



Hubungan mikrobiota pada usus ikan mas dengan fisiologi pencernaan ikan: Pendekatan meta analisis

Relationship between microbiota in the goldfish gut and fish digestive physiology: A meta-analysis approach

Received: 19 June 2024, Revised: 22 November 2024, Accepted: 26 November 2024
DOI: 10.29103/aa.v1i1.16753

Evifa Lutfiah Sya'bani Choirunisa^{a*}, Kayla Fatimah Zulfah^a, Adinda Zhafarah Fathiyah^a, Rusdi^a, dan Elsa Lisanti^a

^a Biology Education Study Program, Faculty of Mathematics and Natural Science, State University of Jakarta, Jl. R.Mangun Muka Raya No.11, RT.11/RW.14, Rawamangun, Kec. Pulo Gadung, Kota Jakarta Timur, Daerah Khusus Ibukota Jakarta 13220

Abstrak

Mikrobiota dalam usus ikan diketahui berhubungan dengan tingkat kesehatan ikan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan dari mikrobiota pada usus ikan dengan fisiologis pencernaan ikan. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah meta-analisis dengan cara mengumpulkan sumber artikel atau jurnal yang relevan dengan topik penelitian. Data penelitian merupakan data sekunder yang didapat dari proses analisis artikel atau jurnal yang telah didapat. Hasil analisis menunjukkan bahwa jenis mikrobiota tidak berbeda secara signifikan, tetapi jumlah mikrobiota akan berbeda secara signifikan pada setiap spesies ikan. Tidak adanya perbedaan disebabkan pada penelitian ini hanya diambil data dari jenis mikrobiota yang dominan pada setiap jenis ikan, sementara perbedaan jumlah mikrobiota disebabkan karena perbedaan kondisi lingkungan, kebiasaan makan, kesehatan ikan, jenis ikan, dan usia ikan. Beberapa jenis mikrobiota yang menjadi dominan dan akan umum ditemukan pada berbagai jenis ikan adalah Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, dan Proteobacteria. Kehadiran dari masing-masing jenis mikrobiota akan memberikan dampak dan fungsi yang berbeda-beda bagi inang.

Kata kunci: Fisiologi Pencernaan; Ikan Mas; Mikrobiota Usus

Abstract

The fish intestinal microbiota is associated with the fish's health status. This study aims to determine the relationship of the fish intestinal microbiota with the fish's physiological digestion. Methods used in this study are meta-analysis by collecting sources of relevant articles or journals with the research topic. The data is secondary data obtained from the process of analyzing articles or journals that have been obtained. The results showed that the type of microbiota is not different in each species of fish but the number of microbiota is different in each species of fish. The absence of differences is because this study only takes data from the dominant types of microbiota in each fish species, while differences in the number of microbiota are due to differences in environmental conditions, eating habits, fish health, fish species, and fish age. Some types of microbiota that become dominant and will be commonly found in various types of fish are Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, and Proteobacteria. The presence of each type of microbiota will have different impacts and functions for the host. Keywords: Turtle, Rainfall, Wind Speed, Wave Height.

Keyword: Digestive Physiology; Goldfish; Intestine Microbiota

1. Introduction

Ikan merupakan hewan air yang bersifat poikiloterm (Uma, et al., 2020). Lebih dari setengah jumlah spesies dari kelompok hewan vertebrata merupakan kelompok ikan (Johny et al., 2021) dengan ekologi yang beragam sehingga memiliki ciri saluran usus yang juga berbeda (Ofek et al., 2021). Sebagian besar kelompok ikan yang hidup saat ini memiliki mikrobiota

usus yang kompleks untuk menentukan ciri imunologis dan fisiologisnya (Ofek et al., 2021). Mikrobiota merupakan kelompok makhluk hidup yang terdiri atas jenis archaea, bakteri, jamur dan protista. Mikrobiota air memerankan berbagai peran biologis dan juga sebagai sumber mikrobiota bagi hewan inang termasuk ikan dan mamalia air (Krotman et al., 2020).

