

铜锈环棱螺(*Bellamyia aeruginosa*)生物扰动对藻华 水体沉积物微生物群落结构的影响*

孙 芳 郑忠明 陆开宏 翟海佳 邵路路

(宁波大学海洋学院 教育部应用海洋生物技术重点实验室 宁波 315211)

提要 应用磷脂脂肪酸(PLFAs)法测定了不同密度铜锈环棱螺生物扰动下沉积物表层微生物群落结构的变化。结果表明,与对照组相比,含螺处理组 PLFAs 总生物量有了明显的升高,且与底泥总有机碳(TOC)含量变化趋势有很高的相关性($r = 0.541$) ($P < 0.05$)。实验过程中细菌/真菌值发生显著变化,中密度处理组的细菌/真菌值显著高于其它实验组($P < 0.05$),说明中密度螺影响下细菌生长较真菌更快,细菌生物量显著升高。主成分分析(PCA)显示,低、高密度螺处理下沉积物的微生物群落结构与对照组相似,而中密度螺处理组(3 个螺/培养柱)(相当于 196 ind/m^2)能够使沉积物微生物群落结构产生明显变化。

关键词 磷脂脂肪酸(PLFAs), 沉积物, 微生物群落结构, 生物标记物

中图分类号 X703.5

随着人类活动的加剧,水体富营养化问题日益严重,成为我国目前与今后一段时期内面临的重大水环境问题(孔繁翔等, 2005)。已有的研究表明,我国目前 66% 以上的湖泊、水库处于富营养化水平,其中 22% 属于重富营养和超富营养(黄漪平, 2001)。沉积物是水生生态系统中最活跃和最具影响力的组分之一,与水体富营养化的暴发密切相关。在河湖底泥生态系统中,沉积物是水体中营养物质、污染物迁移转化的载体、归宿和蓄积库(金相灿, 1992),同时,底泥中的细菌、真菌及原生动物等微生物是底部食物网、营养循环及有机物分解的重要组成部分,通过其广泛的分布、多样性的代谢及高效的酶促活性对维持生态系统的生态平衡起着极其重要的作用(高健等, 2011)。一方面河湖富营养化状态可能改变底泥中微生物群落结构,另一方面,微生物群落结构可能反过来影响湖泊的富营养化过程(刘钢, 2008)¹⁾。

铜锈环棱螺(*Bellamyia aeruginosa*)是我国淡水生

态系统中常见的重要底栖动物,有报道表明铜锈环棱螺的存在能够明显降低水体的氨氮浓度,改善水质并对蓝藻水华的发生有显著抑制作用(白秀玲等, 2006)。同时,大型底栖动物的存在可能对沉积物微生物的分布和代谢等产生影响(贾海波, 2010),实验室相关研究也证明了这一点。刘夏松等(2010)通过池塘围隔对比实验,研究不同密度铜锈环棱螺对藻华水体理化指标的影响,在实验中、后期,含螺处理组围隔内水体透明度(*SD*)均保持在 60cm 以上,而对照组 *SD* 变化不明显,说明铜锈环棱螺可以明显提高藻华水体的透明度。孙思志等(2010)研究了室内模拟生态系统中铜锈环棱螺对营养盐通量的影响,结果表明铜锈环棱螺的存在能够促进沉积物的硝化速率,加快沉积物中氮循环。Zheng 等(2011)研究了藻华池塘铜锈环棱螺对沉积物理化特性和有机碳通量的影响,结果显示,螺的生物扰动作用减少了蓝藻生物量,且沉积物 DOC(溶解态有机碳)通量显著低于对照组,表

* 国家自然科学基金项目, 30771658 号; 浙江省自然科学基金项目, Y3090640 号; 宁波大学教学研究项目, JYXMxzh200913 号。孙 芳, E-mail: sunfang861108@126.com

