理和方法,懂得专业基本知识和技能,能胜任农村基层管理工作的复合型人才,以解决乡村振兴过程中急需基层管理和技术人才的问题。发挥资源优势,举办农技专题培训班,依托学校农林类专业优势和农民学院,承办所在市委托的新型职业农民培训,培养爱农业、懂技术、善经营的新型职业农民;培养农村能人大户、致富能手、科技带头人、专业示范户等;承办农村电商技术培训,建立农产品电商平台;利用学校创新创业学院资源,开展农民创新创业珍才培训,帮助孵化农业创业项目等。选派专技人才驻村,以工作队的方式选派专业技术人才驻村,为相关产业提供技术支持。

2.6 多渠道培养高职院校学生服务乡村振兴意识

据调查,高职院校学生毕业后的就业去向,大多数同学的意向是去城市发展。愿意回乡就业、创业的人数占比很低。这就需要高职院校在平时的教育教学过程中,有意识的将到基层就业的思想融入课程。乡村振兴的过程中,他们是必需人才,那里有他们一展宏图的大环境。实习实践要走进农村,接触农业,在实习实践的过程中了解农村的经济需求和产业需求,巩固课堂所学知识,加深对乡村振兴战略的理解,深化服务农村农业发展的理念。^[4]同时从回乡创业,为基层一线服务的往届大学生中挑一部分比较成功的人才,邀请他们回校进行演讲。典型案例做成宣传材料,进行广泛宣传。消除他们的顾虑,坚定他们的信心。通过各种方式渗透一种到农村、去基层工作的意识给他们,让他们以一种乐观积极的心态主动到基层,为乡村振兴出一份力,为乡村振兴奉献自己的青春,实现自己的人生价值。

3 结语

总而言之,乡村振兴人才开发模式下,高职院校起着重要的作用,有着重要的地位。高职院校需要进一步加大乡村振兴人才培养,深入实践,勇于创新真正做到助力乡村振兴,实现校乡结合,服务乡村振兴。■

参考文献:

- [1] 徐可晶. 乡村振兴战略下高职院校实践育人模式改革探讨[J]. 发明与创新(职业教育), 2021(6): 212-213.
- [2] 李洁. 涉农高职院校乡村振兴人才培养路径探索[J]. 食品工业, 2021, 42(5): 533.
- [3] 叶蔚萍. 高职院校服务乡村振兴战略的可行性及必要性分析[J]. 大众标准化, 2021(7): 105-107.
- [4] 华晓晓, 杨向黎, 王猛. 乡村振兴背景下农业院校大学生农村基层就业培育机制研究[J]. 山东农业工程学院学报, 2022(5): 62.

红色文化赋能高校思想政治教育的目标、价值与路径

李自芳, 凤 姝

(六安职业技术学院, 安徽 六安 237000)

摘 要:红色文化是推动高校思想政治教育创新发展、效能提升的重要媒介。以红色文化赋能高校思想政治教育就是要借助红色文化教育增强大学生对主流意识形态的认同、坚定大学生拥戴中国共产党的决心、强化大学生对国家道路选择的自信。红色文化能够为高校思想政治教育说服力、感染力以及工作效能的提升提供历史论据、认知资源和情感动力。在构建红色文化赋能高校思想政治教育路径体系时要注意以红色理论武装大学生头脑心灵、以红色资源激发大学生情感共鸣、以红色历史坚定大学生理想信念、以红色精神塑造大学生政治信仰。

关键词:红色文化; 高校; 思想政治教育

中图分类号:G641

文献标识码:A

文章编号:1009-3583(2026)-0149-05

Goals, Values, and Paths of Red Culture Empowering Ideological and Political Education in Colleges and Universities

LI Zi-fang, FENG Shu

(Lu'an Vocational Technical College, Lu'an 237000, China)

Abstract: Red culture is an important medium for promoting the innovative development and efficiency improvement of ideological and political education in colleges and universities. Empowering ideological and political education in colleges and universities with red culture means enhancing college students' identification with the mainstream ideology, strengthening their determination to support the Communist Party of China, and consolidating their confidence in the country's path choice through red culture education. Red culture can provide historical evidence, cognitive resources and emotional motivation for improving the persuasiveness, appeal and work efficiency of ideological and political education in colleges and universities. When constructing the path system of red culture empowering ideological and political education in colleges and universities, attention should be paid to arming college students' minds and souls with red theories, arousing their emotional resonance through red resources, strengthening their ideals and beliefs with red history, and shaping their political convictions with red spirits.

