

象山港紫菜区和网箱区沉积物异养细菌的生态分布

刘晶晶, 杜 萍, 曾江宁*, 陈全震, 江志兵, 寿 鹿, 廖一波

(国家海洋局第二海洋研究所, 海洋生态系统与生物地球化学重点实验室, 浙江 杭州 310012)

摘要:为探讨紫菜和网箱两类海水养殖活动对沉积物异养细菌生态分布的影响,于2006年1月和2006年10月对象山港紫菜养殖区、网箱养殖区沉积物细菌数量和群落结构进行了研究,并与周边非养殖海域对照点进行了比较。结果显示,沉积物异养细菌数量呈现10月份>1月份,网箱养殖区>网箱对照区>紫菜养殖区和紫菜对照区的分布特点,各区异养细菌数量平均值依次为 $(9.6 \times 10^4 \pm 2.0 \times 10^5)$ 、 $(1.5 \times 10^4 \pm 2.4 \times 10^4)$ 、 $(4.3 \times 10^3 \pm 1.6 \times 10^3)$ 和 $(4.7 \times 10^3 \pm 3.0 \times 10^3)$ cfu/g。紫菜养殖区分离细菌109株,归属于17个属,其中芽孢杆菌属(*Bacillus*)、棒状杆菌属(*Coryneforms*)为优势菌属;紫菜对照区分离细菌95株,归属于18个属,其中芽孢杆菌属、棒状杆菌属为优势菌群;网箱养殖区分离细菌136株,归属于11个属,其中假单胞菌属(*Pseudomonas*)、弧菌属(*Vibrio*)、芽孢杆菌属、不动杆菌属(*Acinetobacter*)为优势菌群;网箱对照区分离细菌110株,归属于11个属,芽孢杆菌属、棒状杆菌属、假单胞菌属、不动杆菌属、弧菌属为优势菌属。紫菜区和紫菜对照区沉积物检出菌属大多为海洋沉积物中的常见菌属,细菌群落多样性较网箱区和网箱对照区高,而网箱区沉积物长期受到高有机质等外界条件的选择作用,系统中细菌群落多样性下降,菌属组成与污浊海域相似,并且这种影响可能已波及至周边海域。可见,两类养殖区沉积物细菌分布特征存在明显差异,细菌数量和菌属组成与养殖自身污染密切相关。

关键词:细菌数量;群落组成;紫菜区;网箱区;象山港

中图分类号:Q 938.8; S 968.4

文献标志码:A

以网箱养殖为主的海水养殖过程中趋于简单化的生态系统结构导致了系统内部生态效率低下、物流能流阻塞或无法得到循环等缺陷,造成养殖生态系统输出的废物、残饵、排泄物等大量排入海中,加上网箱养殖区通常设在水交换率较低的内湾,当养殖容量超出了海域的环境容量时,就会引发一系列较严重的生态环境问题,如富营养化、养殖病害等^[1-2]。Paez-Osuna等^[3]研究了养殖海域底泥中的物质平衡,发现养殖过程输入水体的总氮、总磷和颗粒物分别有24%、84%和93%沉积在底泥里,而富集在底泥里的这些污染物在一定条件下又会重新释放出来。La Rosa等^[4]研究

发现在贫营养海域,这些进入水体和沉积物中的污染物还可造成生态系统中大型、小型以及微型生物群落结构的改变。大型海藻能固碳、产生氧气,调节水体的pH,同时大型藻类与养殖动物具有生态上的互补性,它们能吸收养殖动物释放到水体中多余的营养盐^[5]。

细菌等微生物是最为敏感并极易受环境影响的生物类群^[6-7],它们不仅是海洋生态系统中生物量的重要组成部分,显著影响其中的物质循环和能量流动,同时也是反映环境质量状况的重要指标^[8]。因此,细菌等微生物的群落结构组成对养殖生态系统健康运转具有重要影响,也反映了

收稿日期:2011-11-23 修回日期:2012-06-03

资助项目:国家重点基础研究发展计划项目(2010CB428903);海洋公益性行业科研专项经费项目(2013418043-3,200805069);浙江省自然科学基金项目(Y5100401);浙江省近岸水域生物资源开发与保护重点实验室开放基金项目(J2012003,2010F30003);浙江省海水养殖重点科技创新团队项目(2010R50025)

