大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵滤食海水细菌能力的影响

张晓芳[1], 徐　辉[2], 刘宏文[2], 王明涛[4], 王仁斌[3], 李　毅[4], 赵德辉[4], 李振强[3], 石其寿[5], 赵伟东[4], 王　伟[3], 付晚涛[6, 7]

(1. 獐子岛集团股份有限公司, 辽宁 大连 116001; 2. 大连市环境监测中心, 辽宁 大连 116023; 3. 长海渔港监督处, 辽宁 大连 116500; 4. 长海县渔政管理所, 辽宁 大连 116500; 5. 长海县海洋与渔业局 獐子岛监督管理站, 辽宁 大连 116503; 6. 大连海洋大学 海洋科技与环境学院, 辽宁 大连 116023; 7. 辽宁省高校近岸海洋环境科学与技术重点实验室, 辽宁 大连 116023)

摘要: 通过模拟大气 CO_2 浓度升高, 研究其对海绵滤食细菌功能的影响。在模拟大气 CO_2 浓度升高生态系统中, 探究了大气 CO_2 浓度 387、500、750 和 1 000 μmol/mol 环境下繁茂膜海绵(*Hymeniacidon perlevis*)滤食灭菌海水中大肠杆菌(*Escherichia coli* AS 1.1017)和灿烂弧菌(*Vibrio splendidus*)的能力。结果表明: 在 24 h 实验期间, 模拟大气 CO_2 从目前约 387 μmol/mol 升高至 500 μmol/mol, 繁茂膜海绵滤食大肠杆菌和灿烂弧菌效率提高了。当模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 时, 繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌和灿烂弧菌功能都下降了, 说明繁茂膜海绵已经受到大气较高浓度 CO_2 损害。模拟大气 CO_2 为 1 000 μmol/mol 时, 繁茂膜海绵基本丧失了滤食海水中大肠杆菌和灿烂弧菌的功能。上述结果可为了解大气 CO_2 浓度对近岸海洋生态系统的影响提供科学依据。

关键词: 大气 CO_2 浓度升高; 影响; 繁茂膜海绵(*Hymeniacidon perlevis*); 滤食; 细菌
中图分类号: X55　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-3096(2017)07-0016-07
DOI: 10.11759/hykx20170227001

地球大气 CO_2 稳定在 280 μmol/mol 几千万年, 在过去 100 多年大气 CO_2 升高了约 35%, 目前大气 CO_2 在 387 μmol/mol 左右, 这已经影响海洋生态系统发生了不可逆变化[1-4]。2014 年联合国政府间气候变化专门委员会(http: //www.ipcc.ch/)发布报告, 对以 CO_2 为主的温室气体浓度升高给海洋生态系统尤其近岸海洋生态系统影响提出了严重警告。

在动物界中, 海绵(Sponge)单独构成多孔动物门(Phylum Porifera)[5], 几乎分布于所有深度、所有维度海水中[6], 尤其在近岸海洋生态系统中海绵扮演重要角色[7-9]。作为固着性、滤食性动物[5], 海绵丰富的水沟系构造具有极强滤水、组留海水中颗粒有机物能力[10], 尤其过滤细菌能力高达 96%[11-12]。由于绝大多数种属海绵由硅质骨针构成骨架[5-6], 因此海绵被认为海水酸化的受益者。

近海生态系统中的细菌对人类生产生活尤其对海水养殖业具有关键影响[13-14], 近海细菌主要被滤食性动物所摄食。考察大气 CO_2 浓度升高对近海滤食性动物摄食细菌能力影响, 对研究近海生态环境变化具有一定意义。本文以广泛分布于中国黄海和渤海的繁茂膜海绵(*Hymeniacidon perlevis*)为模式生物, 探究大气 CO_2 浓度升高对海绵滤食海水中细菌能力影响。

1　材料与方法

1.1　实验材料与装置

实验药品除标明外均为分析纯。砂滤海水来源于大连海洋大学; 煮沸砂滤海水获得灭菌砂滤海水。繁茂膜海绵采集于大连市黑石礁潮间带海域, 其运输、暂养、前处理等见参考文献[12, 15], 主要是从潮间带采集海绵组织块, 带回实验室后用砂滤海水

收稿日期: 2017-02-27; 修回日期: 2017-04-11
基金项目: "十二五"国家科技支撑计划项目(2015BAD13B05); 辽宁省海洋与渔业厅科研计划项目(201215); 大连海洋大学 2012 年校列科研项目(2012HYDX09)
[Foundation: National Science and Technology Support Program of 12th Five-Year, No.2015BAD13B05; Research Project of Department of Ocean and Fisheries of Liaoning Province, No. 201215; Project of Science-Technology in 2012 from Dalian Ocean University, No. 2012HYDX09]
作者简介: 张晓芳(1978-), 女, 山东莱州人, 高级工程师, 硕士, 从事海水养殖和科研项目管理工作, 电话: 0411-39016238, E-mail: xiaofang8318@126.com; 付晚涛(1969-), 通信作者, 男, 黑龙江阿城人, 教授, 博士, 从事海洋生态和海洋生物资源利用等领域研究, 电话: 15904117729, E-mail: fuwantao@dlou.edu.cn