1) 刘 钢, 2008. PLFAs 应用于底泥微生物群落分析及多样性评价研究. 南京: 河海大学环境学院硕士学位论文, 14—15

通讯作者: 郑忠明, 教授, E-mail: zhengzhongming@nbu.edu.cn

收稿日期: 2011-02-23, 收修改稿日期: 2011-06-15

现为底泥吸收。本文在上述实验室研究基础上,应用磷脂脂肪酸技术(PLFAs)分析了铜锈环棱螺生物扰动作用下藻华水体底泥微生物群落结构与底泥碱性磷酸酶活性等环境因子之间的相互关系,以深入了解藻华水体生物治理过程中底泥微生物群落结构的相关变化,为藻华水体的治理提供微生物生态学方面的依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

构建室内模拟生态系统:选取容积为 300L 的圆形大塑料桶一个,注入约 80%藻华水。桶内放置 12 个密封性良好的长方体聚乙烯培养容器(长×宽×高:12.5×12.5×25cm),容器顶部安装磁力搅拌子。容器底部铺上经过 1mm 筛绢除去杂质及大型底栖动物的藻华池塘表层底泥,约 7cm 厚。试验用铜锈环棱螺(*Bellamyia aeruginosa*)采自宁波市江北区姚江流域,选取完整健康的个体,除去表面附着物,挑选个体大小相同的螺并于试验开始前在铺有底泥的水族缸内暂养一周,使其适应环境。

1.2 分析项目及测定方法

试验于 2010 年 6 月 10 日开始,持续 30d。试验设三个放养密度和一个有底泥但无螺的对照组,每组设置 3 个重复,共 12 个培养柱,低密度组:1 个/培养柱(相当于 98ind/m²),中密度组:3 个/培养柱(相当于 196ind/m²),高密度组:6 个/培养柱(相当于 392ind/m²)。放入螺后用尼龙网(孔径 0.5cm)覆盖防止螺外逃。试验开始后每天用池塘藻华原水置换桶内约 1/4 的培养水,维持该模拟生态系统中蓝藻量约为 1×10⁶ cells/L。保持桶内水温(23±1)°C,实验期间连续充气。

1.2.1 沉积物总有机碳(TOC)及碱性磷酸酶活性(APA)测定 分别在实验开始及结束时,取培养柱中表层沉积物(0—0.5cm)60°C烘干后,盐酸酸化去除无机碳,元素分析仪测定沉积物中的总有机碳(TOC)含量。另取部分新鲜泥样测定底泥碱性磷酸酶活性(APA)(金相灿等,1990)。

1.2.2 沉积物微生物生物量及种类的测定 在实验开始及结束时,取培养柱内表层 0—0.5cm 底泥用于底泥微生物数量及种类的测定,采用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法。磷脂脂肪酸具有属的特异性,特殊的甲基磷脂脂肪酸已经被作为微生物分类的依据,同时,由于死亡后微生物中 PLFAs 能够很快被分

解,所以可以很好地测定有繁殖能力的微生物生物量(张秋芳等,2009),因此,磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法成为一种可以定性和定量分析沉积物中微生物群落的新方法。

沉积物中微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)的测定方法在 White 等(1979)方法基础上加以改进:

(1) 提取:称取 4g 冷冻干燥后的沉积物土样,加入 3.2ml 柠檬酸盐缓冲液,4ml 氯仿,8ml 甲醇(柠檬酸盐缓冲液:氯仿:甲醇=0.8:1:2),30°C 避光振荡 2h 后,4000r/min 离心 5min 取上清液。再加入与初始量相等的氯仿和缓冲液,摇晃 1min 后避光条件下静置 12h。待液相分离后,弃掉上层水相部分,保留下层氯仿相,氮气条件下吹干。

(2) 分离:使用固相萃取装置分离全部脂质,先向固相萃取小柱(Supelco Discovery SPE DSC-Si Silica tube, 3ml, 500mg)加入 3ml 氯仿润洗,1ml 氯仿分批将玻璃管中的干脂滴转移到萃取小柱,然后依次加入 5ml 氯仿(洗脱掉中等大小的脂质颗粒)、10ml 丙酮(洗脱掉糖脂类)和 5ml 甲醇(提取磷脂颗粒),将收集到的甲醇相液体在氮气下吹干。

