长江口邻近海域夏季底栖纤毛虫的多样性与群落结构特点*

孟昭翠[1, 2 ,4] 徐奎栋[1, 2, 3, 4①]

(1. 中国科学院海洋研究所 海洋生物分类与系统演化实验室 青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室 海洋生物与生物技术功能实验室 青岛 266071;
3. 中国科学院大学 北京 100049; 4. 中国科学院海洋大科学研究中心 青岛 266071)

摘要 采用 Ludox-QPS 方法, 研究了 2011 年 8 月采自长江口邻近海域 9 个站位沉积物中纤毛虫的群落结构及分布特点, 并结合沉积环境进行综合分析。结果表明, 表层 8cm 沉积物中底栖纤毛虫的平均丰度为(2782±1493)cells/10cm^2, 生物量为(10.06±6.41)μg C/10cm^2。长江口海域北部站位的丰度和生物量呈从近岸向外海增加, 南部的站位呈现相反的分布趋势。在垂直分布上, 62%的底栖纤毛虫分布在表层 2cm, 12%分布在 5—8 cm。本研究共检获纤毛虫 106 种, 隶属于 15 纲/亚纲, 24 目, 69 属, 前口纲在丰度及生物量上均为最优势类群(丰度占 45.5%, 生物量占 56.4%), 核残迹纲在生物量上居第二位。就食性来看, 肉食性纤毛虫物种数最多(44 种), 其丰度和生物量所占比例也最高(40.3%, 66.8%), 但在长江口外站位(M1 站), 菌食性纤毛虫为最优势摄食类群。分析表明, 研究海域底栖纤毛虫群落结构与底层水盐度最相关。聚类分析结果显示, 由于较多量的伪钟虫属(*Pseudovorticella*)和原领毛虫属(*Prototrachelocerca*)种类出现导致长江口北部 L1 站的纤毛虫群落结构不同于其他站位。本研究所获底栖纤毛虫的丰度和生物量较东海离岸海域已有研究结果均高, 表层 8cm 沉积物中纤毛虫的丰度约是上层 30m 水柱中浮游纤毛虫的 116 倍, 生物量约是后者的 150 倍。基于目前黄东海有关底栖纤毛虫物种多样性的已有报道, 其多样性在长江口离岸海域高于近岸潮间带, 且在离岸海域东海低于黄海。

关键词 长江口; 底栖纤毛虫; 多样性; 现存量; 分布
中图分类号 Q958 doi: 10.11693/hyhz20200100004

纤毛虫个体微小、生命周期短、代谢率高, 对环境变化响应敏感, 其作为浮游和底栖微食物网的重要成员, 可通过摄食在营养物质循环和能量流动中起重要的枢纽作用。与水体相比, 海洋底栖生态环境异质多样且具有丰富的食物来源, 使底栖纤毛虫具有较高的形态和功能多样性, 其丰度可达 1000cells/mL 甚至更高, 远高于浮游种类(1—100cells/mL), 在近岸海域尤其是砂质沉积物是最为重要的捕食者(徐奎栋, 2011)。沉积物中纤毛虫的种类组成、分布及数量变动等与其生存的环境密切相关, 其群落结构及多样性格局的变动会对整个微食物网及生态系统结构有影响(Hamels *et al*, 2004)。

底栖纤毛虫作为原生动物的重要组成部分, 由于其个体极其脆弱、需经过特殊的染色进行鉴定, 如何将其从沉积物中分离、提取并进行定量和定性分析, 一直制约着原生动物生态学的研究 (类彦立等, 2007)。直到 Wickham 等(2000)开创性地通过硅胶液(Percoll)非线性密度梯度离心法与定量蛋白银染色(QPS)相结合, 使得底栖纤毛虫的定量提取与定性研究结合起来。但由于 Percoll 液价格昂贵(1500 元

* 国家自然科学基金项目, 41876171 号。孟昭翠, 助理研究员, E-mail: mengzhaocui@qdio.ac.cn
① 通信作者: 徐奎栋, 研究员, E-mail: kxu@qdio.ac.cn
收稿日期: 2020-01-04, 收修改稿日期: 2020-03-02

/100mL, Sigma-Aldrich)且比重小(1.13g/mL)限制了其在生态学研究中的大量应用。Xu 等(2010)提出的 Ludox-QPS 方法采用价格便宜(500 元/L, Sigma-Aldrich)且比重大(1.30g/mL)的 Ludox 硅胶液作为替代品, 通过稀释淘洗处理解决 Ludox 不能直接提取海水沉积物样品的问题, 该方法的提出有效地拓展了海洋底栖纤毛虫的生态学研究。目前国际上有关海洋底栖纤毛虫的研究主要在潮间带、潮下带等近岸海域, 少数研究在离岸海域, 极少数研究在深海海域(Hausmann *et al*, 2002; Azovsky *et al*, 2005; Hamels *et al*, 2005)。国内在黄海及东海的潮间带和离岸海域有少量关于底栖纤毛虫的多样性和生态分布的报道(Du *et al*, 2012; Meng *et al*, 2012, 2018; Zhou *et al*, 2016; Xu *et al*, 2018), 分类研究的欠缺和采样不足, 造成对底栖纤毛虫的多样性和分布及其生态作用的认识不足。

长江口及邻近海域受长江径流、台湾暖流、闽浙沿岸流和黄海冷水团等的影响, 生态环境复杂, 营养物质丰富, 有害藻华高发, 同时也是季节性低氧区, 成为诸多研究的焦点(张莹莹等, 2007; 王延明等, 2009)。本调查于2011年8月在长江口邻近海域进行沉积物采集, 对底栖纤毛虫的群落类群组成、多样性及分布进行研究, 并结合环境因子分析对底栖纤毛虫的现存量、多样性及分布的影响, 为探讨底栖纤毛虫的多样性分布格局提供数据支持, 并为进一步研究底栖生态系统中物质循环和能量流动提供基础。

1 材料与方法

1.1 调查海域与样品采集

搭乘中国科学院海洋研究所“科学三号”考察船于 2011 年 8 月 12—30 日, 在长江口邻近海域(29°31′—31°59′N, 122°23′—125°30′E)进行生物调查, 成功获取 9 个站位的底栖生物及沉积物环境因子样品(图 1)。

在每一站位用 0.1m^2 改进型 Gray-Ohara 箱式采泥器采集 3 箱未受扰动的沉积物, 使用经注射器改造的采样管(内径为 2.3cm) 采集 8cm 长芯样 7 个(随机选取一箱采集 3 管, 其他两箱各采 2 管), 并按 0—2、2—5、5—8cm 进行分层。将 4 个芯样 (含 3 个重复样, 1 个备份样) 的各分层进行瓶装, 用终浓度为 2% 冷戊二醛溶液固定, 4°C 避光保存用于纤毛虫分析和鉴定; 另将 3 个芯样的相应分层合并后装入封口袋, –20°C 冷冻保存用于环境因子的测定。