Selayaknya bagaimana vertebrata herbivora pada umumnya, ikan juga melakukan simbiosis mutualisme dengan mikroorganisme usus untuk mendapatkan nutrisi dari sumber makanannya berupa alga (Pardesi et al., 2022). Mikroorganisme yang terdapat pada usus ikan diketahui memiliki hubungan terhadap status kesehatan ikan. Keseimbangan mikroorganisme pada usus dapat mendorong kesehatan bagi organisme air

* Korespondensi: Biology Education Study Program, Faculty of Mathematics and Natural Science, State University of Jakarta, Jl. R.Mangun Muka Raya No.11, RT.11/RW.14, Rawamangun, Kec. Pulo Gadung, Kota Jakarta Timur, Daerah Khusus Ibukota Jakarta 13220
Tel: +62895327492597.
e-mail: evifa2004@gmail.com

tersebut (Ma et al., 2022). Mikrobiota usus pada ikan berperan dalam penyerapan nutrisi, perkembangan, kekebalan, ketahanan ikan akan stres (Niu et al., 2020), homeostasis, fisiologis (Perry et al., 2020), endokrin dan neuromodulasi serta proliferasi enterosit (Yukgehnaish et al., 2020). Selain interaksinya dengan ikan sebagai inang, mikrobiota yang hidup bebas juga berperan dalam proses ekologi lingkungan (Sehna et al., 2021).

Usus ikan dan mikrobiota telah memiliki hubungan yang cukup erat, usus ikan menyediakan tempat bagi kelompok mikroba untuk melakukan perlekatan, kolonisasi, dan proliferasi yang memiliki fungsi baik pada imunologis dan fisiologis ikan (Luan et al., 2023). Ukuran ikan juga dapat dikaitkan dengan komposisi dari mikrobiota usus yang terdapat di dalam tubuhnya (Gadoin et al., 2021). Mikrobiota usus ikan dapat dipengaruhi oleh beberapa hal, diantaranya adalah pola makan, tingkat kesehatan, proses adaptasi, sistem pemeliharaan (Perry et al., 2020), musim, genetika inang, serta tahap perkembangan. Faktor lingkungan yang telah disebutkan sebelumnya dapat berpengaruh terhadap komposisi dan struktur mikroorganisme yang ada di usus ikan (Kim, 2021). Adanya perubahan komposisi serta struktur mikroorganisme dapat menyebabkan perubahan keadaan fisiologis dan imunitas ikan. Apabila komposisi mikrobiota usus pada ikan tidak seimbang, maka ikan mudah terinfeksi oleh bakteri dan patogen lainnya (Sun et al., 2021).

Mikrobiota usus ikan yang dominan diantaranya adalah Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes (Cui et al., 2022), dan aktinobakteri yang mana komposisi ini jauh berbeda dengan mikrobiota yang umumnya pada usus mamalia (Luo et al., 2021). Penelitian lain menunjukkan *Proteus*, *Bacteroides*, *Verrucous* merupakan mikrobiota yang umum ditemukan pada juvenile ikan mas. Pada tahap telur juga ditemukan mikrobiota yaitu proteobakteri yang ada dalam usus ikan. Proteobakteri juga ditemukan pada semua tahap pertumbuhan ikan bersama mikrobiota lainnya yaitu *Bacteroides* dan *Actinomycetes* (Lindsay, 2020).

Ikan mas merupakan spesies ikan hias air tawar (Lu et al., 2020) yang termasuk famili Cyprinidae. Banyak dibudidayakan sebab memiliki daya adaptasi yang tinggi dan daya tahan tubuh yang kuat (Wang et al., 2022). Dalam famili Cyprinidae, ikan mas akan dibagi menjadi beberapa spesies diantaranya adalah ikan mas bighead (*Hypophthalmichthys nobilis*), ikan mas labeo (*Labeo rohita*), ikan mas grass (*Ctenopharyngodon idella*), ikan mas crucian (*Carassius carassius*), Ikan mas koi (*Cyprinus carpio*) dan contoh lain dari genus *Cyprinus* yaitu ada *Cyprinus catla* dan *Cyprinus mrigala* (Luo et al., 2021). Ikan mas merupakan ikan yang terdaftar di antara yang paling banyak diimpor dan dijadikan peliharaan. Usus pada ikan sendiri telah tersegmentasi sejak lama menjadi 3 bagian, yaitu anterior, tengah, dan posterior (Han et al., 2021).