清洗表面泥沙和大型海藻等附着物, 然后分割成小块海绵组织(每块约 2~3 g), 然后放在通气水族缸中暂养 1~2 d。大肠杆菌(*Escherichia coli* AS 1.1017)和灿烂弧菌(*Vibrio splendidus*)来源于辽宁省高效近岸海洋环境科学与技术重点实验室。模拟大气 CO_2 浓度升高影响近岸海洋生物的实验室生态系统(以下简称模拟生态系统)采用发明专利: 全球气候变化背景下海洋潮间带生态环境模拟系统及其应用[16]中模拟大气 CO_2 浓度升高条件下潮间带海洋生物受到影响的装置与方法。

1.2 模拟大气不同浓度 CO_2 对繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌能力影响

大肠杆菌(*Escherichia coli* AS 1.1017)富集培养液制备与参考文献[8]相同。

在模拟大气 CO_2 为 500 μmol/mol 实验中, 使用 5 个独立模拟生态系统考察模拟大气不同浓度 CO_2 对繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌能力影响。在每个独立模拟生态系统中分别装入 25 L 冷却至室温的灭菌砂滤海水, 然后接种 10 mL 大肠杆菌富集培养液, 其中第 1 个模拟生态系统不放入海绵, 作为空白组; 剩余 4 个模拟生态系统分别放入在水族缸中暂养的若干海绵组织块, 合计约 25 g, 其中 1 个通入空气(387 μmol/mol), 作为对照组, 余下 3 个模拟生态系统通入 CO_2 500 μmol/mol , 作为实验组 1、2、3。在 0、3、6、9、12 和 24 h, 分别在上述 5 个模拟生态系统中取海水 5 mL(重复取水样 3 次), 然后从 5 mL 水样中取 100 μL 海水, 10 倍系列稀释, 然后涂在 LB 琼脂平板(3 个平行样), 在 37℃培养 24 h 后菌落计数。实验开始时和实验结束后, 称量海绵质量, 并监测模拟生态系统中海水 pH 值(赛多利斯 PB-10 酸度计)。

在模拟大气 CO_2 为 750 μmol/mol 和 1000 μmol/mol 实验中, 除了实验组 1、2、3 中使用 CO_2 分别为 750 μmol/mol 和 1 000 μmol/mol 外, 其他与模拟大气 CO_2 为 500 μmol/mol 实验相同。

1.3 模拟大气不同浓度 CO_2 对繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌能力影响

灿烂弧菌(*Vibrio splendidus*)富集培养液制备与参考文献[8]中鳗弧菌 II(*Vibrio anguillarum* II)富集培养液制备相同。

考察模拟大气 CO_2 500 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌能力影响实验, 与 1.2 实验中相同, 只是用 1 mL 灿烂弧菌代替 10 mL 大肠杆菌。同样在 0、3、6、9、12 和 24 h, 分别在 5 个模拟生态系统中取海水 5 mL(重复取水样 3 次), 然后从 5 mL 水样中取 100 μL 海水, 10 倍系列稀释, 然后涂在 2216E 琼脂平板(3 个平行样), 在 28 ℃培养 2 d 后菌落计数。

在模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 和 1 000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灿烂弧菌能力影响实验中, 除了实验组 1、2、3 中使用 CO_2 分别为 750 μmol/mol 和 1 000 μmol/mol 外, 其他与模拟大气 CO_2 为 500 μmol/mol 实验相同。

1.4 阻留率计算

阻留率(RR, 个/(h·g))作为表征无脊椎动物[19]尤其海绵[20]的阻留海水中物质的能力。根据下式计算阻留率[11],

$$RR = (C_0 - C_t)V/(T \cdot W) \quad (1)$$

式中, C_0 和 C_t 代表初始时刻和 t 时刻海水中微生物密度(个/mL), V 代表容器中海水体积(L), T 代表时间(h), W 代表海绵鲜质量(g)。

1.5 数据统计与分析

实验每次重复取样 3 次, 统计学意义检验采用学生 t 检验。

2 结果

2.1 模拟生态系统中海水的温度和 pH

实验期间, 模拟生态系统中海水温度保持在 12~17℃。对照组海水 pH 在 8.01~8.20; CO_2 为 500、750 和 1 000 μmol/mol 的实验组海水 pH 值分别为 7.86~7.95、7.70~7.78、7.49~7.58。