(3) 甲脂化:向吹干样品中加入 1ml 甲醇:甲苯(1:1)和 1ml 0.2mol/L KOH 甲醇溶液,摇匀后 35°C 水浴 15min,待冷却到室温后,顺次加入 2ml 去离子水,0.3ml 1mol/L HAc,2ml 正己烷,漩涡混合 30s,然后 800r/min 离心 5min,重复提取一次,合并两次提取的正己烷相,氮气下吹干,-20°C 冷冻保存。注意事项:所用试验用品和器皿均为玻璃或聚四氟乙烯材质,用无磷清洗液清洗再用 10% HCl 浸透,去离子水冲洗,在马弗炉中 450°C 灼烧 4h,使用前用试剂润洗。在提取过程中应尽量避免光,样品冷冻保存,避免与水 and 氧气接触。

磷脂脂肪酸检测由 Agilent 7890A GC 完成,色谱柱:P/N 19091J-413,HP-5 毛细柱:30m,320μm×0.25μm。GC 条件:进样口温度 250°C,柱温 300°C,载气为高纯氮气(20ml/min),不分流进样,进样量 1μl。PLFAs 标样选用 Supelco 公司的 Bacterial Acid Methyl Esters Mix 和 478852-U 内含 37 种 FAMES (fatty acid methyl esters)脂肪酸甲酯混合标样,可涵盖沉积物中常见微生物的特征 PLFAs。

脂肪酸的命名:脂肪酸链长以碳原子总数计算,冒号后数字代表双键数目, ω 后数字代表双键的位置(从羧基端算起),c(*cis*)表示顺式双键,t(*trans*)表示反式双键,i(*iso*)表示顺式支链,a(*antiso*)表示反式支链,

cy 表示环丙基。

2 结果与讨论

2.1 不同螺密度对沉积物 APA 及 TOC 的影响

由图 1 可知, 沉积物碱性磷酸酶活性(APA)和底泥总有机碳(TOC)含量随着铜锈环棱螺密度的增加均呈升高趋势, 且二者具有正相关性 $r = 0.476$ ($P < 0.05$)。初始 APA 含量为 $1.01 \mu\text{g}/\text{ml}$, 在实验末期, 除低密度组 APA 活性有所下降外, 其它实验组 APA 含量均显著升高($P < 0.05$), 其中高密度组 APA 含量增加到 $1.53 \mu\text{g}/\text{ml}$ 。TOC 变化趋势与 APA 相似, 经过 30d 的培养后, 各实验组 TOC 含量较初始值均显著上升, 且随螺密度的增加有而升高。在实验末期高密度组 TOC 含量由初始 2.94% 上升到末期的 4.29%, 且显著高于其它含螺处理组($P < 0.05$)。相关研究表明, 生物扰动会使沉积物 TOC 的微分布变得复杂, 一方面, 它能够促进底泥微生物群落对上覆水营养盐的同化, 使沉积物 TOC 含量升高; 另一方面, 生物扰动作用刺激有机物的矿化过程, 使沉积物中 TOC 含量减少 (Kristensen, 2000)。在本实验中, 与对照组相比, 中、高密度螺处理组的沉积物 TOC 含量显著升高, 推测其原因为铜锈环棱螺生物扰动促进底泥微生物同化上覆水营养盐的效果大于对底泥有机物的矿化作用, 同时随铜锈环棱螺密度增加, 水体中更多的藻类由于螺分泌物的粘附作用沉降到底泥表面, 且螺生命活动过程中排出的粪便在沉积物表面累积。吕敬等 (2010) 研究结果也表明, 铜锈环棱螺生物干扰能够显著增加底泥表层有机质的含量, 同时降低其稳定性。

沉积物总有机碳(TOC)含量与碱性磷酸酶活性(APA)有很好的相关性, 随 TOC 含量的升高, APA 增强(图 1), 与作者在底泥微生物活性对蓝藻水华水柱及沉积物间隙水氮磷分布的影响一实验中得到的结论一致(孙芳等, 2011), 原因可能为高的底泥有机质