2. Materials and Methods

Survei literatur ini dilakukan pada bulan April 2024 dengan menggunakan metode meta analisis. Metode meta analisis yaitu metode penelitian yang dilakukan dengan melakukan pencarian jurnal atau artikel yang relevan dengan topik penelitian yaitu mikrobiota usus ikan dan fisiologi pencernaan ikan. Pencarian sumber dilakukan melalui situs web pencarian jurnal seperti google scholar, PubMed, dan Elsevier. Pencarian jurnal dan artikel relevan dilakukan dengan memasukkan kata kunci mikrobiota pada usus yang sesuai dengan topik penelitian.

Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data sekunder hasil ekstraksi dari jurnal dan artikel yang didapat dan telah diseleksi untuk mencari yang paling relevan. Kumpulan jurnal yang telah didapatkan sebelumnya dilakukan seleksi untuk mendapatkan jurnal yang paling relevan dengan penelitian yang

didasarkan pada metode dan hasil penelitian yang tertera pada abstrak dan selanjutnya dilakukan ekstraksi. Data yang berhasil dikumpulkan selanjutnya dilakukan analisis secara kuantitatif dengan melakukan uji beda menggunakan paired simple t test untuk mengetahui perbedaan spesies ikan terhadap perbedaan jenis dan jumlah mikrobiota pada bagian usus ikan.

Setelah itu, dilakukan perhitungan terhadap effect size dari masing-masing artikel yang digunakan dalam penelitian ini. Effect size merupakan hasil perhitungan dan pengukuran efek. Pengukuran ini dilakukan dengan menggunakan rumus Glass, yaitu:

$$ES = \frac{\bar{X}_e - \bar{X}_c}{S_c}$$

Dimana: ES = Effect Size

\bar{X}_e = Nilai rata-rata kelompok eksperimen

\bar{X}_c = Nilai rata-rata kelompok kontrol

S_c = Standar Deviasi

Hasil pengukuran ES selanjutnya dikategorikan berdasarkan besarnya. Pembagian kategori besaran ES dibagi menjadi:

Tabel 1

Tabel kriteria effect size (Glass et al., 1981)

Effect Size	Deskripsi
Effect size $\leq 0,15$	Efek dapat diabaikan
$0,15 < \text{effect size} \leq 0,40$	Efek rendah
$0,40 < \text{effect size} \leq 0,75$	Efek sedang
$0,75 < \text{effect size} \leq 1,10$	Efek tinggi
$1,10 < \text{effect size} \leq 1,45$	Efek sangat tinggi
$1,45 < \text{effect size}$	Berpengaruh sangat tinggi

3. Results and Discussion

Tabel 2

Tabel analisis mikroflora usus *Cyprinus carpio* pada tingkat filum (Sun et al., 2021)

Filum	Kelimpahan (%)
Proteobacteria	47,3
Fusobacteria	20,07
Bacteroidetes	18,59
Firmicutes	10,006
Lentisphaerae	2,71

Tabel 3

Tabel analisis mikroflora usus *Labeo rohita*, *Cyprinus catla*, & *Cyprinus mrigala* pada tingkat filum (Mukherjee et al., 2020)