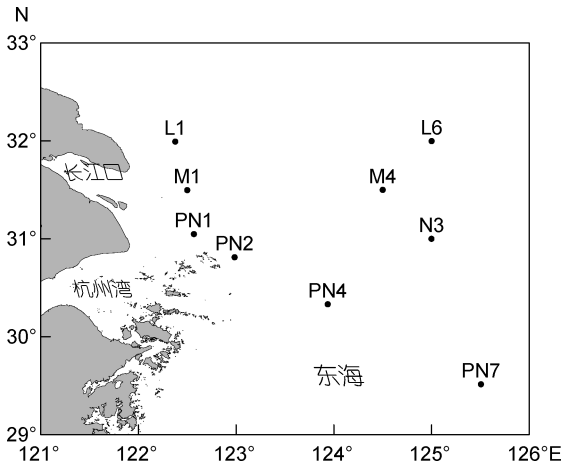


图 1 长江口邻近海域采样站位图

Fig.1 Sampling stations in the Changjiang River estuary and adjacent sea area

1.2 样品及环境因子分析方法

沉积物中纤毛虫利用 Ludox-QPS 方法进行分析(Xu *et al*, 2010), 永久制片通过镜检, 依据文献对纤毛虫进行鉴定和计数(Lynn, 2008; 宋微波等, 2009), 获得沉积物样品中纤毛虫的多样性和丰度信息。生物量通过生物体积换算法和相应转换系数进行计算(Putt *et al*, 1989)。依据有关纤毛虫食性的文献及对纤毛虫食物泡的镜检观察(Fenchel, 1968; Lynn, 2008), 将其分为四种食性: 肉食性、藻食性、菌食性和杂食性。其中肉食性纤毛虫指摄食其他非光合的原生动物或小的后生动物, 藻食性纤毛虫指主要摄食底栖微型藻类尤其是硅藻。

各站位水深及底水层温度、盐度数据据随船温盐深测定仪(CTD)现场测定。沉积物粒度分析采用 Cilas (940L) 型激光粒度仪进行。沉积物叶绿素 *a* 和脱镁叶绿素 *a* 含量利用 Turner II 荧光光度计测定。利用总有机碳分析仪 Vario TOC Cube (Elementar, Germany) 测定沉积物有机碳含量, 有机质含量为有机碳含量乘以系数 1.724 (Nelson *et al*, 1982)。沉积物含水量根据将其烘干(80°C, 48 h) 前后质量的减少来计算。

1.3 数据统计分析

数据分析采用 PRIMER 6 (Plymouth Routines in Multivariate Ecological Research)。物种多样性分析包括群落的物种数、Margalef 多样性指数、Shannon-Wiener 多样性指数和 Pielou's 均匀度指数。利用 PRIMER 软件中的 CLUSTER 分析纤毛虫群落的等级聚类; 利用 BIOENV 分析, 找出与底栖纤毛虫群落结构相关性最高的环境因子。采用 Surfer 12.0 绘制站位

图及底栖纤毛虫丰度、生物量和多样性的分布图。采用 SPSS 19.0 统计软件对纤毛虫丰度、生物量、多样性指数与环境因子进行相关分析。为使数据正态分布, 原始数据经过 log(x+1)转化处理。

2　结果

2.1　环境因子

2011 年 8 月研究海域各调查站位的水深为 13—100m, 随着离岸距离增大, 水深逐渐加深。底层水温度为 19.0—24.4°C (22.1°C±1.5°C), 随离岸距离增加而降低。底层水盐度差异较大 (19.3—34.5), 在调查海域呈现与水深相似的变化趋势, 长江口海域南部站位的盐度较高, 北部站位盐度较低。沉积物类型从极细粉砂到细砂, 中值粒径为 7—168μm。沉积物中有机质含量平均为 0.51%±0.24%, 最高值出现于 PN1 站 (1.04%), 最低值出现于 L6 站(0.20%)。表层 8cm 沉积物中叶绿素 *a* 平均含量为(0.46±0.25)μg/g, 脱镁叶绿素 *a* 平均含量为(1.93±0.89)μg/g, 两者的最高值均出现于 PN1 站, 最低值均见于 PN4 站 (表 1)。

表 1　长江口邻近海域九个研究站位的环境因子

Tab.1　Environmental factors in nine stations in the study area

站位	水深(m)	底温(°C)	底盐	中值粒径(μm)	叶绿素 *a* (μg/g)	脱镁叶绿素 *a* (μg/g)	有机质(%)
L1	18	24.4	30.1	34	0.68	1.54	0.54
L6	45	21.5	33.1	168	0.25	1.52	0.20
M1	25	22.4	31.9	28	0.35	2.04	0.39
M4	43	23.9	33.7	26	0.33	1.92	0.37
N3	53	23.2	34.0	34	0.34	1.37	0.54
PN1	13	22.9	19.3	7	0.90	4.04	1.04
PN2	42	21.0	32.6	46	0.71	2.29	0.51
PN4	50	20.8	34.3	143	0.13	0.88	0.32
PN7	100	19.0	34.5	55	0.45	1.82	0.66

2.2　底栖纤毛虫的水平和垂直分布

调查海域各站位间底栖纤毛虫的平均丰度为(2787±1491)cells/10cm^2 [相当于(35±19)cells/cm^3], 生物量为(9.07±5.98)μg C/10cm^2 [(0.12±0.07)μg C/cm^3], 长江口海域北部站位的丰度和生物量呈从近岸向外海增加, 南部的站位呈现相反的分布趋势, 且南部站位的丰度和生物量高于北部站位。最大值均出现于 PN2 站(6316cells/10cm^2, 24.15μg C/10cm^2), 丰度最小值见于 L1 站(828cells/10cm^2), 生物量最小值见于 N3 站(4.62μg C/10cm^2, 图 1, 2)。

调查海域各站位间底栖纤毛虫的丰度和生物量随沉积物深度增加而减少, 数量上约有 62%分布在表层 0—2cm (1739cells/10cm^2, 6.02μg C/10cm^2), 26%分布在 2—5cm (770cells/10cm^2, 1.46μg C/10cm^2), 12%分布在 5—8 cm 分层 (278cells/10cm^2, 0.86μg C/10cm^2)。

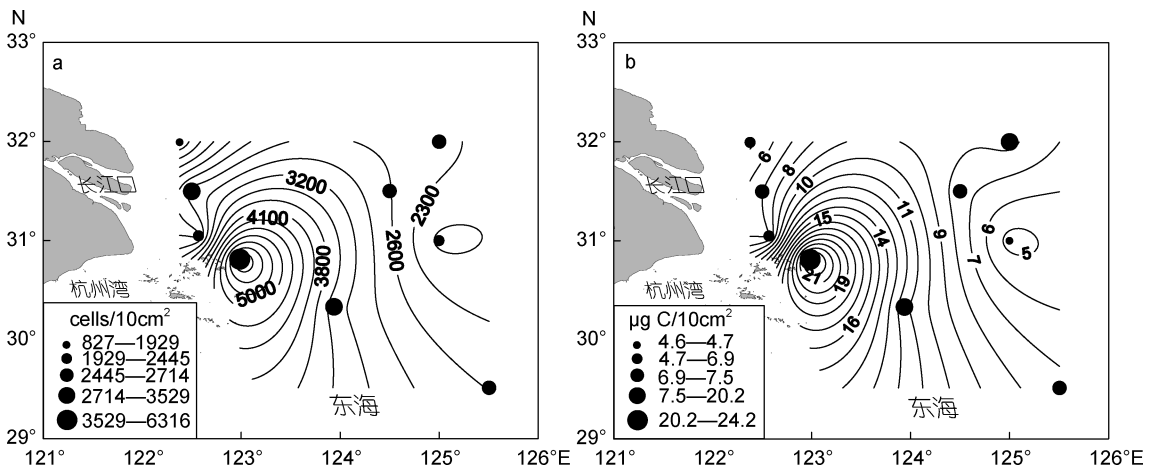


图 2　长江口邻近海域底栖纤毛虫丰度(a)和生物量(b)分布图

Fig.2　The ciliate abundance (a) and biomass (b) in the upper 8cm sediments of the nine stations in the study area