Keywords: red culture; colleges and universities; ideological and political education

高校是培养人才的摇篮,肩负着培养社会主义事业接班人的重任。高校思想政治教育能否取得切实成效、实现创新发展攸关党的执政基础是否稳固、社会主义建设是否后继有人。如何引导青年学生听党话、跟党走直接关系到当代中国高等教育“为谁培养人”的根本问题。在经济全球化与产业变革深化的大背景下,新技术与新媒体的双重冲击,使得大学生群体的利益诉求愈发多元、思想观念加速分化,

高校思想政治教育面临的形势更为复杂严峻,亟须在教育方法、教育内容、教育媒介等方面夯实精进。习近平总书记强调:“红色是中国共产党、中华人民共和国最鲜亮的底色,要铭记光辉历史、传承红色基因”^[1]“要保护好、运用好红色资源,加强革命传统和爱国主义教育,发扬优良传统、赓续红色血脉”^[2]。红色文化是中国共产党辉煌奋斗历程的思想结晶和历史见证,如何以红色文化赋能思想政治教育发展,实

收稿日期:2024-07-05

基金项目:2021 年度安徽高校人文社会科学研究项目(SK2021A0944);2022 年度安徽高校人文社会科学研究项目(2022AH052490);2022 年安徽省高校人文社会科学研究课题(2022AH052493);2023 年安徽省质量工程项目(2023sdx200)

作者简介:李自芳,女,安徽六安人,六安职业技术学院讲师,硕士。研究方向:教育学、心理健康。

现教育方法、教育内容、教育媒介的良性变革, 扎实培养能担当重任的时代新人, 是值得高校深入研究的重要课题。

一、红色文化赋能高校思想政治教育的核心旨趣

以红色文化赋能高校思想政治教育就是要借助红色文化的影响力、感召力提升思想政治教育效能, 促进大学生认可思想政治教育内容, 引导大学生树立道路自信、理论自信、制度自信、文化自信。具体而言, 红色文化赋能思想政治教育的核心旨趣体现在以下三方面。

(一) 增进大学生对主流意识形态的认同

习近平总书记在2013年8月召开的全国宣传思想工作会议中指出“意识形态工作是党的一项极端重要的工作, 事关党的前途命运, 事关国家长治久安, 事关民族凝聚力和向心力”^[3]。增进大学生对主流意识形态的情感认同与实践体认, 是高校思想政治教育的固有职责与核心任务。红色文化与马克思主义有着深厚的历史与思想渊源, 红色文化发端于新民主主义革命时期, 诞生于马克思主义中国化伊始的时代背景下。红色文化的形成以马克思主义为思想内核, 是马克思主义基本原理与中国革命、建设、改革实践相结合的文化产物。学习红色文化有利于强化大学生对主流意识形态的认同。以红色文化赋能高校思想政治教育, 就是要借助红色文化教育实现对大学生的意识形态教化, 就是要用显性的红色物质文化和隐性的红色精神传承提升大学生对马克思主义的理解力与认同度。

(二) 坚定大学生拥护中国共产党的决心

百年征程中, 中国人民在中国共产党的引领下, 先后实现了民族独立、人民解放与国家富强、人民幸福的历史性跨越, 完成了从“站起来”到“富起来”再到“强起来”的伟大飞跃, 擘画了中华民族伟大复兴中国梦的宏伟蓝图, 探索出一条通往民族复兴的中国特色社会主义正确道路。历史演进与实践检验反复印证, 坚持中国共产党的领导是保障人民安康、维护社会稳定、推动国家兴旺的根本前提, 必须始终坚持中国共产党的最高政治领导地位, 这是历史和人民的必然选择。