含量能够促进沉积物中微生物生长, 从而使得主要来源于微生物分泌的碱性磷酸酶活性增强。王建军等 (2004) 的研究也证明了此结论。

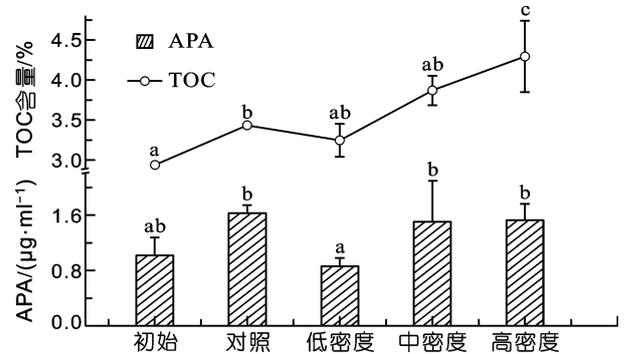


图 1 不同螺密度处理对底泥 TOC 及 APA 的影响

Fig.1 Effect of different snail densities on total organic carbon (TOC) and activity of alkaline phosphatase (APA) in the sediment

2.2 不同螺密度处理对沉积物微生物生物量的影响

实验前后各组沉积物微生物生物量的变化见表 1。中密度螺处理组厌氧细菌的生物量显著高于其它实验组, 其中与对照组相比升高了 15.79%; 好氧细菌生物量在中、高密度处理组之间没有显著差异 ($P > 0.05$), 但显著高于对照和低密度处理组 ($P < 0.05$)。中、高密度螺处理对沉积物中真菌生物量的影响相似, 都显著高于对照组和低密度处理组。脱硫叶菌生物量在中密度螺生物扰动下所受影响最大, 与对照相比增加了 21.74%。革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌在不同螺密度处理下变化趋势相似, 生物量最高值都出现在中密度组, 而在高密度处理组其生物量反而有所下降。

沉积物中的微生物以其丰富的生物多样性影响着沉积物物质的地球化学循环, 对生物扰动作用下藻华水体沉积物微生物群落结构的研究能够反映藻华水体生物治理过程中对底泥微生物群落结构的影

表 1 不同螺密度处理下各类微生物的生物量(nmol/g)
Tab.1 Effect of different snail densities on the biomass of microbes (nmol/g)

微生物种类	原始组	对照组	低密度	中密度	高密度
PLFAs 总量	10.77±0.73 ^a	12.50±0.30 ^b	13.2±0.90 ^b	16.71±0.65 ^c	17.19±1.04 ^c
厌氧细菌	0.69±0.01 ^a	0.76±0.03 ^b	0.75±0.01 ^b	0.88±0.03 ^c	0.83±0.02 ^d
好氧细菌	0.77±0.02 ^a	0.85±0.03 ^b	0.85±0.03 ^b	1.03±0.09 ^c	0.97±0.01 ^c
真菌	0.69±0.01 ^a	0.72±0.02 ^a	0.7±0.01 ^a	0.77±0.03 ^b	0.78±0.01 ^b
脱硫叶菌	0.66±0.03 ^a	0.92±0.02 ^b	1.01±0.07 ^b	1.12±0.07 ^c	1.02±0.06 ^b
革兰氏阴性菌	0.71±0.00 ^a	0.74±0.02 ^{ab}	0.75±0.02 ^{ab}	0.87±0.16 ^b	0.81±0.02 ^{ab}
革兰氏阳性菌	0.74±0.02 ^a	0.85±0.03 ^b	0.9±0.07 ^b	1.08±0.1 ^c	0.97±0.07 ^{bc}

注: 同一行中上标不同字母表示差异显著($P < 0.05$)