通讯作者:曾江宁,E-mail:jiangningz@126.com

养殖生态环境的健康状况。目前网箱养殖和海藻养殖沉积生境中细菌生态分布的对比研究较少。

象山港位于浙江沿海中部偏北,为一狭长形海湾,是浙江省最重要的水产养殖基地之一,养殖种类丰富,但是由于象山港水动力条件较弱,港内与外海的水体交换周期较长,港内海洋自净能力弱、环境容量小、生态脆弱^[9-10],为维持养殖业的健康持续发展,需要建立合理的水产养殖模式和良好的养殖生态环境。本实验拟对象山港紫菜和网箱两类养殖区的沉积物异养细菌生态分布进行研究,有助于了解不同类型养殖区的生态状况以及养殖活动对海域生态环境的影响,为保护港湾生态环境、优化水产养殖模式提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 采样时间和站位布设

现场采样时间为 2006 年 1 月和 2006 年 10 月。采样站位 W 和 Z 分别位于网箱养殖区和紫菜养殖区,采样站位 F1 和 F2 分别位于距离网箱区和紫菜区约 150 m 的对照区,站位布设见图 1。站位 W 和 Z 所在区域养殖网箱和紫菜已有数十年历史,站位选择具有典型代表性,由于沉积物受到水动力等因素的影响较小,具有相对稳定性和历史记录性,其生境状况能较真实地反映长期养殖活动产生的影响。

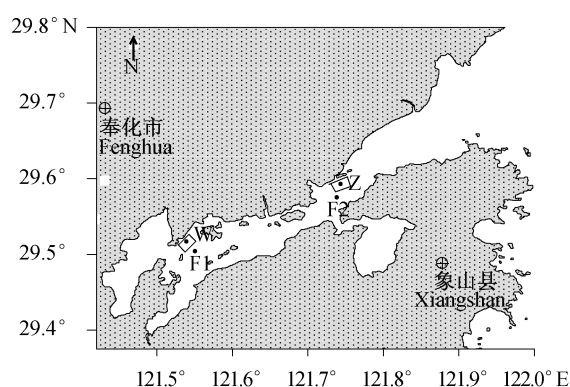


图 1 采样站位图
Fig. 1 Sampling sites

1.2 采样和分析方法

利用单管重力型柱状采泥器采集沉积物样品,按照无菌操作要求,使用无菌压舌板刮取柱状样 0~1 cm、10~11 cm、20~21 cm 泥层样品,采集至无菌平皿中,封装并作好标记,装入冷藏箱中,2 h 内运回实验室进行检测分析。

根据检测分析需要,将沉积物样品按十倍稀释法制成 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3} , 10^{-4} 稀释样。异养细菌计数采用平板计数法^[11]。采用的培养基为 ZoBell 2216 E 固体培养基。

1.3 细菌分离和鉴定

细菌培养 48、96 h 后选取 ZoBell 海水 2216E 平板,且菌落数在 30~300 cfu 的平板进行细菌的随机挑取,每个样品分离 20~30 株细菌。分离的菌株纯化 2~3 次,接种于斜面,15% 甘油(事先灭菌)封口,4℃ 保存。所有菌株按美国 Oliver 海洋细菌鉴定系统及《常见细菌系统鉴定手册》^[12] 提供的图式鉴定至属。

1.4 理化因子的测定

海水温度和盐度,沉积物有机质和氧化还原电位等理化因子的测定方法参照文献[11]。

1.5 数据处理

多样性指数 (H') 根据 Shannon-Weiner 指数公式 $H' = -\sum_{i=1}^S P_i \log_2 P_i$ 计算,其中 P_i 为第 i 属细菌在群落中的相对丰度^[13]。多样性指数可以反映每个采样区细菌群落的多样性程度。利用 Statistic 6.0 软件对理化因子和细菌数据进行站位、季节和采样层次的多因素方差分析 (multivariate analysis of variance, MANOVA),显著水平设置为 0.05。

2 结果

2.1 异养细菌数量分布

不同站位、季节及层次对异养细菌数量的主效应具有显著性 ($P < 0.01$),且相互间存在交互作用 ($P < 0.01$) (表 1)。

站位分布上,异养细菌数量呈现网箱区 W [平均值 ($9.6 \times 10^4 \pm 2.0 \times 10^5$) cfu/g] > 网箱对照区 F1 [平均值 ($1.5 \times 10^4 \pm 2.4 \times 10^4$) cfu/g] > 紫菜对照区 F1 [平均值 ($4.3 \times 10^3 \pm 1.6 \times 10^3$) cfu/g] 和紫菜区 Z [平均值 ($4.7 \times 10^3 \pm 3.0 \times 10^3$) cfu/g] 的分布特点。