红色文化作为中国共产党百年奋斗历程中凝聚形成的先进文化形态, 既镌刻着中国共产党艰苦奋斗、攻坚克难的峥嵘岁月, 又深刻彰显了党的人民立

场与先进性本质, 是党史、新中国史、改革开放史、社会主义发展史的精神凝练与价值载体。将红色文化有机融入高校思想政治教育全过程, 核心在于依托红色理论滋养、红色历史浸润、红色资源赋能, 淬炼大学生深厚的爱党爱国情怀, 深化其对党的理论认同、政治认同、情感认同, 增进对党的性质宗旨、优良作风、价值追求的深刻认知。通过红色文化的浸润式教育, 引导大学生自觉提升政治判断力、政治领悟力、政治执行力, 破除认知误区、筑牢思想根基, 从历史逻辑、理论逻辑、实践逻辑中深刻把握党的领导的必然性与优越性, 进而坚定对党绝对忠诚、对中国特色社会主义事业的坚定信念, 自觉将个人成长融入国家发展大局, 成为拥护中国共产党的领导、担当民族复兴大任的时代新人。

(三) 强化大学生对国家道路选择的自信

“实现中华民族伟大复兴, 道路是最根本的问题”^[4]。中国特色社会主义道路是中国人民在马克思主义指导和中国共产党领导下探索出来的、紧密贴合中国国情的正确道路。“这条道路符合中国实际、反映中国人民意愿、适应时代发展要求, 不仅走得对、走得通, 而且也一定能够走得稳、走得好”^[5]。红色文化历经百年, 完整记录了中国特色社会主义道路从萌芽到开辟、从诞生到完善的完整过程。红色文化教育的开展有助于大学生了解党和人民在道路选择过程中涉及的事件、人物、理论、方针。以红色文化赋能思想政治教育就是要引导大学生建立制度自信、“志不改、道不变”地坚定走社会主义道路, 为党的坚强领导、人民的幸福安康、社会的繁荣稳定、民族的伟大复兴贡献力量。

二、红色文化在高校思想政治教育中的功能发挥

作为一种鲜活的革命文化样态, 红色文化生动阐释了中国共产党人的精神面貌、道德理想和成长历程, 为高校思想政治教育提供了新的思路与素材。习近平总书记指出: “要自觉运用优秀传统文化、革命文化启智润心、培根铸魂”^[6]。红色文化在高校思想政治教育中的价值指向与功能发挥可从下述三个方面理解。

(一) 为强化思想政治教育实效性提供认知资源

实效性是衡量行为是否取得成效的标准。具体到高校思想政治教育中, 教育活动是否具有实效则取决于教育内容能否得到学生的认同。思想政治教

育的过程本质上是大学生对教育者提供的认知资源、认知信息进行分析、判断和验证的过程。大学生是否认同教育内容取决于他们能否对教育者提供的认知资源持积极、肯定的情感态度。红色文化是提升大学生教育认同的绝佳认知资源,这表现在两个方面:第一,红色文化是百年党史的思想凝结,有着其他文化难以比拟的理论优势;第二,红色文化意蕴深远、资源丰富、形态多样,能够灵活融入思想政治教育的不同场景与方方面面。此外,更重要的是,红色文化的渗透必然会强化大学生对中国共产党领导先进性、马克思主义指导思想科学性、中国特色社会主义制度优越性的认知,增进学生群体对“没有共产党就没有新中国”“马克思主义是历史与人民的选择”“中国特色社会主义道路是唯一正确的道路”的理解。

(二)为提升思想政治教育说服力提供历史论据

在思想政治教育领域,说服力特指教育者运用科学有效的教育手段,对受教育者的态度、观点产生正向引导与深刻影响的能力。说服力的强弱直接关系到思想政治教育能否获得学生认同,进而对其思想认知、行为选择产生积极导向作用。红色文化,尤其是红色历史,是提升高校思想政治教育说服力的重要论据支撑。

历史本身作为珍贵的参照资源,为个体认知建构提供了重要依托,个体正是借助历史的视角,完成自我认知的塑造与差异化身份的界定,而这种认知与身份界定,又成为影响其政治评价取向的关键因素。对于高校思想政治教育而言,发端于中国共产党革命、建设与改革奋斗历程的红色历史,既是“最具说服力的教科书”,也是滋养初心使命的“最好的营养剂”。它不仅真实镌刻了中国共产党百年奋斗的辉煌历程与实践成就,更深刻彰显了党的精神品格与价值追求,能够有力驳斥历史虚无主义对主流意识形态、国家发展道路选择的歪曲与质疑。恰当运用红色历史资源,精准还原历史本真面貌,不仅能为高校思想政治教育提供坚实的事实支撑以增强说服力,更能引导大学生深刻把握历史规律、认清历史趋势、坚定历史自信、走好历史必由之路,实现思想层面的自觉认同与行动层面的主动践行。