响, 丰富蓝藻水华生物治理中微生物生态学方面的理论。

磷脂脂肪酸谱图分析(PLFAs)技术自 20 世纪 70 年代末最先应用于河口沉积物中微生物群落定量分析以来(White *et al*, 1979), 越来越多地被用于研究土壤、地下水、湖泊沉积物等环境中微生物群落的生物量、群落结构和新陈代谢活动等方面。与其它方法相比, PLFAs 技术具有较高的准确性、稳定性和敏感性(白震等, 2006)。特定的生物标记指示着特定的微生物, 磷脂脂肪酸构成的变化能够说明环境样品中微生物群落结构的变化(Ibekwe *et al*, 1998)。例如, 18:1 7t 等碳数在 12—20 的单不饱和脂肪酸是指示好氧细菌的特异性标记物, 本实验从沉积物中共提取到 17 种碳数在 8—20 的磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记物, 主要为肉豆蔻酸甲酯、十五烷酸甲酯、顺-10-十五烯酸甲酯、棕榈酸甲酯、顺-10-十七烯酸甲酯、 α -亚油酸甲酯等。分别指示着不同类群的微生物, 包括好氧细菌、真菌、脱硫叶菌等(表 2)。

表 2 指示各种微生物类型的 PLFAs 标记物
Tab.2 PLFAs biomarkers indicating the types of microbes

微生物类型	磷脂脂肪酸标记
革兰氏阴性细菌	17:1, cy17:0, cy19:0, 16:1 ω 7
革兰氏阳性细菌	14:0, 16:0, i15:0, a15:0
好氧细菌	15:0, 16:1, 17:0, 18:1 ω 7t 等碳数在 12—20 的单不饱和脂肪酸
厌氧细菌	18:1(c+t), 11:1, 18:1 ω 7c
脱硫叶菌	15:1, 17:1 ω 6
真菌	18:3 ω 3, 18:3 6, 18:2 ω 6, 18:1 ω 9

注: 根据文献(Steinberger *et al*, 1999; Frostegard *et al*, 1996; Hill *et al*, 2000)总结。i, a 和 cy 分别表示顺式支链、反式支链和环丙基; ω 后数字表示双键的位置, c 和 t 分别表示双键的顺式和反式结构

通用生物标记物可以反映微生物总生物量, 如 PLFAs、酯链磷脂脂肪酸(EL-PLFAs)的总量可用于了解土壤微生物总生物量(Johansen *et al*, 2005)。在本实验中与对照组相比, 随铜锈环棱螺密度增加, 底泥微生物的 PLFAs 总生物量呈显著上升趋势(表 1)。与底泥 TOC 含量相关系数 $r = 0.541$ ($P < 0.05$), 说明底泥微生物生物量的增加与沉积物 TOC 含量显著正相关。冯峰等(2006)对东湖沉积物中微生物量与碳、氮、磷的相关性的研究也表明, 微生物量与有机质含量之

间存在极显著的相关性。随着螺投放密度的增加, 沉积物 TOC 含量升高, 从而促进了底泥微生物的生长, 说明螺的生物扰动作用增加了底泥有机质含量, 继而使底泥微生物的生物量增加, Blondin 等(2004)、Emma 等(2006)的研究结果也支持此结论。

PLFAs 组成模式和浓度的空间变化也能反应微生物群落的空间异质性和动态变化特征及指示环境压力(如化学污染、溶氧、pH、营养盐等)(刘钢, 2008)¹⁾。一方面, 环境压力能影响微生物的生理状况, 另一方面, 微生物也通过改善自身的生理状况来适应环境压力。

本实验比较了各实验组革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌(G+/G-)、好氧细菌/厌氧细菌、细菌/真菌值, 以探讨不同铜锈环棱螺投放密度对它们的影响, 见图 2。结果表明, 螺投放密度变化对 G+/G-值、好氧细菌/厌氧细菌值影响不明显, 而细菌/真菌值在实验过程中发生了显著变化, 中密度处理组细菌/真菌显著高于其它组, 说明在铜锈环棱螺生物扰动影响下中密度组(相当于 196 ind/m²)细菌生物量较真菌生物量显著升高。