2.2 海绵质量变化

在模拟大气 CO_2 为 500、750 和 1 000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌影响实验中, 海绵质量变化见表 1。除了模拟大气 CO_2 1 000 μmol/mol 实验组实验结束时海绵质量平均比实验开始时减少 4.71%之外, 实验结束时对照组和实验组的海绵质量均比实验初始时增加, 其中对照组和实验组平均增长率分别为 4.96%和 7.20%(500 μmol/mol)、6.97%和 1.99% (750 μmol/mol)、6.11% (1 000 μmol/mol)。

在模拟大气 CO_2 为 500 、750 和 1 000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中灿烂弧菌影响实验中, 海绵质量变化见表 2。对照组中, 海绵质量在实验结束时都大于实验开始时。实验组中, 模拟大气 CO_2 浓度 500 μmol/mol 的海绵质量在实验结束时比实验

表 1　模拟大气 CO_2 500、750 和 1000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食大肠杆菌影响实验中海绵质量

Tab. 1　The quality of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Escherichia coli* AS 1.1017 in 500、750 和 1000 μmol/mol

组别		实验初始时		实验结束时		海绵质量增长率(%)
		海绵质量(g)	实验组海绵质量均值及偏差(g)	海绵质量(g)	实验组海绵质量均值及偏差(g)	
500 μmol/mol	对照组	25.58	-	26.85	-	4.96
	实验组 1	25.12		26.65		6.09
	实验组 2	25.27	25.09±0.16	27.1	26.90±0.19	7.24
	实验组 3	24.89		26.95		8.28
750 μmol/mol	对照组	24.39	-	26.09	-	6.97
	实验组 1	24.86		25.17		1.25
	实验组 2	25.25	24.89±0.28	25.87	25.39±0.34	2.45
	实验组 3	24.57		25.13		2.28
1 000 μmol/mol	对照组	25.05	-	26.58	-	6.11
	实验组 1	25.87		24.1		–6.84
	实验组 2	24.6	25.31±0.53	23.35	24.11±0.63	–5.08
	实验组 3	25.45		24.89		–2.20

表 2　模拟大气 CO_2 500、750 和 1000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灿烂弧菌影响实验中海绵质量

Tab. 2　The quality of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Vibrio splendidus* in 500、750 和 1000 μmol/mol

组别		实验初始时		实验结束时		海绵质量增长率(%)
		海绵质量(g)	实验组海绵质量均值及偏差(g)	海绵质量(g)	实验组海绵质量均值及偏差(g)	
500 μmol/mol	对照组	24.96	-	26.02	-	4.25
	实验组 1	24.9		25.89		3.98
	实验组 2	25.31	25.24±0.26	26.20	26.09±0.14	3.52
	实验组 3	25.53		26.17		2.51
750 μmol/mol	对照组	25.26	-	26.47	-	4.79
	实验组 1	24.89		23.56		–5.34
	实验组 2	25.36	25.05±0.22	23.18	23.20±0.28	–8.60
	实验组 3	24.91		22.87		–8.92
1 000 μmol/mol	对照组	24.78	-	26.2	-	5.73
	实验组 1	24.7		21.35		–13.56
	实验组 2	25.21	25.23±0.44	22.08	22.00±0.50	–12.42
	实验组 3	25.78		22.56		–12.49

开始时平均增长了 3.37%, 模拟大气 CO_2 为 750 和 1 000 μmol/mol 的海绵质量在实验结束时分别比实验开始时平均减少了 7.62%和 12.82%。

2.3　模拟大气 CO_2 浓度升高环境下繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌动力学过程

在模拟大气 CO_2 浓度升高生态系统中, 繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌的动力学过程见图 1 (500 μmol/mol)、图2 (750 μmol/mol)和图3 (1 000 μmol/mol)。在上述 3 个独立实验中, 每个实验的空白组大肠杆菌密度尽管在 24 h 实验期间的不同时间检测点有波动, 但彼此间没有显著性差异(P<0.05)。对照组大肠杆菌密度变化趋势基本相同, 大肠杆菌密度由初始时(162.3±18.6)×10^4个/mL(500 μmol/mol)、(155.9±27.6)×10^4 个/mL(750 μmol/mol)和(169.9±31.2)×10^4 个/mL (1000 μmol/mol)分别下降为 9 h 时(20.3±3.5)×10^4个/mL、(8.9±2.8)×10^4个/mL 和(15.2±4.5)×10^4个/mL, 也即在 9 h 时间海绵滤食了 87.5%、94.3%和 91.0%的大肠杆菌, 相对应的阻留率分别为 15 777.8×10^4、16 333.3×10^4 和 17 188.9×10^4 个/(h·g)。实验组大肠杆