Filum	Kelimpahan (%)		
	<i>L. rohita</i>	<i>C. catla</i>	<i>C. mrigala</i>
Actinobacteria	28,4	17,8	33,6
Bacteroidetes	18,85	5,85	17,65
Cyanobacteria	1,385	2,55	1,445
Firmicutes	17,25	20,75	31,6
Fusobacteria	0,41	1,8	0,91
Planctomycetes	1,72	4,3	2,45
Proteobacteria	24,25	40,35	14,55
Thermi	3,1	3,6	2,55
Tenericutes	0,14	0,9	5,3

Tabel 4

Tabel analisis mikroflora usus *Xenocypris davidi* pada tingkat filum (Tang et al., 2023)

Filum	Kelimpahan (%)
<i>Verrucomicrobiales</i>	8,3
Proteobacteria	22,3
Fusobacteria	5,7

Actinobacteria	16
Firmicutes	6,5

Tabel 5Tabel analisis mikroflora usus *Tor tambroides* pada tingkat filum (Lau et al., 2022)

Filum	Kelimpahan (%)
Proteobacteria	87,397
Fusobacteria	5,511
Bacteroidetes	2,844
Firmicutes	2,235

Tabel 6

Tabel hasil uji statistik hubungan antar variabel

Variabel	Nilai p
Spesies Ikan*Filum Mikrobiota	0,987
Spesies Ikan*Kelimpahan Mikrobiota	0,007

Tabel 7

Hasil perhitungan effect size

Artikel	Effect Size	Kategori
Artikel 1 (Tabel 2)	1,17	Efek sangat tinggi
Artikel 2 (Tabel 3)	0,90	Efek tinggi
Artikel 3 (Tabel 4)	1,64	Berpengaruh sangat tinggi
Artikel 4 (Tabel 5)	0,58	Efek sedang
Rata-rata	1,07	Efek tinggi

Berdasarkan pada tabel analisis diketahui terdapat beberapa filum mikroorganisme yang dominan dan ditemukan pada seluruh sampel penelitian, yaitu Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, dan Proteobacteria. Persamaan ini menjadikan tidak adanya perbedaan rata-rata dari jenis mikrobiota yang ditemukan pada setiap jenis ikan. Actinobacteria sendiri termasuk sebagai mikrobakteria yang menghuni ekosistem tanah dan air dan memiliki fungsi dalam siklus biogeokimia, bioremediasi, dan produksi bakteriosin serta antibiotik (Ghosh et al., 2023). Beberapa anggota Actinobacteria juga menghasilkan beberapa enzim hidrolitik yang berbeda-beda, misalnya amilase, protease, dan lipase untuk memecah bahan organik kompleks yang sulit larut (Hernández-Saldaña, 2020). Banyaknya fungsi yang dimiliki Actinobacteria ini menjadikannya sebagai kandidat mikrobiota yang kompeten untuk dimanfaatkan dalam kepentingan industri akuakultur (James et al., 2023) karena kemampuannya dalam sekresi eksoenzim guna mencerna makanan (Balagurunathan et al., 2020).

Filum Proteobacteria terlibat dalam metabolisme nutrisi pada ikan dan dominan terdapat pada sebagian besar usus hewan air. Filum ini berperan penting dalam siklus karbon, nitrogen, dan sulfur. Sementara itu, filum Firmicutes berperan dalam metabolisme lipid dan menghasilkan enzim pencernaan, serta meningkatkan metabolisme inang (Pingle and Khandagle, 2023). Bacteroidetes merupakan filum mikrobiota yang memiliki fungsi hampir sama seperti Firmicutes dalam melakukan metabolisme karbohidrat. Diketahui, kehadiran Proteobacteria, Firmicutes, dan Bacteroidetes secara bersama-sama telah berkontribusi terhadap $\pm 90\%$ dari total mikrobiota pada usus ikan (Pardesi et al., 2022).