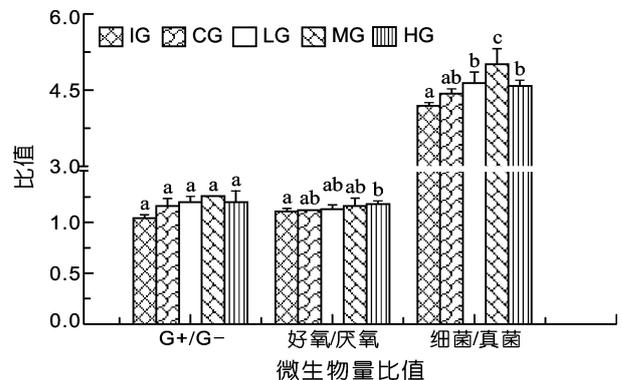


图 2 不同螺密度处理对沉积物 G+/G-、好氧/厌氧、细菌/真菌比值的影响

Fig.2 Effect of different snail densities on the ratios of G+/G-, aerobic bacteria/anaerobic bacteria and bacteria/fungi

注: IG. 初始组, CG. 空白对照组, LG. 低密度组, MG. 中密度组, HG. 高密度组

2.3 不同螺密度处理对沉积物微生物群落结构的影响
主成分分析(PCA)结果表明, 主成分一和主成分二基本能够把中密度处理组和其它处理组区分开来(图 3)。中密度处理与主成分二表现出正相关; 而其

1) 刘 钢, 2008. PLFAs 应用于底泥微生物群落分析及多样性评价研究. 南京: 河海大学环境学院硕士学位论文, 14—15

它处理组与主成分二表现出负相关。对照组、低密度组和高密度组相距较近,说明这三种处理下沉积物的微生物群落结构较为相似,推测当螺密度过高时(高密度组相当于 $392\text{ind}/\text{m}^2$),铜锈环棱螺生物扰动对底泥微生物群落结构变化影响不再明显。

通过每种脂肪酸在主成分上的因子载荷分析结果表明(图4),除 20:2 ω 6 外其它特征脂肪酸距原点较远,说明在实验过程中各脂肪酸的含量发生了明显的变化。其中 17:1 ω 6、18:0、18:2 ω 6、16:0、16:1、15:0、18:3 ω 3 和 15:1 在主成分一上的载荷值较高,可认为主成分一是它们的代表因子。14:0、16:0、18:3 ω 3 和 14:1 在主成分二上有较高的载荷值,而 20:0、20:1 ω 9 和 18:1(c+t)在主成分二上的载荷值较低,可以认为主成分二是 14:0、16:0、18:3 ω 3 和 14:1 的代

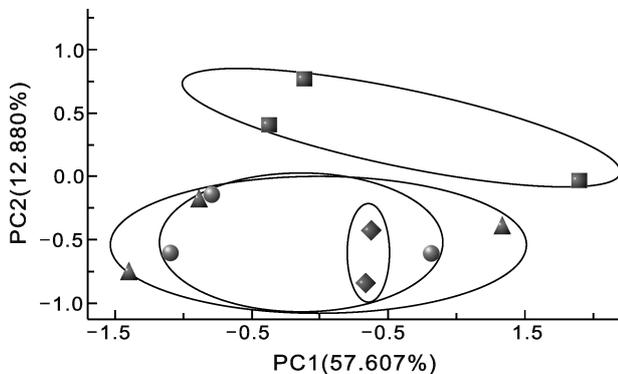


图3 不同螺密度处理下沉积物微生物群落 PLFAs 的主成分分析

Fig.3 Principle components analysis of PLFAs profiles from sediment microbial communities of different snail densities treatments