菌密度也随时间而降低, 9 h 时海水中大肠杆菌密度分别为(9.0±1.6)×10^4(500 μmol/mol)、(20.7±3.0)× 10^4 (750 μmol/mol)和(108.7±4.8)×10^4个/mL(1 000 μmol/mol), 分别比各自初始时大肠杆菌密度减少 94.2%、86.6%和 37.8%, 对应的阻留率分别为 16 296.3×10^4、14 874.1× 10^4和 6 444.4×10^4个/(h·g)。

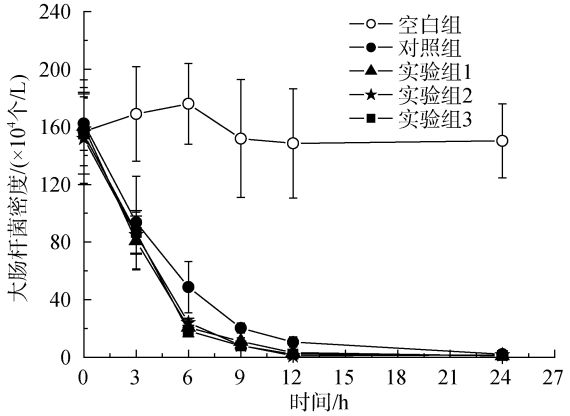


图 1 模拟大气 CO_2 500 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌功能的影响

Fig. 1 Influence of CO_2 500 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Escherichia coli* AS 1.1017 in sterilized seawater

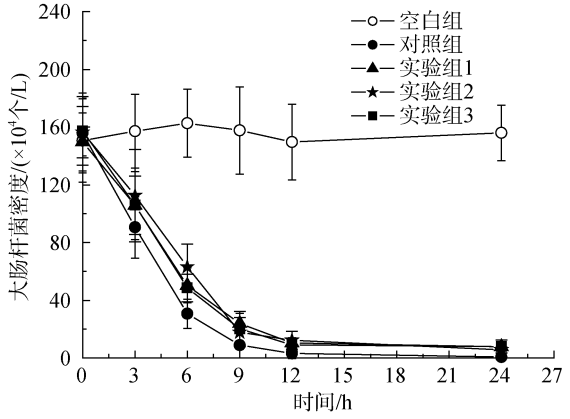


图 2 模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌功能的影响

Fig. 2 Influence of CO_2 750 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Escherichia coli* AS 1.1017 in sterilized seawater

2.4 模拟大气 CO_2 浓度升高环境下繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌动力学过程

在模拟大气 CO_2 浓度升高生态系统中, 繁茂膜海绵滤食灭菌海水中灿烂弧菌的动力学过程见图 4 (500 μmol/mol)、图5 (750 μmol/mol)和图6 (1 000 μmol/mol)。在上述 3 个独立实验中, 空白组灿烂弧菌密度均呈

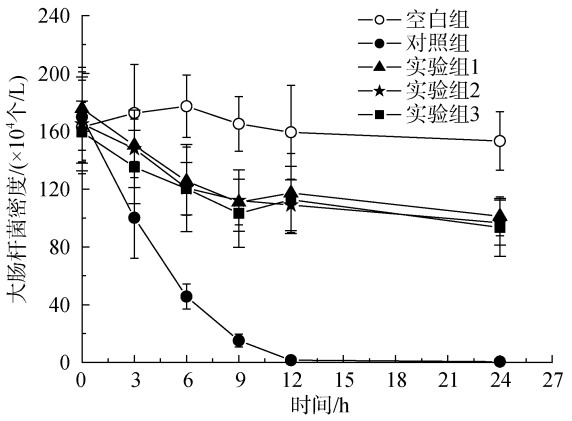


图 3 模拟大气 CO_2 1000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌功能的影响

Fig. 3 Influence of CO_2 1000 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Escherichia coli* AS 1.1017 in sterilized seawater

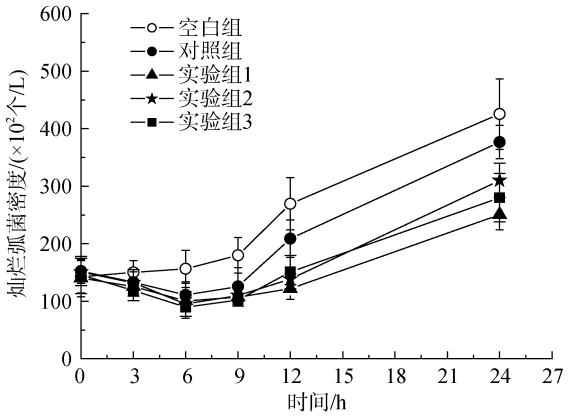


图 4 模拟大气 CO_2 500 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中灿烂弧菌功能的影响