Selain itu, pada ikan air tawar juga terdapat kelimpahan Fusobacteria yang tinggi sehingga menjadi salah satu filum yang dominan. Fusobacteria merupakan jenis mikrobiota usus yang berfungsi sebagai mikrobiota sementara dan jumlahnya akan berkurang seiring dengan pendewasaan ikan. Beberapa anggota Fusobacteria diketahui mampu menghambat pertumbuhan bakteri patogen dan menghasilkan vitamin B12 dan sangat responsif pada keadaan hipotonik inang. Hal ini menunjukkan sifat dari Fusobacteria yang responsif akan kondisi osmotik inang

dan akan memungkinkan dapat membantu inang dalam menghadapi stres osmotik (Lai et al., 2020).

Berdasarkan hasil uji statistik, diketahui bahwa spesies ikan berpengaruh terhadap beda jenis filum mikrobiota yang ditemukan dan signifikan terhadap kelimpahannya. Hal ini menunjukkan bahwa pada spesies ikan yang berbeda bisa terjadi perbedaan jenis mikrobiota usus yang ditemukan dan jumlahnya. Hal ini dikarenakan mikrobiota yang ditemukan pada usus ikan merupakan hasil representasi dari lingkungan tempat hidupnya atau makanan yang dikonsumsi (Uma et al., 2020). Hal ini juga didukung dengan pernyataan yang menyebutkan bahwa lingkungan tumbuh dan pola makan merupakan dua dari banyaknya faktor yang mempengaruhi mikrobiota dengan mengubah kelimpahan relatifnya (Dulski et al., 2020).

Usus merupakan tempat utama dalam kegiatan penyerapan nutrisi dan juga berperan dalam pertahanan dan kekebalan tubuh. Usus ikan sendiri merupakan suatu ekosistem yang kompleks dan terdapat banyak mikroorganisme yang hidup di dalamnya. Mikroorganisme usus ini membantu inangnya dalam kesehatan dan fisiologis tubuh sebab dapat memberikan zat-zat penting untuk aktivitas seperti enzim, asam amino, dan vitamin (Sun et al., 2021). Usus pada hewan akuatik tidak memiliki kekebalan yang sama selayaknya mamalia, sehingga kekebalan usus ikan akan sangat bergantung pada pelindung usus juga struktur yang disebut jaringan limfoid yang berkembang karena pengaruh dari mikroba usus, begitu juga sebaliknya nutrisi inang juga akan berpengaruh terhadap mikrobiota usus (Dawood, 2020).

Mikroba usus berinteraksi dengan sistem imun tubuh ikan dan membantu dalam pengaturan penyimpanan lemak, namun peran yang paling utama adalah dalam hal memasok nutrisi ke inang melalui pencernaan. Dengan demikian mikrobiota usus berpengaruh terhadap efisiensi asimilasi makanan inang, konsumsi energi, dan laju metabolisme (Lindsay et al., 2020).

Aktivitas mikrobiota yang terjadi sepanjang hari juga dapat menyebabkan adanya perubahan pada sistem sirkadian, epigenetik, dan metabolit pada ikan. Ketika terjadi perubahan pada ritme homeostasis, maka komunitas mikrobiota juga akan terganggu menyebabkan tingkat kromatin normal dan ekspresi gen inang akan mengalami variasi, dan mekanisme ekspresi gen baru dalam sumbu usus-hati genom akan diaktifkan. Selain itu, flora usus juga dapat mempengaruhi morfologi usus dengan mempengaruhi jarak sel, kecepatan pembaruan sel epitel, dan komposisi berbagai jenis sel dalam epitel (Su et al., 2021).

Selain itu, berdasarkan hasil perhitungan effect size menunjukkan bahwa 3 dari 4 artikel yang digunakan dalam penelitian ini menunjukkan kriteria efek yang tinggi (artikel 2), efek sangat tinggi (artikel 1) dan berpengaruh sangat tinggi (artikel 3). Sementara itu artikel 4 menunjukkan hasil perhitungan effect size yang berada pada kategori sedang. Hal ini menunjukkan bahwa artikel 1, 2 dan 3 menunjukkan adanya efek tinggi hingga pengaruh yang sangat tinggi dari adanya mikroba usus ikan dengan fisiologi pencernaan ikan. Sementara artikel 4 menunjukkan adanya pengaruh sedang pada keberadaan mikroba usus ikan dengan fisiologi pencernaan ikan. Hasil perhitungan ini memiliki hubungan dengan jumlah mikroba yang dapat ditemukan dalam usus ikan mas. Dimana artikel 4 menunjukkan keberadaan filum mikroba yang jauh lebih sedikit, hal ini juga berpengaruh dengan kesehatan dan fisiologis pencernaan ikan.