表 2 长江口邻近海域九个站位底栖纤毛虫优势物种名录
Tab.2 Dominant taxa of benthic ciliates in the nine stations in the study area

物种	食性	物种	食性
核残疾纲 Karyorelictea		*Loxophyllum sinicum*	肉食性
Cryptopharynx setigerus	杂食性	*Phialina salinarum*	肉食性
Geleia sp.	杂食性	*Loxophyllum qiuianum*	肉食性
Prototrachelocerca sp.	肉食性	管口亚纲 Cyrtophoria	
Trachelocerca sagitta	肉食性	*Atopochilodon distichum*	藻食性
Trachelocerca sp.	肉食性	*Chlamydonellopsis* sp.	藻食性
异毛纲 Heterotrichea		篮口纲 Nassophorea	
Anigsteinia longissima	杂食性	*Discotricha papillifera*	藻食性
Blepharisma tardum	菌食性	*Eucamptocerca longa*	藻食性
Condylostoma minutum	藻食性	*Leptopharynx torpens*	藻食性
Peritromus faurei	藻食性	*Zosterodasys* undescribed	藻食性
原克鲁亚纲 Protocruziidia		前口纲 Prostomatea	
Protocruzia adherens	杂食性	*Holophrya* sp.1	肉食性
游仆亚纲 Euplotia		*Holophrya* sp.2	肉食性
Aspidisca aculeata	菌食性	*Holophrya* sp.3	肉食性
Aspidisca fusca	菌食性	*Holophrya* sp.4	肉食性
Aspidisca steini	菌食性	*Holophrya* sp.5	肉食性
Euplotes minuta	菌食性	*Holophrya* sp.6	肉食性
Euplotes sp.	菌食性	*Metacystis elongata*	菌食性
腹毛亚纲 Hypotrichia		*Metacystis truncata*	菌食性
Periholosticha sp.	菌食性	*Metacystis daphnicola*	菌食性
Strongylidium crassum	肉食性	Prostomatea g. sp.	肉食性
Oxytricha sp.	杂食性	斜毛纲 Plagiopylea	
舞毛亚纲 Choreotrichia		*Sonderia* undescribed	杂食性
Strombidinopsis sp.	藻食性	盾纤亚纲 Scuticociliatia	
瓶纤纲 Armophorea		*Cyclidium glaucoma*	菌食性
Metopus contortus	菌食性	*Pleuronema coronema*	杂食性
钩刺亚纲 Haptoria		*Pleuronema* sp.	菌食性
Acineria undescribed	肉食性	*Paratetrahymena wassi*	菌食性
Acineria sp.	肉食性	*Uronema marina*	菌食性
Amphileptus sikorai	肉食性	膜口亚纲 Hymenostomatia	
Lacrymaria kahli	肉食性	Hymenostomatia g. sp.	肉食性

2.3 底栖纤毛虫物种多样性与食性

在调查海域各站位表层 8cm 沉积物样品中, 共检获纤毛虫 106 种, 隶属于 15 纲/亚纲, 24 目, 69 属, 其中 96 种鉴定到属/种, 优势物种(其丰度占纤毛虫总丰度的 1%以上)的列表见表 2。侧口目(14 种, 13.2%)、前管目(13 种, 12.3%)、异毛目和游仆目(均 9 种, 8.5%)、合膜目、尾柱目、刺钩目、原口目(均为 6 种, 5.7%)的物种数较多(图 3), 为该海域沉积物中纤毛虫的主要类群, 占据总物种数的 65.1%。就纲/亚纲级别来看, 钩刺亚纲种类数最多(20 种, 18.9%), 其次是前口纲(17 种, 16.0%)、篮口纲(12 种, 11.3%), 腹毛亚纲、游仆亚纲、异毛纲及核残迹纲均有 9 种。前口纲在丰度及生物量上均为最优势类群(丰度占 45.5%, 生物量占 56.4%), 其次是核残迹纲, 丰度仅占 4.1%, 但由于个体较大, 生物量占总量的 19.3%, 再次是篮口纲(丰度占 15.7%, 生物量占 7.0%) (图 4)。

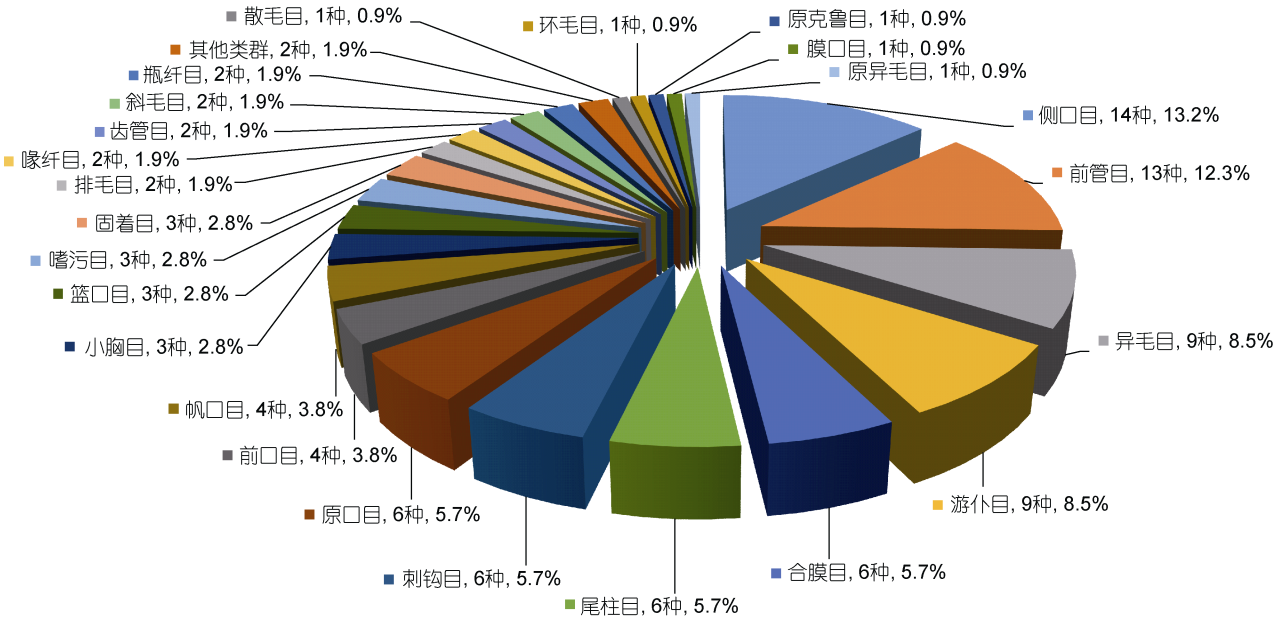


图 3　长江口邻近海域底栖纤毛虫的物种多样性分布图

Fig.3　Species diversity distribution of benthic ciliates in nine stations of the study areas