Fig. 4 Influence of CO_2 500 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Vibrio splendidus* in sterilized seawater

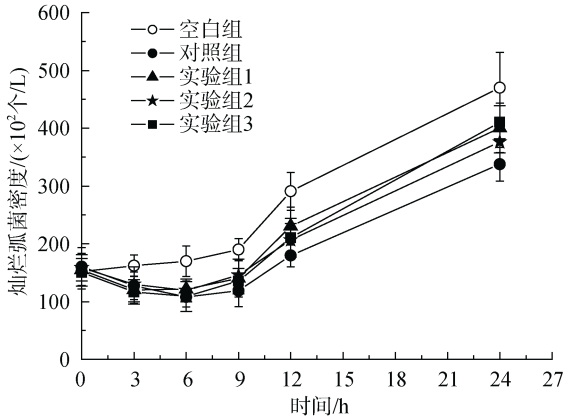


图 5 模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中灿烂弧菌功能的影响

Fig. 5 Influence of CO_2 750 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Vibrio splendidus* in sterilized seawater

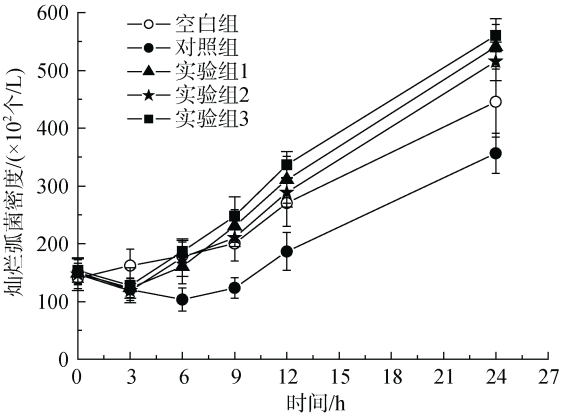


图 6 模拟大气 CO_2 1000 μmol/mol 对繁茂膜海绵滤食灭菌海水中灿烂弧菌功能的影响

Fig.6 Influence of CO_2 1000 μmol/mol on capacity of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding *Vibrio splendidus* in sterilized seawater

现先降低再增长趋势, 24 h 时灿烂弧菌密度为初始时的 2.98 倍, 说明海水中灿烂弧菌具有快速繁殖生长能力; 对照组中灿烂弧菌密度变化走势与空白组的基本相同, 其密度一直低于空白组灿烂弧菌密度, 在 24 h 时对照组灿烂弧菌平均密度是其初始时 2.47 倍、但比空白组 24h 时灿烂弧菌密度低 11.5%, 说明繁茂膜海绵具有滤食海水中灿烂弧菌能力。在模拟 500 μmol/mol 实验组中(图 4), 灿烂弧菌密度呈现先降低再升高走势, 其细菌密度也一直低于空白组的在 24 h 时实验组灿烂弧菌平均密度比空白组的低 34.2%, 说明模拟 500 μmol/mol 促进繁茂膜海绵增强滤食灭菌海水中灿烂弧菌效率。在模拟 750 μmol/mol 实验组中灿烂弧菌走势也呈现先降低再升高趋势(图 5), 在 24 h 时灭菌海水中灿烂弧菌平均密度低于空白组的 15.8%、但高于对照组的 14.7%, 说明 750 μmol/mol 已经抑制了繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌效率。在模拟 1 000 μmol/mol 实验组中(图 6), 灿烂弧菌密度呈现逐渐增加趋势, 并且基本一直高于空白组和对照组的弧菌密度, 24 h 时灿烂弧菌密度高于空白组的 20.9%, 说明 750 μmol/mol 已经几乎完全阻碍了繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌功能。

3 讨论

海绵广泛分布于海洋环境[5], 尤其在沿岸上升流海域的基岩底质上固着生长着种类丰富、生物量众多的海绵[6], 滤食海水中细菌[11-12]、浮游生物[10]等粒径小于 50 μm 的颗粒有机质[7]和溶解有机质[8], 具有重要生态作用[5, 7]。已经发现鉴定的 8 500 多种海绵中的绝大多数由硅质骨架构成, 因此海绵被认为有可能是大气 CO_2 浓度升高导致海水酸化的受益者, 因为底栖固着生长的钙质生物将受到海水酸化负面影响。在以前研究中, 繁茂膜海绵已经展现了很好的泵水、阻留细菌、微藻、非生命有机质的能力[11-12]。本实验模拟大气 CO_2 浓度升高导致海水酸化环境下, 研究繁了茂膜海绵的生长、阻留非侵染性细菌和侵染性细菌的能力。