4. Conclusion

Berdasarkan pada hasil analisis yang telah dilakukan dapat disimpulkan bahwa sama seperti kelompok mamalia, organisme air juga memiliki mikroorganisme dalam ususnya,

termasuk pada ikan mas. Diketahui jenis mikrobiota tidak berbeda secara signifikan, tetapi jumlah mikrobiota akan berbeda secara signifikan pada setiap spesies ikan. Tidak adanya perbedaan disebabkan pada penelitian ini hanya diambil data dari jenis mikrobiota yang dominan pada setiap jenis ikan, sementara perbedaan jumlah mikrobiota disebabkan karena perbedaan kondisi lingkungan, kebiasaan makan, kesehatan ikan, jenis ikan, dan usia ikan. Beberapa jenis mikrobiota yang menjadi dominan dan akan umum ditemukan pada berbagai jenis ikan adalah Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Fusobacteria, dan Proteobacteria. Kehadiran dari masing-masing jenis mikrobiota akan memberikan dampak dan fungsi yang berbeda-beda bagi inang.

Acknowledgement

Penulis mengucapkan terima kasih kepada dosen pembimbing Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Padjadjaran yang telah membantu dalam penulisan artikel ini.

Bibliography

- Balagurunathan, R., Radhakrishnan, M., Shanmugasundaram, T., Gopikrishnan, V., and Jerrine, J. 2020. *Evaluation of Actinobacteria for aquaculture applications: Protocols in Actinobacterial Research*. New York: Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0728-2_11
- Cui, X., Zhang, Q., Zhang, Q., Zhang, Y., Chen, H., Liu, G., and Zhu, L. 2022. Research progress of the gut microbiome in hybrid fish. *Microorganism*, 10(5): 1-13. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050891>
- Dawood, M.A.O. 2020. Nutritional immunity of fish intestines: important insights for sustainable aquaculture. *Reviews in Aquaculture*, 13(1): 642-663. <https://doi.org/10.1111/raq.12492>
- Dulski, T., Kazłowski, K., and Ciesielski, S. 2020. Habitat and seasonality shape the structure of tench (*Tinca tinca* L.) gut microbiome. *Scientific Reports*, 10(4460): 1-11. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61351-1>
- Gadoin, E., Durand, L., Guillou, A., Crochemore, S., Bouvier, T., Roque, E., Dagorn, L., Auguet, J.C., Adingra, A., Desnues, C., and Bettarel, Y. 2021. Does the composition of the gut bacteriome change during the growth of tuna? *Microorganisms*, 9(6): 1-12. doi: 10.3390/microorganisms9061157
- Ghosh, K., Harikrishnan, R., Mukhopadhyay, A., and Ringo, E. 2023. Fungi and actinobacteria: alternative probiotics for sustainable aquaculture. *Fishes*, 8(12): <https://doi.org/10.3390/fishes8120575>
- Han, Z., Sun, J., Liu, X., Sun, X., Shi, H., and Guo, Y. 2021. The delimitation of intestine segments of koi carp (*Cyprinus carpio* var. koi) based on histological features. *Anatomia, Histologia, Embryologia*, 50(5): 763–769. doi:10.1111/ah.12722
- Hernández-Saldaña, O.F., Barboza-Corona, J.E., Bideshi, D.K., Casados-Vázquez, L.E. 2020. New bacteriocin-like substances produced by *Streptomyces* species with activity against pathogens. *Folia Microbiol*, 65: 669-678. <https://doi.org/10.1007/s12223-020-00770-z>