(三)为增进思想政治教育感染力提供情感动力

情感是认同产生的心理基础,高校思想政治教育内容能否赢得学生认可,关键要看学生是否在教育过程中产生了正向的情感反应。这要求高校思想

政治教育以科学的方法、适切的媒介提升自身情绪感染力,激发学生积极情感、引导学生政治行为。红色文化是无数革命先烈用生命与热血浇灌而成的文化丰碑,蕴含着丰富、多样的情感元素。不论是甘于奉献的集体主义情感、不畏艰险的英雄主义情感,还是真理至上的理想主义情感、宁折不屈的革命乐观主义情感,都能够为学生的成长提供情感动力和心灵启迪。通过在理论探讨、历史学习、实践探索中引入红色文化,高校思想政治教育能够有效唤醒学生群体中的红色记忆,激发学生爱党爱国、精诚奉献、缅怀历史、致敬先烈的情感共鸣。情感的共鸣和思想的共振将极大地提升思想政治教育在学生群体中的感召力,让教育内容中传达的理论观点和意识形态更能够被学生所接受,这是学生形成稳定政治信仰的基础。

三、红色文化赋能高校思想政治教育的实践进阶

高校思想政治教育的目标是引导大学生形成坚定、稳固的政治认同。这种政治认同的形成离不开适切的教育媒介和高质量的教育内容。红色文化意义深远、内涵丰富,高校要善用红色文化深刻的理论、多样的资源、独特的历史视角和强大的精神感召力开辟思想政治教育新路径。

(一)丰富理论供给,加快理论创新

共同的理论认知是群体政治共识和社会和谐统一的前提。高校思想政治教育的一项重要工作就是以“展现事物本质的”理论说服大学生,为大学生掌握学理基础、实现由认知到认同再到信仰的转变提供服务。对身负民族复兴重任的当代中国青年而言,理论认知指的是对马克思主义的了解,它要求大学生首先实现“理论上的清醒”,学好党的理论、领会党的思想,深刻理解马克思主义,在以此为基础做到政治与理想信念上的坚定。红色文化与马克思主义同向同行,红色理论是马克思主义思想在中国社会语境下的重要理论表达,是武装大学生头脑的核心载体。以红色理论筑牢思想根基,需从三方面发力:

其一,加强红色理论供给。一方面,要强化高校党史党建学科和马克思主义学院建设,夯实红色理论的学科与人才基础,保障理论教学的专业性和理论本身的科学性。另一方面,要充分发挥高校的人才优势强化对大学生的理论滋养。具体而言,要系统发掘红色理论资源,构建科学的红色理论阐释框

架与解读体系,在此基础上产出更多兼具理论深度与实践价值的研究成果。

其二,加快理论创新。以深入了解学生需要、全面分析时代痛点为前提促进红色理论的发展革新。同时,借助党团培训、学术研讨、理论讲座等高校活动宣传新的红色理论成果,以红色故事、人物为注脚诠释新理论,强化理论的微观化、生活化特性,提升理论服务受众、解释现实的能力,增强大学生学习和使用红色理论的内在动力。

其三,提升大学生的理论吸收效率。一方面,理论的灌输必须尊重学生的认知规律、立足于学生的兴趣爱好和所思所想。另一方面,要创新理论教育载体,在灵活运用课外实践、线下教学、仪式规训等传统理论宣传方式的同时积极推动新技术、新媒体的应用。

(二)树立红色榜样,善用红色场馆

情感是态度、行为生成和固化的推动力,深厚的情感意味着稳定的态度和具有高度一贯性的行为。高校思想政治教育要注意对大学生施加正向的情绪引导,以此强化学生对教育内容的认可与信赖。红色文化具有丰富的思想政治教育资源,其中的红色人物和红色场馆是能够有效激发学生情感共鸣的重要文化元素。