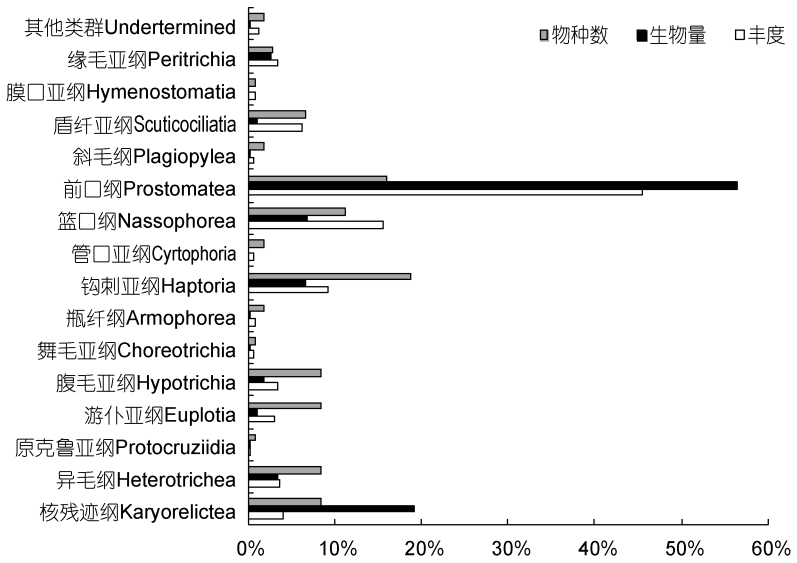


图 4　长江口邻近海域底栖纤毛虫主要类群的丰度、生物量及物种数百分比

Fig.4　Proportions of main benthic ciliate assemblages in abundance, biomass, and species number in the nine stations in the Changjiang River estuary and the adjacent sea areas

依据对纤毛虫食物泡的镜检观察及相关文献，本研究中发现肉食性纤毛虫 44 种，菌食性 33 种，藻食性 18 种，杂食性 11 种。肉食性纤毛虫主要包括前口纲的裸口虫属(*Holophrya*)、钩刺亚纲的长吻虫属(*Lacrymaria*)及斜叶虫属(*Loxophyllum*)的种类，在表层 8cm 沉积物中其丰度占总丰度的 40.3%，由于此类纤毛虫个体较大其生物量占总生物量的 66.8% (图 5a)，丰度所占比例最高出现于 PN1 站 (61%)，而生物量所占比例最高出现于 L6 站(86%) (图 5b)。菌食性纤毛虫的主要包括楯纤虫属(*Aspidisca*)、游仆虫属(*Euplotes*)、全列虫属(*Holosticha*)、中圆虫属(*Metacystis*)及盾纤亚纲的类群，其丰度占 40.0%，生物量占 21.8% (图 5a)；菌食性纤毛虫的丰度和生物量在 M1 站所占比例均为最大(72%和 67%) (图 5b)。藻食性纤毛虫主要类群为乳突盘毛虫(*Discotricha papillifera*)和佛瑞环须虫(*Peritromus faurei*)，其丰度占 17.1%，生物量占 8.0%；

表层 8cm 沉积物中藻食性纤毛虫丰度所占比例最高出现于 PN4 站(30%), 而生物量所占比例最高出现于 M4 站(15%) (图 5b)。其他无选择性的杂食性纤毛虫丰度仅占 2.6%, 生物量占 3.4%。就各站位来看, 除 M1 站, 肉食性纤毛虫在表层 8 cm 沉积物中生物量上均为最优势类群(图 5b)。就沉积物各分层来看, 肉食性纤毛虫生物量所占比例在各分层中均最大, 其丰度所占比在表层 0—2cm 中也最大; 随着沉积物深度的增加, 菌食性纤毛虫丰度和生物量所占比例增加, 且在 2—5cm 及 5—8cm 沉积物中, 其丰度所占比例最大(图 5c, 5d)。

调查海域各站位沉积物中纤毛虫的物种数(图 6a)、Margalef 多样性指数(6b)和 Pielou's 均匀度指数(6d)呈现由近岸往外海逐步递减的趋势, 而 Shannon-Wiener 指数则呈现相反的趋势(6c)。

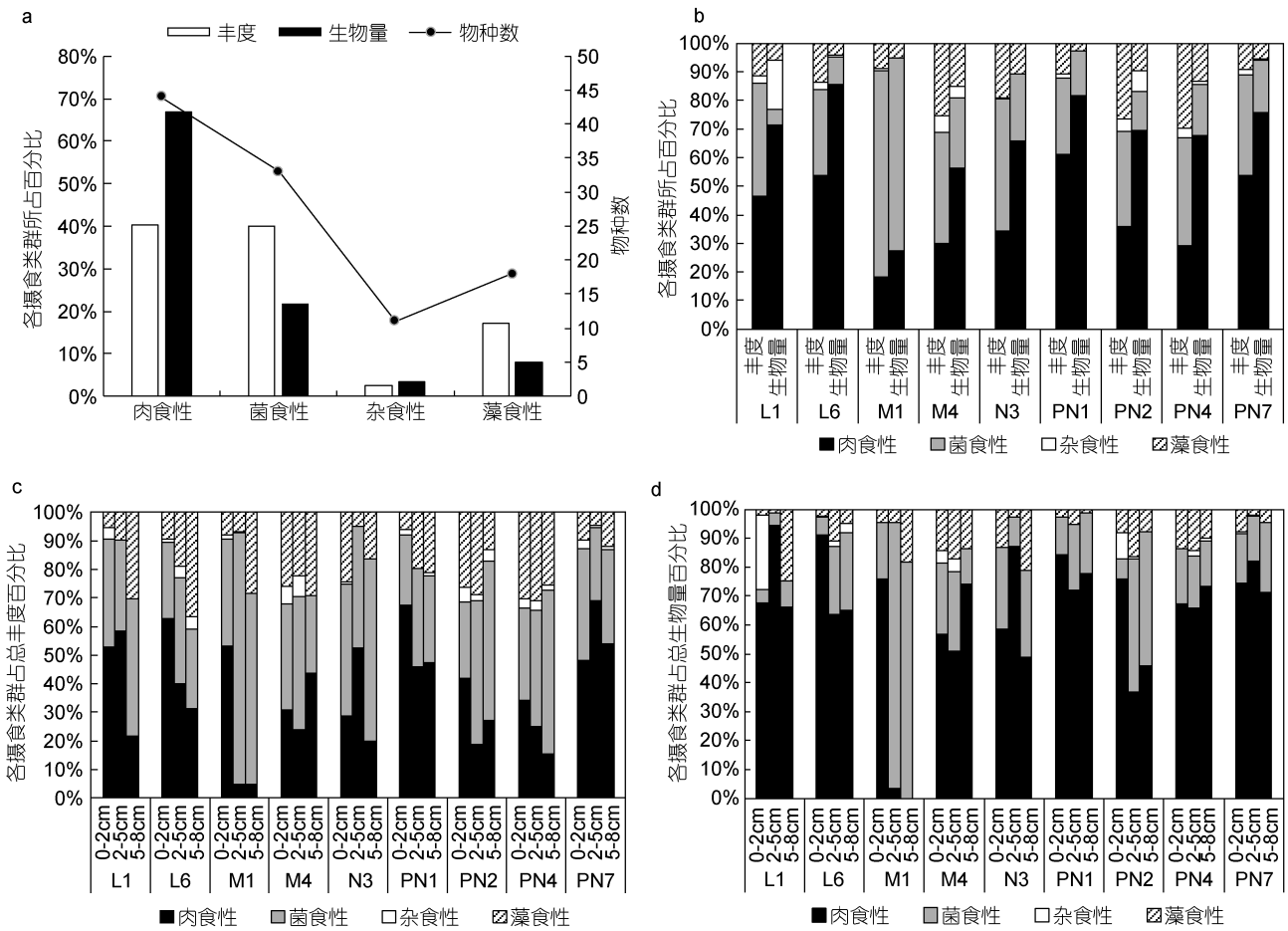


图 5 长江口邻近海域底栖纤毛虫各摄食类群的丰度和生物量百分比

Fig.5 Proportion of the four trophic types of ciliates in abundance and biomass at the nine stations in the Changjiang River estuary and its adjacent sea areas