注: ○ 空白对照组, □ 低密度组, ■ 中密度组, ▲ 高密度组

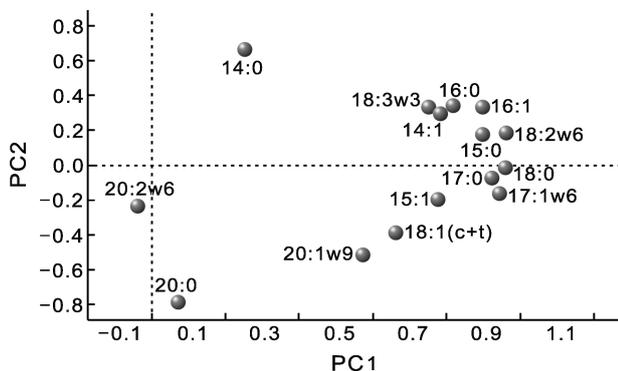


图4 不同螺密度处理下沉积物微生物群落 PLFAs 载荷因子贡献

Fig.4 Eigenvector loadings of PLFAs contributing to sediment microbial communities ordination pattern of different snail densities treatments

表因子。其中 14:0、16:0 是革兰氏阳性菌的标志性脂肪酸,18:3 ω 3 是真菌的标志性脂肪酸,说明中密度铜锈环棱螺生物扰动下沉积物中革兰氏阳性菌和真菌的生物量增加。综合分析得出,低、高密度处理组与对照组中沉积物微生物群落结构相似,没有发生明显的变化,优势种群也不明显,而中密度处理能够使沉积物中微生物群落结构发生明显变化,产生明显的种群优势。

3 结论

本文应用磷脂脂肪酸(PLFAs)法研究了不同密度铜锈环棱螺生物扰动作用下沉积物中微生物群落结构的变化,与对照组相比,铜锈环棱螺的生物扰动能够增加沉积物的有机质含量,继而促进底泥微生物的生长,在试验结束时,各含螺处理组的微生物生物量均有显著升高。铜锈环棱螺中密度处理组的细菌/真菌值显著高于其它组,说明中密度螺扰动作用下的环境更适合细菌的生长,细菌的生长量大于真菌。对沉积物微生物群落结构进行 PCA 分析,表明中密度螺处理能使沉积物微生物群落结构发生明显的变化,产生明显的种群优势,而低、高密度螺处理组对底泥微生物群落结构的影响不大,推测当铜锈环棱螺放养密度过高时($392\text{ind}/\text{m}^2$),对底泥微生物群落结构变化影响不再明显。

参 考 文 献

- 王建军, 范成新, 张 路等, 2004. 太湖底泥间隙水中金属离子分布特征及相关性. 中国环境科学, 24(1): 120—124
- 孔繁翔, 高 光, 2005. 大型浅水富营养化湖泊中蓝藻水华形成机理的思考. 生态学报, 25(3): 589—510
- 白 震, 何红波, 张 威等, 2006. 磷脂脂肪酸方技术及其在土壤微生物研究中的应用. 生态学报, 26(7): 2387—2394
- 白秀玲, 谷孝鸿, 张 钰, 2006. 太湖螺类的试验生态学研究——以环棱螺为例. 湖泊科学, 18(6): 649—654
- 冯 峰, 王 辉, 方 涛等, 2006. 东湖沉积物中微生物量与碳、氮、磷的相关性. 中国环境科学, 26(3): 342—345
- 吕 敬, 郑志明, 陆开宏等, 2010. 铜锈环棱螺生物扰动对“蓝藻水华”水体底泥及其间隙水中碳、氮、磷含量的影响. 生态科学, 29(6): 538—542
- 刘夏松, 张克鑫, 吕 敬等, 2010. 铜锈环棱螺对藻华水体理化指标的影响. 生态科学, 29(5): 438—443
- 孙 芳, 郑志明, 陆开宏等, 2011. 底泥微生物活性对蓝藻水华水柱及沉积物间隙水氮磷分布的影响. 生态科学, 30(3): 217—222
- 孙思志, 郑志明, 陆开宏等, 2010. 铜锈环棱螺对藻华水体沉积物-水界面营养盐通量的影响. 生态学杂志, 29: 730—734