其一,加强对英雄先烈的宣传,为大学生树立起红色榜样。首先,引导大学生全面认识英雄先烈,不仅要宣扬英雄先烈的民族气节、家国情怀,也要让大学生看到他们作为普通人真实性情的一面。其次,转变红色人物宣传的叙事方式,用微观、接地气的手法对英雄事迹的细节进行叙事,以小见大,触动学生情感,发挥红色人物对大学生的行为指导和精神引领作用,引导大学生自觉铸就红色品格。最后,发挥好红色人物的软性教化功能,重点凝练红色人物的品德、信念和价值观,以价值分享带动情感激发、以文化滋养唤醒真情实感。

其二,善用红色场馆,丰富大学生的红色文化学习情境。一是积极开发校内红色资源,比如举办纪念重要红色事件的实物展览、构建以党史为线索的校园红色景观、开展虚实结合及线上线下同步的红色文化“云”展览。二是做好社会红色场馆的开发与利用,加强校社联合,借助社会力量扩大红色实践教学体系,以共创、共享育人平台的方式提升社会红色场馆的影响力与利用率。三是推动红色资源利用的

现代化,主动使用新媒体、引入新技术,促进红色场馆内容输出的时代感。四是紧密贴合青年学生的关注热点、审美偏好、语言习惯,善用音频、视频、文字、图片等多样化的表达方式以及AR、VR、大数据、人工智能等先进技术提升红色场馆的感官激发能力,让历史鲜活起来、让人物饱满起来,不断强化红色场馆带给大学生的感官冲击和思想震撼,为大学生创造难以忘怀的红色文化学习体验。

(三)增进历史认知,厚植家国情怀

“理想信念是事业和人生的灯塔,决定我们的方向和立场,也决定我们的言论和行动”^[7]。作为一种稳定的行为取向,理想信念是个体抵制诱惑的力量源泉、经受考验的精神基础。思想政治教育的一项重要任务就是引导大学生树立正确的理想信念,增骨气、长志气,为民族复兴伟业终生奋斗。红色历史记录了党的奋斗历程和宝贵经验,思想政治教育要善用红色历史、突出以史育人,让党的奋斗历史成为大学生用之不竭的精神养料。

一要积极开展沉浸式历史教育。可组织学生参与红色调研、红色参观活动,也可以借重走红色足迹、学习红色经典来还原红色历史、激发共同记忆。借助丰富的历史场景、鲜活的历史情节,大学生能够更好地总结历史发展规律、把握历史发展动向,从而建立起传承红色基因、开辟美好未来的历史自信。二要促进红色历史在高校思想政治教育中的全方位渗透。通过线下课堂、线上教学、实践教学、微课、慕课构建立体化“大思政”教育模式并将红色历史有机融入其中,引导大学生深入理解党的历史使命、历史成就,厚植爱国情怀。三要有意识地回击历史虚无主义对大学生的思想消解。通过厘清历史发展逻辑总结“中国共产党为什么一定行”“社会主义为什么会成功”等问题,不断强化学生群体的历史认同和道路自信。四要围绕红色历史积极研发文化教育产品。一方面,建设一批质量高、应用性强的红色舞台剧、精品课,引导大学生感受红色历史中包含的坚定信仰和革命意志;另一方面,定期组织“红色视频大家拍”、红色历史问答竞赛等活动,让学生在生活化、竞技性的活动中激发忠诚担当,自内而外地生发出对红色历史的深厚情感。

(四)加强红色实践,赓续红色基因

“人民有信仰,国家有力量,民族有希望”“信仰、信念、信心,任何时候都至关重要”^[8]。信仰是认同的

升华,政治信仰是政治行为的精神支柱和价值坐标。作为一种系统、长期、复杂的教育实践,思想政治教育在效果上呈现出周期性循环,学生对教育内容的认同会伴随循环的客观存在发生变化。在这个过程中,高校要注意发挥红色精神塑造人、启发人的作用,以红色精神激励和固化学生的政治认同,引导学生将政治认同升华为坚定的政治信仰。一要挖掘红色精神的时代内涵。具体来说,要深入了解大学生思维特点,坚持问题导向、把握实践要求,持续产出与大学精神世界相契合的教育内容,拉近红色精神与大学生实际生活的距离,避免红色精神的“空壳化”。二要加强红色实践,增进学生对红色理论、红色历史的体认,引导大学生在实践中感悟红色精神的时代价值及其对自身发展成长的指导意义。比如,高校可以在暑假开展以“赓续红色基因,重走红色道路”为主题的大学生革命老区实地调研活动,组织学生体验老区生活、观察老区面貌、畅想老区未来。通过对老区的实地走访、对老区生活的亲身参与以及和老区民众间的深入对话,大学生会更加深切地体会到红色精神对人的理想、志向和面貌的塑造作用。在理论与实践的碰撞中,大学生更容易发生从认知到情感、从情感到理性、从理性到信仰的转变,坚定传承红色精神、报效家国人民的决心。