注: a: 表层 8 cm 沉积物中纤毛虫 4 种摄食类型的丰度、生物量百分比及每种摄食类型的物种数; b: 表层 8 cm 沉积物中纤毛虫 4 种摄食类型在各站位的丰度和生物量百分比; c: 纤毛虫 4 种摄食类型在各站位 3 分层中的丰度百分比; d: 纤毛虫 4 种摄食类型在各站位 3 分层中的生物量百分比

利用 Cluster 分析对各研究站位纤毛虫群落结构进行分析, 结果表明在 27.96%的相似性水平上, 长江口邻近海域的 9 站位分成了两组(group, 图 7), 且两组的纤毛虫群落结构具有显著差异 (P<0.001)。其中最邻近长江口的 L1 独立为一组, 其特点为水较浅(18m), 底层水温度及沉积物叶绿素 *a* 含量较高 (表 1)。另外一组包含其余 8 个站位, 可分成 3 个亚组(subgroup), 但 3 个亚组间的纤毛虫群落结构无显著差异。其中亚组 I 包含 PN1 站位, 其特点为水浅(13m), 底层水盐度低 (19.3), 沉积物叶绿素及有机质含量较高(表 1); 亚组 II 包括 L6 和 PN2 站位, 两站位具有相近的水深、底层水温度和盐度(表 1), 其余站位为一亚组(图 7)。经过 SIMPER 分析, 造成 L1 与其余站位间纤毛虫群落结构差异的主要类群是 *Metacystis*

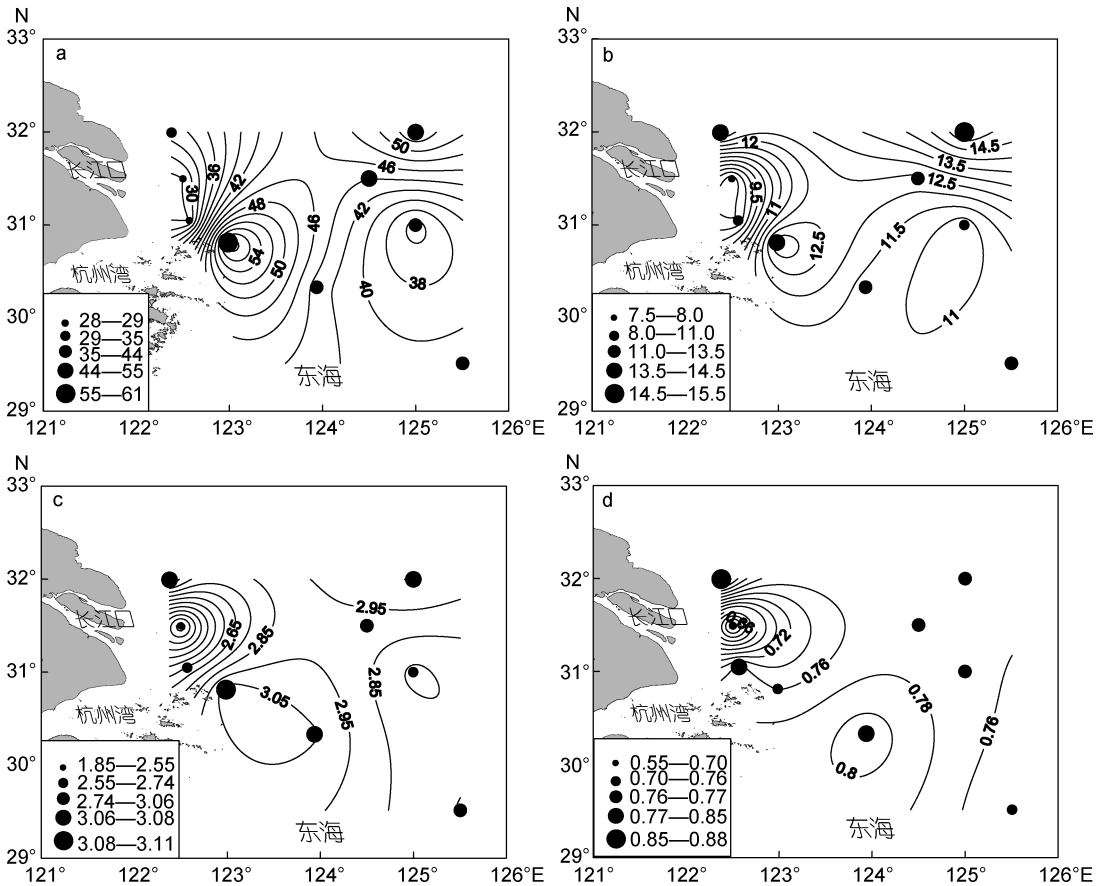


图 6　长江口邻近海域底栖纤毛虫物种数(a)、Margalef 多样性指数(b)、Shannon-Wiener 多样性指数(c)和 Pielou's 均匀度指数(d)分布图

Fig.6　The number of species (a) and the diversity indexes of Margalef (b), Shannon-Wiener (c) and Pielou's evenness (d) from the nine stations in the Changjiang River estuary and its adjacent sea areas

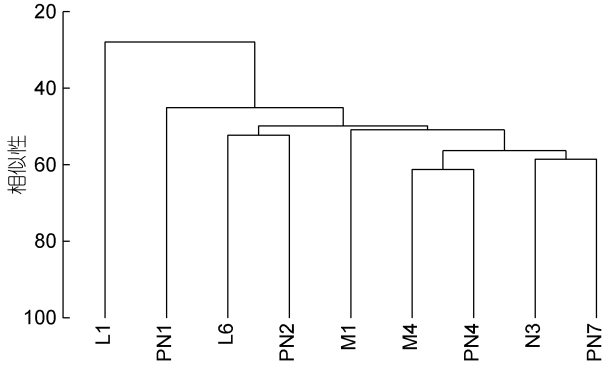


图 7　长江口邻近海域底栖纤毛虫群落结构的聚类分析

Fig.7　Cluster analysis of the ciliate communities at the nine stations in the Changjiang River estuary and its adjacent sea areas

daphnicola (蚤居中圆虫), *Discotricha papillifera* (乳突盘毛虫), *Cyclindium glaucoma* (瞬闪膜袋虫), *Holophrya* sp.1 (裸口虫未定种 1), *Pseudovorticella* sp. (原领毛虫未定种), *Metacystis truncata* (平截中圆虫), *Prototrachelocerca* sp. (原领毛虫未定种), *Holophrya* sp.2 (裸口虫未定种 2).