3.1 大气 CO_2 浓度升高与细菌共同作用对繁茂膜海绵质量影响

繁茂膜海绵具有滤食大肠杆菌转化为自身生物量的功能。目前大气 CO_2 浓度下, 实验结束时海绵适量比实验开始时平均增加 6.01%, 这与地中海海绵(*Chondrilla nucula* Schmidt, 1862)生物量变化的结果相近[11]。当模拟大气 CO_2 升高至 500 μmol/mol, 实验结束时繁茂膜海绵质量比实验开始时平均增加 7.20%(表 1), 这个结果与繁茂膜海绵阻留海水中总有机碳结果相似[15], 表明 500 μmol/mol 没有影响繁茂膜海绵的生长。当模拟大气 CO_2 升高至 750 μmol/mol 和 1 000 μmol/mol, 实验结束时海绵质量分别比实验开始时仅增加 1.99%和–4.71%, 表明 750 μmol/mol 和 1 000 μmol/mol 已经负面影响海绵生长。

3.2 大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌功能影响

尽管大肠杆菌在近海海域海水中含量较高[41], 但仅作为海绵的食物而不具有侵染海绵功能[11-12]。在模拟大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵滤食大肠杆菌影响实验的对照组(387 μmol/mol)中, 繁茂膜海绵展现了极强的滤食海水中大肠杆菌能力, 在 12 h 平均滤食了 96.8%大肠杆菌, 与 0.5 L 灭菌海水中的繁茂膜海绵[12]和地中海海绵[11]滤食大肠杆菌效果相近。在健康状况下, 海绵泵入海水进入体内丰富水沟系进而从中阻留细菌的效率是相对稳定的[17-19], 在 12 h 内对照组 25 L 灭菌海水中繁茂膜海绵滤食大肠杆菌的平均阻留率是 13.14×10^7 个/(h·g), 略高于 10.5 h 0.5 L 灭菌海水中繁茂膜海绵滤食大肠杆菌的阻留率 7.78×10^7 个/(h·g)[12], 比地中海海绵的阻留效率大约高 10 倍[11]。繁茂膜海绵[12]和地中海海绵[11]在阻留效率上的明显差异因为不同种海绵体内水沟系结构不同, 1997 年 Turon [19]使用人造乳胶微球证明了这个观点。

随着模拟大气 CO_2 浓度由目前约 387 μmol/mol

升高至 500 μmol/mol, 刺激了繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌效率(图 1), 在 9 小时实验组和对照组(500 μmol/mol)大肠杆菌平均密度分别为(2.7±1.6)×10^4个/mL 和(20.3±3.5)×10^4个/mL, 相应地阻留率分别为 16 296.3×104 个/(h·g)(实验组)和 15 777.8×10^4个/(h·g)(对照组), 这个结果与模拟大气 CO_2 500 μmol/mol 条件下, 繁茂膜海绵阻留灭菌海水中总有机碳效率的结果非常相近[15], 由此说明大气 CO_2 升高至 500 μmol/mol 促进了繁茂膜海绵阻留大肠杆菌和总有机碳的效率。模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 影响了繁茂膜海绵滤食灭菌海水中大肠杆菌能力, 9 h 时实验组和对照组大肠杆菌平均密度分别为(20.7±3.0)×10^4个/mL 和(8.9±2.8)×10^4个/mL(图 2), 相应地阻留率分别为 14 874.1×10^4个/(h·g)(实验组)和 16 333.3×10^4个/(h·g)(对照组)。这个结果在模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 条件下繁茂膜海绵阻留灭菌海水中总有机碳的现象相似[15]。在模拟大气 CO_2 1 000 μmol/mol , 尽管繁茂膜海绵还具有滤食大肠杆菌能力, 9 h 时实验组平均大肠杆菌密度(108.7±4.8)×10^4 个/mL 低于空白组大肠杆菌密度(165.1±18.9)×10^4 个/mL, 但远高于对照组大肠杆菌密度(15.2±4.5)×10^4 个/mL(图 3), 映相对繁茂膜海绵阻留率分别为 6 444.4×10^4 个/(h·g)(实验组)和 17 188.9×10^4个/(h·g)(对照组)。由于大肠杆菌不具有侵染海绵能力, 可见模拟大气 CO_2 1 000 μmol/mol 极大地损害了繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌能力。

3.3 大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌功能影响

尽管海绵也可以阻留滤食弧菌, 但弧菌具有很强侵染海洋生物能力, 因此海绵阻留、滤食海水中弧菌与弧菌侵染海绵细胞是相互竞争关系。在现有大气 CO_2 浓度条件下, 繁茂膜海绵已经展现了与弧菌的上述竞争关系[12], 即当鳗弧菌 II(*Vibrio anguillarum* II)初始密度较低时, 繁茂膜海绵的滤食功能占主导作用; 当鳗弧菌 II(*Vibrio anguillarum* II)初始密度较高时, 弧菌的侵染海绵细胞功能占主导作用。在模拟大气 CO_2 升高(500、750 和 1000 μmol/mol)对繁茂膜海绵滤食灿烂弧菌影响的 3 个独立实验中对照组和空白组结果也展示了这种规律(图 4—图 6)。