四、结语

红色文化立意高远、内涵丰富,是能够切实提升高校思想政治教育成效的优质教育资源。当前,高校思想政治教育对红色文化的理论探索和实践应用

都取得了丰硕成果,为新时代高等教育立德树人工作的落实提供了扎实借鉴。值得注意的是,党领导的中国特色社会主义建设正在如火如荼地展开,红色文化的内涵还在不断丰富与深化。高校在融合红色文化与思想政治教育的过程中要把握好红色文化常用常新的特质,以推动红色文化的时代化为抓手提升思想政治教育效能,为思想政治教育提供更多赋能点。

参考文献:

- [1]马勇,洪晓畅.红色诗歌融入大学生思想政治教育的优势与实践路径[J].学校党建与思想教育,2024(4):44-46.
- [2]王铁柱.红色文艺资源赋能新时代高校思想政治教育的路径探究[J].湖北社会科学,2024(2):47-53.
- [3]程鑫,李红光,陈骊骊.红色文献的思想政治教育价值及实现路径探讨——以中国人民大学图书馆馆藏红色文献为视角[J].思想教育研究,2023(1):139-143.
- [4]刘建明.红色文化一体化育人模式的构建——兼论高校思想政治教育的创新[J/OL].中南民族大学学报(人文社会科学版).<https://doi.org/10.19898/j.cnki.42-1704/C.20231017.02>.
- [5]刘晓华.红色文化资源融入高校思想政治教育信息化发展路径探析[J].思想教育研究,2023(8):102-106.
- [6]巩君慧.西藏红色档案资源融入高校思想政治教育的价值意蕴和实践路径[J].西藏民族大学学报(哲学社会科学版),2023,44(4):105-110.
- [7]许桂芳.新时代红色基因融入高校思想政治教育的理论逻辑与推进策略[J].教育理论与实践,2023,43(15):26-29.
- [8]程鑫,李红光,陈骊骊.红色文献的思想政治教育价值及实现路径探讨——以中国人民大学图书馆馆藏红色文献为视角[J].思想教育研究,2023(1):139-143.

(责任编辑:罗智文)

(上接 148 页) 创造出一个涵盖多个温度变化问题的集合,展示他们的合作成果。

总之,以“协商”的方式进行数学提问方式的转变,可以有效改善以往教师“独决”式提问,学生学习效率不高的问题的发生频率。以儿童视角点亮问题,使儿童基于最初的好奇,将散落的疑问变成什么思考的问题,通过和教师进行“协商”可以促进问题的延续,在不断发现、提出、分析和解决问题的过程中引领学生数学思维的不断发展。

参考文献:

- [1]中华人民共和国教育部.义务教育数学课程标准(2022年版)[M].北京:北京师范大学出版社,2022.
- [2]王一雯.小学协商学习蕴含的文化特质[J].教学与管理,2016

(5):1-3.

- [3]赵彦静.创设情境用数学的眼光看世界[J].中国教育学刊,2018(S2):137-138.
- [4]吴正宪,张丹.让儿童在问题中学数学[M].北京:教育科学出版社,2017.
- [5]史宁中,曹一鸣.义务教育数学课程标准(2022年版)解读[M].北京:北京师范大学出版社,2022.
- [6]Wilber,K.Integral Psychology (Collected Works of KenWilber, Vol.4)[C].Boston Mass Shambhala,2004.256.
- [7]丁祥芝,吴京霖,田俊康.基于数学“情境—问题”教学模式的教学设计——以“不等式及其解集”为例[J].遵义师范学院学报,2023,25(1):138-140.
- [8]张世仙,罗宿星,伍远辉,等.高考化学开放性试题分析及教学建议[J].遵义师范学院学报,2012,14(5):120-123.

(责任编辑:罗东升)