2.4　底栖纤毛虫与环境因子的关系

相关性分析表明, 2011 年 8 月在长江口邻近海域沉积物中底栖纤毛虫的丰度、生物量及多样性指数与任何单一环境因子均无相关性。BIOENV 分析表明, 纤毛虫群落结构与底层水盐度最相关 (R = 0.634, P = 0.022)。

3　讨论

3.1　底栖纤毛虫的现存量及多样性

迄今, 对底栖纤毛虫的研究主要在潮间带、潮下带等近岸海域, 少数研究在离岸海域, 极少量研究涉及深海海域(Hausmann *et al*, 2002; Azovsky *et al*, 2005; Hamels *et al*, 2005)。与近年来东海离岸海域的相关研究进行比较, 本研究所获夏季底栖纤毛虫的丰度和生物量均高; 其丰度和生物量约是同一海域、

同一年度春季相同站位的 2.7 倍(孟昭翠等, 2013); 其丰度是同一海域、同一年度夏季长江口至济州岛沿线四站位的 7 倍, 生物量为后者的 1.7 倍(周百灵等, 2015); 其丰度是同一海域 2009 年春季 39 站位的 3.9 倍、秋季 18 站位的 2.7 倍, 而其生物量则均是后者的 11 倍(代仁海, 2012)。与已报道黄海离岸海域的相关研究进行比较, 本研究所获底栖纤毛虫的丰度和生物量与其相近(Meng *et al*, 2012)或高(丰度是其 5 倍, 生物量是其 1.7 倍, Zhou *et al*, 2016); 而较黄海潮间带报道的底栖纤毛虫丰度偏低(Du *et al*, 2012; Meng *et al*, 2018)。此外, 对同一航次且相同站位的浮游纤毛虫的研究结果显示, 在上层 30 m 水柱中的纤毛虫丰度为 24cells/10cm^2 (范围 4—42cells/10cm^2), 生物量为 0.06μg C/10cm^2 (范围 0.002—0.124μg C/10cm^2) (丁军军, 2012)。如此, 在长江口邻近海域表层 8cm 沉积物中的纤毛虫丰度约为浮游纤毛虫丰度的 116 倍, 生物量则是后者的约 150 倍。由此可见, 底栖纤毛虫在该海域生态系统中的作用不容忽视。

由于分类研究欠缺和采样不足, 对纤毛虫物种多样性难以准确估计。Azovsky 等(2013)通过对全球范围内 17 个区域 350 多个采集地 1342 种海洋底栖纤毛虫的多样性和分布等研究发现, 单一区域内仅发现所有物种数的 25%, 18%为广布种, 仅有 5%—7%的物种为特有种。区域多样性高低不依赖于采样面积及海岸线的长度, 也未显示明显的随纬度变化趋势, 但是与区域内的采样强度有正相关性, 与盐度负相关。本研究在表层 8 cm 沉积物中获得 24 目 69 属的 106 种纤毛虫, 高于同年 4 月在本海域发现的 91 种(孟昭翠等, 2013), 两航次发现纤毛虫共计 125 种。据此对长江口邻近海域底栖纤毛虫的物种丰富度估计, Chao1 为 125 和 Chao2 为 142, 且以站位数和物种数获得的物种累积曲线未达到饱和(图 8), 说明尚有物种未被采集到。代仁海(2012) 在与本研究同海域的研究显示, 2009 年春季在 39 站位发现底栖纤毛虫 278 种, 秋季在 18 站位发现 154 种, 两航次共计发现 313 种; 周百灵等(2015) 在长江口至韩国济州岛沿线四站位四航次发现底栖纤毛虫 166 种, 上述研究也验证了采样强度对物种多样性的正相关性及该海域尚有大量底栖纤毛虫物种待发现。据 Xu 等(2018)在长江口附近的上海崇明东滩湿地三个采样点连续一年的调查, 共发现 20 目 57 属 93 种纤毛虫, 其 Chao1 和 Chao2 均为 93, 且物种累积曲线已达到饱和(图 8)。由此可见, 底栖纤毛虫的物种多样性在长江口离岸海域高于近岸潮间带, 相似的研究结果在黄海及俄罗斯北部的伯朝拉海均有报道(Azovsky *et al*, 2007; Meng *et al*, 2018)。在中国其他海域是否具有此分布现象有待于进一步研究。

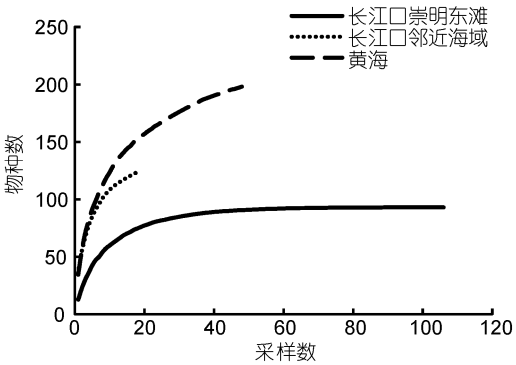


图 8 长江口及黄海底栖纤毛虫物种累积曲线

Fig.8 Species accumulation curves of ciliate taxa in the Changjiang River estuary and Yellow Sea

注: 物种累积曲线的数据来源: 长江口崇明东滩(Xu *et al*, 2018), 长江口邻近海域(本研究数据及孟昭翠等, 2013), 黄海(Meng *et al*, 2012)

黄海离岸海域底栖纤毛虫物种多样性也有少量报道, 代仁海(2012)在 2009 年春秋两季于山东半岛外黄海海域发现底栖纤毛虫 121 种; Meng 等(2012)在 2007 年夏季南北黄海发现底栖纤毛虫 198 种, 物种累积曲线尚未达到饱和且物种数增加率较长江口邻近海域高(图 8), Chao2 为 233; 与其相同海域 Zhou 等(2016)于 2011 年夏秋季发现底栖纤毛虫 249 种, 说明黄海离岸海域同样尚有物种未被采集到。基于已有报道, 离岸海域东海底栖纤毛虫的物种多样性较黄海低, 但对于黄海及东海底栖纤毛虫物种多样性的准确估计, 仍需进一步的样品采集。

已有研究表明, 温度是对海洋生物分布及多样性最关键的因子(Tittensor *et al*, 2010), 但影响底栖纤毛虫数量分布的常常为多因子(如水深、温度、盐度、沉积物粒径及食物可得性等) 的共同作用 (Hamel *et al*, 2005)。长江冲淡水在长江径流、台湾暖流、沿岸流的共同作用下由入海口开始向东北偏转, 海水盐度也呈现由近岸往东北方向逐渐增大的趋势。在本研究海域沉积物中纤毛虫的丰度、生物量及各多样性指数未见与任何单一环境因子的相关性, 仅底栖纤毛虫的群落结构与底层水盐度具有相关性。就底栖纤毛虫的丰度和生物量在调查海域的分布情况来看, 位于长江口海域南部站位较高, 其次是长江口外站位, 北部站位最低, 这也与调查海域底层水盐度变化趋势一致。