在模拟大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵滤食灿烂弧菌影响的实验组中, 尽管灿烂弧菌密度都呈现先下降再升高的趋势, 但展现了三种完全不同特征(图 4—图 6)。模拟大气 CO_2 500 μmol/mol 实验组灿烂弧菌平均密度一直低于对照组灿烂弧菌密度(图 4), 可见此条件下繁茂膜海绵仍然可以一定程度控制灿烂弧菌生长。模拟大气 CO_2 750 μmol/mol 实验组灿烂弧菌密度低于空白组的、但高于对照组的(图 5), 说明大气 750 μmol/mol 已经消弱了繁茂膜海绵滤食海水中灿烂弧菌能力, 这个结果与大气 CO_2 高浓度消弱了繁茂膜海绵阻留海水中总有机碳能力的结果相互验证[18]。模拟大气 CO_2 1 000 μmol/mol 实验组灿烂弧菌密度除了在 3 h 时低于空白组灿烂弧菌密度, 其他时间均高于空白组的灿烂弧菌密度(图 6), 这表明名此条件下繁茂膜海绵已经基本丧失了主动泵入海水并从中阻留颗粒物能力[19]。

4 结论

海绵是仍然生存的、最古老的多细胞动物[6-7], 在近 6 亿年进化历史中[20]海绵应该被大自然塑造成功了具有很好适应环境能力。模拟大气 CO_2 浓度从目前约 387 μmol/mol 升高至 500 μmol/mol , 繁茂膜海绵滤食大肠杆菌和灿烂弧菌效率提高了。当模拟大气 CO_2 浓度达到、超过 750 μmol/mol 时, 繁茂膜海绵滤食海水中大肠杆菌和灿烂弧菌功能都下降了, 说明繁茂膜海绵细胞已经受到大气较高浓度 CO_2 损害。

参考文献:

[1] Hoegh-Guldberg O, Bruno J F. The impact of climate change on the world's marine ecosystems[J]. Science, 2010, 328: 1523-1528.

[2] Harley C D G, Randall Hughes A, Hultgren K M, et al. The impacts of climate change in coastal marine systems[J]. Ecology Letters, 2006, 9(2): 228-241.

[3] Feely R A, Sabine C L, Lee K, et al. Impact of anthropogenic CO_2 on the $CaCO_3$ system in the oceans[J]. Science, 2004, 305: 362-366.

[4] 王健鑫, 刘雪珠, 陶诗. 海洋酸化对异养细菌生态效应的研究进展[J]. 海洋科学, 2013, 37(11): 103-108.
Wang Jianxin, Liu Xuezhu, Tao Shi. Research progress of ocean acidification on ecological effects of heterotrophic bacteria[J]. Marine Sciences, 2013, 37(11): 103-108.

[5] Nicholss S, Worheide G. Sponges: New views of old animals[J]. Integrative and Comparative Biology, 2005, 45(2): 333-334.

[6] Rutzler K. Associations between Caribbean sponges and photosynthetic organisms[M]//New Perspectives in Sponge Biology. Washington D C: Smithsonian Institution Press, 1990: 455-466.

[7] Officer C B, Smayda T J, Mann R. Benthic fiter feeding: A natural eutrophication control [J]. Marine Ecology Progress Series, 1982, 9: 203-210.

[8] Gili J M, Coma R. Benthic suspension feeders: Their paramount role in litteroal marine food webs[J]. Trends in Ecology and Evolution, 1998, 13(8): 316-321.

[9] 张喜昌, 张 卫, 褚亚东, 等. 繁茂膜海绵清除大肠杆菌的过程[J]. 海洋科学, 2015, 39(5): 21-27.

Zhang Xichang, Zhang Wei, Chu Yandong, et al. The process of removing the bacteria from the thick film sponge[J]. Marine Sciences, 2015, 39(5): 21-27.

[10] 付晚涛, 张 卫, 金美芳, 等. 繁茂膜海绵滤食养殖水体中过剩饵料的初步研究[J]. 海洋环境科学, 25(3): 29-32.
Fu Wantao, Zhang Wei, Jin Meifang, et al. A preliminary study on the overabundance of bait in the luxuriant membrane sponge.[J]. Marine Environmental Sciences, 25(3): 29-32.

[11] Milanese M, Chelossi E, Manconi R, et al. The marine sponge *Chondrilla nucula* Schmidt, 1862 as an elective candidate for bioremediation in integrated aquaculture[J]. Biomolecular Engineering, 2003, 20: 363-368.