- James, G., Geetha, P.P., Puthiyedathu, S.T., Jayadradhan, R.K.V. 2023. Applications of actinobacteria in aquaculture: prospects and challenges. 3 *Biotech*, 13(42): 1-15. <https://doi.org/10.1007/s13205-023-03465-7>
- Johny T.K., Puthusseri R.M., Bhat S.G. 2021. A primer on metagenomics and next-generation sequencing in fish gut microbiome research. *Aquaculture Research*, 52(10): 4574–4600. doi: 10.1111/are.15373.
- Kim, P.S., Shin, N.R., Lee, J.B., Kim, M.S., Whon, T.W., Hyun, D.W., Yun, J.H., Jung, M.J., Kim, J.Y., and Bae, J.W. 2021. Host habitat is the major determinant of the gut microbiome of fish. *Microbiome*, 9(166): 1-15. doi: 10.1186/s40168-021-01113-x
- Krotman, Y., Yergaliyev, T. M., Alexander Shani, R., Avrahami, Y., & Szitenberg, A. 2020. Dissecting the factors shaping fish skin microbiomes in a heterogeneous inland water system. *Microbiome* 8(9): 1-15. doi: 10.1186/s40168-020-0784-5
- Lai, K.P., Lin, X., Tam, N., Ho, J.C.H., Wong, M.K., Gu, J., Chan, T.F., and Tse, W.K.F. 2020. Osmotic stress induces gut microbiota community shift in fish. *Environmental Microbiology*, 22(9): 3784-3802. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15150>
- Lau, M.M.L., Kho, C.J.Y., Lim, L.W.K., Sia, S.C., Chung, H.H., Lihan, S., and Apun, K. 2022. Microbiome analysis of gut bacterial communities of healthy and diseased Malaysian mahseer (*Tor tambroides*) using 16S rRNA metagenomics approach. *Malaysian Journal of Microbiology*, 18(2): 170-191. <http://dx.doi.org/10.21161/mjm.211329>
- Lindsay, E.C., Metcalfe, N.B., & Llewellyn, M.S. 2020. The potential role of the gut microbiota in shaping host energetics and metabolic rate. *Journal of Animal Ecology*, 89(11): 2415-2426. <https://doi.org/10.1111/1365-2656.13327>
- Luan, Y., Li, M., Zhou, W., Yao, Y., Yang, Y., Zhang, Z., Ringo, E., Olsen, R.E., Clarke, J.L., Xie, S., Mai, K., Ran, C., and Zhou, Z. 2023. The fish microbiota: research progress and potential applications. *Engineering*, 29: 137–46. doi: 10.1016/j.eng.2022.12.011
- Lu, G.Q., Wang, C.H., Zhao, J.L., Liao, X.L., Wang, J., Luo, M.K. 2020. Evolution and genetics of bighead and silver carps: native population conservation versus invasive species control. *Evolutionary Applications*, 13(6): 1351–1362. <https://doi.org/10.1111/eva.12982>
- Luo, M., An, R., Fu, J., Wan, S., Zhu, W., Wang, L., and Dong, Z. 2021. Comparative analysis of the gut microbiota in bighead carp under different culture patterns. *Journal of Applied Microbiology*, 132(2): 1357–1369. <https://doi.org/10.1111/jam.15248>.
- Ma, S., Yu, D., Liu, Q., Zhao, M., Xu, C., and Yu, J. 2022. Relationship between immune performance and the dominant intestinal microflora of turbot fed with different *Bacillus* species. *Aquaculture*, 549: 1-15. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.737625>