此外, 长江口低氧区在 8 月份最严重, 主要发生于 20m 以下的近底层水体中, 缺氧区域通常也会呈现氨、硫化物及颗粒有机物的增加, 从而影响浮游及底栖生物的生存 (王延明等, 2009), 导致底栖生物数量显著下降。本研究中的 L1、M1 及 PN1 位于低氧区常发的海域, 三站位底栖纤毛虫的丰度、生物量及物种数都低于调查海域的平均值, 且 L1 站的丰度、生物量和物种数最低, 通过三个站位纤毛虫的群落结构与环境因子的相关性分析发现, 底栖纤毛虫的丰度和生物量与底层水温度呈显著负相关。通常, 温度对生物的生长具有促进作用。8 月表层水温在 25.1—28.2°C, 底层水温度在 19.0—24.4°C , 可促进纤毛虫、藻类等类群的生长, 同时底层水体中有机物的分解可导致营养盐的再生并消耗大量的氧, 致使该区域的底层低氧现象更加严重, 导致沉积物中纤毛虫数量减少, 出现其丰度和生物量与底层水温度的负相关关系。通过与本海域已报道数据比较发现 (代仁海, 2012; 孟昭翠等, 2013; 周百灵等, 2015), 本研究中底栖纤毛虫的丰度和生物量较已报道的数据高, 而物种数则较已报道的数据低, 其原因可能为本研究中底层水温度较已有研究均高, 虽然存在低氧区, 但整体上温度的升高促进了纤毛虫的增长, 而物种数较低, 则是站位数即采样强度差异的显现: 9 站 (本研究) vs. 57 站 (代仁海, 2012) vs. 16 站 (周百灵等, 2015)。

3.2　底栖纤毛虫群落结构及食性

结合已有的长江口及东海离岸海域底栖纤毛虫的研究(代仁海, 2012; 孟昭翠等, 2013; 周百灵等, 2015), 长江口邻近海域底栖纤毛虫裂口纲种类数最多, 其次是前口纲; 在丰度及生物量上, 前口纲均为最优势类群, 核残迹纲在生物量上居第二位; 食性构成上, 肉食性纤毛虫均为最优势的摄食类群。上述最优势类群构成与黄海海域相同 (Meng *et al*, 2012, 2018)。本研究中位于长江口海域北部的 L1 站具有不同于其他站位的纤毛虫群落结构, 通过分析发现是由于 *Pseudovorticella* sp. (伪钟虫未定种)、*Prototrachelocerca* sp. (原领毛虫未定种) 的较多量的出现, 而大量出现于其余站位的 *Metacystis truncata* (平截中圆虫), *Discotricha papillifera* (乳突盘毛虫), *Cyclidium glaucoma* (瞬闪膜袋虫), *Holophrya* sp.1 (裸口虫未定种 1) 在本站则极少量的出现。本站位出现的 *Pseudovorticella* sp. 外栖于线虫和桡足类体表。M1 站位由于 *Metacystis* spp. (中圆虫属类群)大量出现, 导致菌食性纤毛虫的丰度和生物量所占比例均最大。

底栖纤毛虫生活于沉积物表面和底内, 其群落结构及多样性构成受沉积物颗粒间隙的影响较大, 已有研究表明在海洋生境中, 粒径在 120—250μm 范围内的沉积物中纤毛虫的物种多样性及数量较高 (Hamels *et al*, 2005)。本研究所涉各站位沉积物类型从极细粉砂到细砂, 中值粒径为 7—168μm, 仅 L6 和 PN4 站中值粒径大于 120μm, 两站位底栖纤毛虫的丰度及物种多样性也较高, 但未呈现与沉积物粒径的相关关系。肉食性纤毛虫个体通常较大, 生活所需沉积物颗粒间隙较大, 随着沉积物深度的增加, 颗粒间隙变小, 故肉食性纤毛虫在表层 2cm 沉积物中占优势。代仁海(2012)对该海域的微型底栖生物研究表明, 硅藻、异养鞭毛虫具有明显的垂直分层, 而细菌无明显的垂直分层, 上述类群作为纤毛虫的食物来源, 其在沉积物中的分布也影响纤毛虫的摄食构成, 在本研究中随着沉积物深度的增加, 菌食性纤毛虫丰度和生物量所占比例增加, 且在 2—5cm 及 5—8cm 沉积物中, 其丰度所占比例最大。故底栖纤毛虫群落结构及摄食类型的演替, 除受沉积环境因子的强烈影响, 可能与饵料竞争或者捕食者有关。

纤毛虫可摄食细菌、藻类、其他原生动物(包括其他类群纤毛虫)甚至小的后生动物, 通过摄食将初级生产力/次级生产传递到下一级食物链, 在生态系统的物质循环和能量流动中发挥着重要的作用。已有研究表明, 摄食类型可作为研究纤毛虫在群落功能及生态过程中的作用时使用最广泛的生物学特征 (Paganelli *et al*, 2012)。通过分析底栖纤毛虫摄食类群的变化及其影响因子, 有助于了解其生态功能的变动, 进而探究纤毛虫在底栖微食物网中的作用。本研究中通过食性的分析发现, 肉食性纤毛虫在长江口邻近海域为优势类群, 不同于潮间带藻食性纤毛虫通常为优势类群 (Du *et al*, 2012; Hamels *et al*, 2004)。在潮间带藻类作为丰富的食物来源, 促进了藻食性纤毛虫的大量繁殖, 而在离岸海域由于水深较深, 藻类数量相对较少, 其他类型的摄食方式占据优势, 但对于纤毛虫在食物网物质循环和能量传递起多大作用, 需要结合其食物现存量、摄食率、增长率及新陈代谢率等进行综合分析。

4 结论

本文利用 Ludox-QPS 方法分析了 2011 年 8 月长江口邻近海域底栖纤毛虫的群落结构及分布特点，发现底栖纤毛虫在长江口海域北部站位的丰度和生物量呈从近岸向外海增加，南部的站位呈现相反的分布趋势，且本研究所获底栖纤毛虫的丰度和生物量较东海离岸海域已有研究结果均高，揭示了其在该海域生态系统中的作用不容忽视。本研究共检获纤毛虫 106 种，通过与已有报道的分析发其多样性在长江口离岸海域高于近岸潮间带，且在离岸海域东海高于黄海。

长江口邻近海域底栖纤毛虫裂口纲种类数最多，其次是前口纲；在丰度及生物量上，前口纲均为最优势类群，核残迹纲在生物量上居第二位；食性构成上，肉食性纤毛虫均为最优势的摄食类群。上述最优势类群构成与黄海海域相同。由于较多量的伪钟虫属(*Pseudovorticella*)和原领毛虫属(*Prototrachelocerca*)种类出现导致长江口北部 L1 站的纤毛虫群落结构不同于其他站位。

致谢 中国科学院海洋研究所“科学三号”科考船全体人员及本课题组李承春和王璐协助进行沉积物样品的采集，各站位的 CTD 数据由天津科技大学魏浩教授课题组提供，在此一并致谢。

参 考 文 献

丁军军, 2012. 黄东海微小型浮游动物群落结构与分布及水母发生的影响. 青岛: 中国科学院海洋研究所硕士学位论文, 30—36

王延明, 方 涛, 李道季等, 2009. 长江口及毗邻海域底栖生物丰度和生物量研究. 海洋环境科学, 28(4): 366—370, 382

代仁海, 2012. 黄东海底栖纤毛虫多样性及微型底栖生物群落结构特点. 青岛: 中国科学院海洋研究所博士学位论文, 120—124

宋微波, 沃伦 A, 胡晓钟, 2009. 中国黄渤海的自由生纤毛虫. 北京: 科学出版社, 518

张莹莹, 张 经, 吴 莹等, 2007. 长江口溶解氧的分布特征及影响因素研究. 环境科学, 28(8): 1649—1654

周百灵, 孟昭翠, 赵 峰等, 2015. 长江口外海域微型和小型底栖生物群落结构和时空变化. 生态学报, 35(15): 5050—5063

孟昭翠, 徐奎栋, 2013. 长江口及东海春季底栖硅藻、原生动物和小型底栖生物的生态特点. 生态学报, 33(21): 6813—6824

类彦立, 徐奎栋, 2007. 海洋底栖原生动物生态学研究方法学综述. 海洋科学, 31(5): 49—57

徐奎栋, 2011. 海洋微型底栖生物的多样性与地理分布. 生物多样性, 19(6): 661—675

Azovsky A I, Mazei Y A, 2005. Distribution and community structure of benthic ciliates in the North-Eastern part of the Black Sea. Protistology, 4(2): 83—90