[12] Fu W T, Sun L M, Zhang W, et al. Potential of the marine sponge *Hymeniacidon perleve* as a bioremediator of pathogenic bacteria in integrated aquaculture ecosystems[J]. Biotechnology and Bioengineering, 2006, 93(6): 1112-1122.

[13] 樊景凤, 宋立超, 张喜昌, 等.辽东湾沿岸水域甲肝病毒和粪大肠菌群分布[J]. 海洋环境科学, 2004, 23(4): 35-37.
Fan Jingfeng, Song Lichao, Zhang Xichang, et al. Distribution of hepatitis a virus and fecal coliform in coastal waters of liaodong bay[J]. Marine Environment Science, 2004, 23 (4): 35-37.

[14] 国家海洋局. 中国海洋环境状况公报[R]. 北京: 国家海洋局, 2015.
State oceanic administration, bulletin of China's Marine environmental status[R]. Beijing: sState Oceanic Administration, 2015.

[15] 徐辉, 刘宏文, 安宗福, 等. 大气 CO_2 浓度升高对繁茂膜海绵阻留海水中有机碳功能的影响[J]. 大连海洋大学学报, 2015, 30(1): 79-84.
Xu Hui, Liu Hongwen, An Zongfu, et al. Effects of elevated atmospheric CO_2 concentration on the organic carbon function in the retention of thick film sponges in seawater[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2015, 30(1): 79-84.

[16] 付晚涛, 张菊林, 安宗福, 等. 全球气候变化背景下海洋潮间带生态环境模拟系统及其应用[P]. 中国, ZL 2012 1 0054111.1[P]. 2015-01-21.

[17] Reiswig H M. In situ pumping activities of tropical demospongiae[J]. Marine Biology, 1971, 9: 38-50.

[18] Reiswig H M. Water transport, respiration and energetics of three tropical marine sponges[J]. Journal of experimental marine biology and ecology, 1974, 14: 231-249.

[19] Turon X, Galera J, Uriz M J. Clearance rates and aquiferous systems in two sponges with contrasting life-history strategies[J]. Journal of Experimental Zoology, 1997, 78: 22-36.

[20] Li C W, Chen J Y, Hua T E. Precambrian sponges with cellular structures[J]. Science, 1998, 279 (6): 879-882.

Influence of increasing atmospheric CO_2 concentration on the ability of the marine sponge *Hymeniacidon perlevis* to filter-feed bacteria in seawater

ZHANG Xiao-fang[1], XU Hui[2], LIU Hong-wen[2], WANG Ming-tao[4], WANG Ren-bin[3], LI Yi[4], ZHAO De-hui[4], LI Zhen-qiang[3], SHI Qi-shou[5], ZHAO Wei-dong[4], WANG Wei[3], FU Wan-tao[6, 7]

(1. Zoneco Group Co., Ltd, Dalian 116001, China; 2. Center of Environment Monitoring of Dalian, Dalian 116023, China; 3. Fishing Port Supervision Department of Chang Hai, Dalian 116500, China; 4. Fishery Management of Chang Hai, Dalian 116500, China; 5. Zhangzidao Supervision and Management of Ocean and Fisheries Administration of Chang Hai, Dalian 116503, China; 6. Collage of Marine Science-Technology and Environment, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China; 7. Key Laboratory of Nearshore Marine Environmental Science and Technology of Liaoning Province's University, Dalian 116023, China)

Received: Nov. 24, 2016
Key words: elevated atmospheric CO_2 concentration; influence; *Hymeniacidon perlevis*; filter-feeding; marine bacteria

Abstract: The influence of carbon dioxide (CO_2) concentration on the capability of *Hymeniacidon perlevis* filter-feeding bacteria was studied by simulating an elevated atmospheric CO_2 concentration. In the simulated ecosystem, the capability of *H. perlevis* filter-feeding *Escherichia coli* AS 1.1017 and *Vibrio splendidus* was explored, respectively, in sterilized seawater under 387, 500, 750 and 1 000 μmol/mol. The results showed that the efficiency of *H. perlevis* filter-feeding bacteria was improved when the CO_2 concentration elevated from 387 μmol/mol to 500 μmol/mol; however, the capacity of *H. perlevis* filter-feeding bacteria was decreased when the CO_2 concentration elevated to 750 μmol/mol . This result indicates that the relatively high CO_2 concentration damages the filter-feeding efficiency of *H. perlevis*, and the efficiency was lost when the CO_2 concentration elevated to 1000 μmol/mol. This study provides a scientific basis for predicting the effect of atmospheric CO_2 concentration on the coastal ecosystem.

(本文编辑: 梁德海)