- Mukherjee, A., Rodiles, A., Merrifield, D.L., Chandra, G., and Ghosh, K. 2020. Exploring intestinal microbiome composition in three Indian major carps under polyculture system: A high-throughput sequencing based approach. *Aquaculture*, 524: 1-10. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735206>
- Niu, K.M., Lee, B.J., Kothari, D., Lee, W.D., Hur, S.W., Lim, S.G., Kim, K.W., Kim, K.D., Kim, N.N., and Kim, S.K. 2020. Dietary effect of low fish meal aquafeed on gut microbiota in olive flounder (*Paralichthys olivaceus*) at different growth stages. *Microbiology Open*, 9(3): 1-14. <https://doi.org/10.1002/mbo3.992>
- Ofek, T., Lizar, M., Laviad-Shitrit, S., Izhaki, I., and Halpern, M. 2021. Comparative study of intestinal microbiota composition of six edible fish species. *Frontiers of Microbiology*, 12: 1-9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.760266>
- Pardesi, B., Robertson, A.M., Lee, K.C., Angert, E.R., Rosendale, D.I., Boycheva, S., Putih, W.L., and Clements, K.D. 2022. Distinct microbiota composition and fermentation products indicate functional compartmentalization in the hindgut of a marine herbivorous fish. *Molecular Ecology*, 31(8): 2494-2509. <https://doi.org/10.1111/mec.16394>
- Perry, W.B., Lindsay, E., Payne, C.J., Brodie, C., and Kazlauskaitė, R. 2020. The role of the gut microbiome in sustainable teleost aquaculture. *Proceedings of the Royal Society B*, 287: 1-10. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2020.0184>
- Pingle, S.A., and Khandagle, A.J. 2023. A metagenomic analysis of gut microbiome phylogeny among four economically important carp species from wild and aquaculture farms. *Journal of Applied Biology & Biotechnology* 11(5): 105-111. DOI: 10.7324/JABB.2023.11512-1
- Sehnal, L., Brammer-Robbins, E., Wormington, A.M., Blaha, L., Bisesi, J., Larkin, I., Martyniuk, C.J., Simonin, M., and Adamovsky, O. 2021. Microbiome composition and function in aquatic vertebrates: small organisms making big impacts on aquatic animal health. *Frontiers in Microbiology*, 12: 1-12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.567408>
- Su, S., Jing, X., Zhang, C., Hou, Y., Li, Z., Yang, X., Zhou, X., Xu, P., Tang, Y., and Zhu, J. 2021. Interaction between the intestinal microbial community and transcriptome profile in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Frontiers in Microbiology*, 12: 1-12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.659602>
- Sun, Z., Fan, Y., Lyu, A., Hu, X., Shi, H., Chen, L., and Sun, J. 2021. Community and diversity analysis of microflora from different intestinal segments of koi carp (*Cyprinus carpio* var. koi). *Journal of Southern Agriculture*, 52(2): 483-490. DOI: 10.3969/j.issn.2095-1191.2021.02.025
- Tang, Y., Wang, C., Jiang, H., Zhao, L., Qian, C., Guo, X., Sun, Y., Tang, B., Xuang, F., and Cheng, Y. 2023. Grazing effects of *Xenocypris davidi* Bleeker (Cyprinidae, Cypriniformes) on filamentous algae and the consequent effects on intestinal microbiota. *Aquaculture Research*, 2023: 1-14. <https://doi.org/10.1155/2023/1985865>
- Uma, A., Subash, P., and Abraham, T.J. 2020. Importance of gut microbiota in fish – A review. *Indian Journal of Animal Health*, 59(2): 181-194. DOI: 10.36062/ijah.59.2SPL.2020.181-194
- Wang, S., Zhang, J., Du, X., Liu, D., Liu, L., and Shen, X. 2022. Comparative analysis of the intestinal microbiota in goldfish and crucian carps between different aquaponics and traditional farming. *Aquaculture Reports*, 25: 1-12. <https://doi.org/10.1016/i.aqrep.2022.101240>
- Yukgehnaish, K., Kumar, P., Sivachandran, P., Marimuthu, K., Arshad, A., Paray, B.A., and Arockiaraj, J. 2020. Gut microbiota metagenomics in aquaculture: factors influencing gut microbiome and its physiological role in fish. *Reviews in Aquaculture*, 12(3): 1903-1927. <https://doi.org/10.1111/raq.12416>