Azovsky A I, Mazei Y A, 2007. Structure of subtidal and intertidal communities of psammophilous ciliates of the Pechora Sea. Oceanology, 47(1): 60—67

Azovsky A I, Mazei Y A, 2013. Do microbes have macroecology? Large-scale patterns in the diversity and distribution of marine benthic ciliates. Global Ecology and Biogeography, 22(2): 163—172

Du Y F, Xu K D, Warren A *et al*, 2012. Benthic ciliate and meiofaunal communities in two contrasting habitats of an intertidal estuarine wetland. Journal of Sea Research, 70: 50—63

Fenchel T, 1968. The ecology of marine microbenthos II. The food of marine benthic ciliates. Ophelia, 5(1): 73—121

Hamels I, Sabbe K, Muylaert K *et al*, 2004. Quantitative importance, composition, and seasonal dynamics of protozoan communities in polyhaline versus freshwater intertidal sediments. Microbial Ecology, 47(1): 18—29

Hamels I, Muylaert K, Sabbe K *et al*, 2005. Contrasting dynamics of ciliate communities in sandy and silty sediments of an estuarine intertidal flat. European Journal of Protistology, 41(4): 241—250

Hausmann K, Hülsmann N, Polianski I *et al*, 2002. Composition of benthic protozoan communities along a depth transect in the eastern Mediterranean Sea. Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers, 49(11): 1959—1970

Lynn D H, 2008. The Ciliated Protozoa: Characterization, Classification, and Guide to the Literature. Dordrecht, The Netherlands: Springer, 605

Meng Z C, Xu K D, Dai R H *et al*, 2012. Ciliate community structure, diversity and trophic role in offshore sediments from the Yellow Sea. European Journal of Protistology, 48(1): 73—84

Meng Z C, Xu K D, Dai R H *et al*, 2018. Benthic ciliate diversity and community composition along water depth gradients: a comparison between the intertidal and offshore areas. European Journal of Protistology, 65(1): 31—41

Nelson D W, Sommers L E, 1982. Total carbon, organic carbon and organic matter. In: Page A L, Miller R H, Keeney D R eds. Methods of Soil Analysis: Part 2. Chemical and Microbiological Properties. Madison, Wisconsin: American Society of Agronomy, 539—597

Paganelli D, Marchini A, Occhipinti-Ambrogi A, 2012. Functional structure of marine benthic assemblages using Biological Traits Analysis (BTA): a study along the Emilia-Romagna coastline (Italy, North-West Adriatic Sea). Estuarine, Coastal and Shelf Science, 96: 245—256

Putt M, Stoecker D K, 1989. An experimentally determined carbon: volume ratio for marine “oligotrichous” ciliates from estuarine and coastal waters. Limnology Oceanography, 34(6): 1097—1103

Tittensor D P, Mora C, Jetz W *et al*, 2010. Global patterns and

predictors of marine biodiversity across taxa. Nature, 466(7310): 1098—1101

Wickham S, Gieseke A, Berminger U G, 2000. Benthic ciliate identification and enumeration: an improved methodology and its application. Aquatic Microbial Ecology, 22: 79—91

Xu K D, Du Y F, Lei Y L *et al*, 2010. A practical method of Ludox density gradient centrifugation combined with protargol staining for extracting and estimating ciliates in marine sediments. European Journal of Protistology, 46(4): 263—270

Xu Y, Stoeck T, Forster D *et al*, 2018. Environmental status assessment using biological traits analyses and functional diversity indices of benthic ciliate communities. Marine Pollution Bulletin, 131: 646—654

Zhou B L, Xu K D, 2016. Spatiotemporal variation in community structure of marine benthic ciliates in the Yellow Sea during and after macroalgal and giant jellyfish blooms. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 34(4): 629—641

DIVERSITY AND COMMUNITY STRUCTURE OF BENTHIC CILIATES IN SEDIMENTS OF CHANGJIANG RIVER ESTUARY AND ITS ADJACENT AREAS IN SUMMER

MENG Zhao-Cui[1, 2, 4], XU Kui-Dong[1, 2, 3, 4]

(1. *Department of Marine Organism Taxonomy and Phylogeny*, *Institute of Oceanology*, *Chinese Academy of Sciences*, *Qingdao* 266071, *China*; 2. *Laboratory for Marine Biology and Biotechnology*, *Pilot National Laboratory for Marine Science and Technology* (*Qingdao*), *Qingdao* 266071, *China*; 3. *University of Chinese Academy of Sciences*, *Beijing* 100049, *China*; 4. *Center for Ocean Mega-Science*, *Chinese Academy of Sciences*, *Qingdao* 266071, *China*)

Abstract Distribution and community structure of benthic ciliates in the Changjiang (Yangtze) River estuary and its adjacent areas were investigated using Ludox density centrifugation and the quantitative protargol staining methods (Ludox-QPS). The relationships of the benthic ciliates with environmental factors were studied based on the sediment samples collected from nine stations in August 2011. Results show that the mean abundance of ciliates in the upper 8 cm of the sediments was (2782±1493)cells/10cm^2 and the biomass was (10.06±6.41)μg C/10cm^2. The abundance and biomass increased from inshore to offshore in the stations in the northern part of the estuary, while those in the southern part showed the opposite trends. In vertical distribution, 62% of benthic ciliates distributed in 0—2cm sediment depth, and 12% in the 5—8cm. In this study, 106 morphospecies were identified, belonging to 15 ciliate classes/subclasses, 24 orders and 69 genera. Prostomatea was the most abundant group accounting for 45.5% of the total abundance and 56.4% of the total biomass, followed by Karyorelictea in biomass. In species number, Carnivorous ciliates ranked the first at 44, taking 40.3% of the total abundance, and 66.8% of the total biomass. However, bacterivores was the most dominant feeding type outside the estuary. Statistical analysis revealed that for the abundance of ciliate species and benthic environmental variables, the highest correlation was with the bottom water salinity. The community structure of benthic ciliates in one station (L1, shallow at 18m, warm at the bottom, and high chlorophyll *a*) in the northern of the estuary was significantly different from the rest. The ciliate abundance and biomass in the upper 8cm of sediments were higher than those in the East China Sea, which was 116 times higher in the abundance than those in the upper 30m of water column from the estuary, and 150 times higher in the biomass than pelagic ciliates. The diversity of marine benthic ciliates was higher in the offshore area than in the intertidal area of the estuary, while the ciliate diversity in the offshore area was lower in the East China Sea than in the Yellow Sea.

Key words Changjiang (Yangtze) River estuary; benthic ciliates; diversity; standing crops; distribution