- 张秋芳, 刘波, 林莒志, 2009. 土壤微生物群落磷脂脂肪酸 PLFAs 生物标记多样性. 生态学报, 29(8): 4127—4137
- 金相灿, 1992. 沉积物污染化学. 北京: 中国环境科学出版社, 309—312
- 金相灿, 屠清瑛, 1990. 湖泊富营养化调查规范(第二版). 北京: 中国环境科学出版社, 278—279
- 贾海波, 胡颢琰, 唐静亮等, 2010. 南黄海大型底栖生物生态调查与研. 海洋与湖沼, 41(6): 842—849
- 高健, 邓先余, 许爱清等, 2011. 湘江长沙段污染沉积物中微生物群落结构与污染物关联性的研究. 海洋与湖沼, 42(2): 237—243
- 黄漪平, 2001. 太湖水环境及其污染控制. 北京: 科学出版社, 6—8
- Blondin F M, Rosenberg R, 2004. Influence of bioturbation by three benthic infaunal species on microbial communities and biogeochemical processes in marine sediment. Aqual Microb Ecol, 36: 271—284
- Emma M, Gaston D, 2006. The functional group approach to bioturbation: The effects of the *Macoma balthica* community on fluxes of nutrients and dissolved organic carbon across the sediment-water interface. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 337: 178—189
- Frostegard A, Baath E, 1996. The use of phospholipids fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. Biology and Fertility of Soil, 22: 59—65
- Hill G T, Mitkowski N A, Aldrich W L *et al*, 2000. Methods for assessing the composition and diversity of soil microbial communities. Applied Soil Ecology, 15: 25—36
- Ibekwe A M, Kennedy A C, 1998. Phospholipid fatty acid profiles and carbon utilization patterns for analysis of microbial community structure under field and greenhouse conditions. FEMS Microbiology Ecology, 26: 151—163
- Johansen A, Olsson S, 2005. Using phospholipid fatty acid technique to study short-term effects of the biological control agent *Pseudomonas fluorescens* DR54 on the microbial in barley rhizosphere. Microbial Ecol, 49(2): 272—281
- Kristensen E, 2000. Organic matter diagenesis at the oxic/anoxic interface in coastal marine sediments, emphasis on the role of burrowing animals. Hydrobiologia, 426: 1—24
- Steinberger Y, Zelles L, Bai Q Y *et al*, 1999. Phospholipid fatty acid profiles as indicators for community structure in soil along a climatic transect in the Judean Desert. Biology and Fertility of Soil, 28: 292—300
- White D C, Davis W M, Nickels J S *et al*, 1979. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractible lipid phosphate. Oecologia, 40: 51—62
- Zheng Z, Lv J, Lu K, 2011. The impact of snail (*Bellamyia aeruginosa*) bioturbation on sediment characteristics and organic carbon fluxes in an eutrophic pond. CLEAN-Soil, Air, Water, 39(6): 566—571

EFFECTS OF SNAIL *BELLAMYA AERUGINOSA* BIOTURBATION ON MICROBIAL COMMUNITY IN THE SEDIMENT OF ALGAL BLOOM WATER

SUN Fang, ZHENG Zhong-Ming, LU Kai-Hong, ZHAI Hai-Jia, SHAO Lu-Lu
(Key Laboratory of Applied Marine Biotechnology, Ministry of Education, School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo, 315211)

Abstract Phospholipid fatty acids (PLFAs) were applied to determine changes in microbial community structures affected by the bioturbation of *Bellamyia aeruginosa*. The results showed that the total biomass of PLFAs had a distinguished increase in treatments contained snails comparing with the control group. Furthermore, it was highly related to the content of TOC, $r = 0.541$ ($P < 0.05$). The ratio of bacteria/fungus changed remarkably during the experiment, the ratio of bacteria/fungus in mid-density treatment is significantly higher than the other treatments ($P < 0.05$), indicating that bacteria grew more quickly than fungus and the bacteria biomass increased significantly in Mid-density condition. Principle components analysis (PCA) of PLFAs profiles demonstrated that the microbial community structures were similar in low and high density treatments and the control, and no obvious changes were observed; while in Mid-density treatments (196 ind/m^2), microbial community structures had varied apparently.

Key words Phospholipid fatty acids (PLFAs), Sediment, Microbial community structure, Biomarkers