垂直分布上,网箱养殖区及其对照点的异养细菌主要集中在沉积物表层,且细菌数量随深度增加迅速减少。紫菜区和紫菜对照区各采样层异养细菌数量差异没有网箱区和网箱对照区明显。

时间分布上,各采样点异养细菌数量总体呈现 10 月 > 1 月的分布特点,网箱区异养细菌数量季节变幅最大,10 月和 1 月异养细菌数量平均值

分别为 $(1.8 \pm 2.7) \times 10^5$ 和 $(1.2 \pm 1.5) \times 10^4$ cfu/g。网箱对照区、紫菜区和紫菜对照区细菌数量的季节变幅都在一个数量级内,其中 10 月和 1 月网箱对照区异养细菌数量平均值分别为 $(2.0 \pm 3.0) \times 10^4$ 和 $(1.0 \pm 1.6) \times 10^4$ cfu/g,紫菜区异养细菌数量平均值分别为 $(6.0 \pm 3.8) \times 10^3$ 和 $(3.5 \pm 1.2) \times 10^3$ cfu/g,紫菜对照区异养细菌数量平均值分别为 $(5.1 \pm 1.1) \times 10^3$ 和 $(3.6 \pm 1.6) \times 10^3$ cfu/g。

表 1 方差分析结果
Tab.1 The results of multivariate analysis of variance

	异养细菌 heterotrophic bacteria	有机质 organic matter	氧化还原电位 redox potential
站位 station	$F_{3,48} = 166.71, P < 0.01$	$F_{3,48} = 907.81, P < 0.01$	$F_{3,48} = 1440.62, P < 0.01$
季节 season	$F_{1,48} = 176.84, P < 0.01$	$F_{1,48} = 119.00, P < 0.01$	$F_{1,48} = 203.04, P < 0.01$
层次 layer	$F_{2,48} = 257.09, P < 0.01$	$F_{2,48} = 824.58, P < 0.01$	$F_{2,48} = 3377.07, P < 0.01$
交互作用 interactions			
站位 × 季节 station × season	$F_{3,48} = 144.07, P < 0.01$	$F_{3,48} = 12.72, P < 0.01$	$F_{3,48} = 124.42, P < 0.01$
站位 × 层次 station × layer	$F_{6,48} = 165.24, P < 0.01$	$F_{6,48} = 37.67, P < 0.01$	$F_{6,48} = 235.90, P < 0.01$
季节 × 层次 season × layer	$F_{2,48} = 166.87, P < 0.01$	$F_{2,48} = 0.02, P = 0.98$	$F_{2,48} = 94.63, P < 0.01$
站位 × 季节 × 层次 station × season × layer	$F_{6,48} = 140.96, P < 0.01$	$F_{6,48} = 30.42, P < 0.01$	$F_{6,48} = 148.22, P < 0.01$

2.2 异养细菌数量与有机质、氧化还原电位的关系

调查站位 1 月和 10 月底层水温变化范围分别为 8.7 ~ 8.9 ℃ [平均值 (8.9 ± 0.1) ℃] 和 26.0 ~ 26.4 ℃ [平均值 (26.2 ± 0.1) ℃], 底层水温季节变化明显。1 月和 10 月底层盐度变化范围分别为 23.9 ~ 25.4 [平均值 (24.7 ± 0.6)] 和 26.5 ~ 26.8 [平均值 (26.7 ± 0.1)]。同一航次内各站位间的水温、盐度差异不显著,表层泥中异养细菌与底层水温、盐度无显著相关性。

沉积物有机质含量和氧化还原电位分布如图 3,不同站位、季节及层次对沉积物有机质、氧化还原电位产生的主效应和存在的交互作用结果见表 1。由表 1 可见,不同站位、季节及层次对有机质、氧化还原电位的主效应具有显著性 ($P < 0.01$),除季节和层次对有机质的交互作用不显著外,其余交互作用均显著 ($P < 0.01$)。有机质含量表现为网箱养殖区 W > 网箱对照区 F1 > 紫菜区 Z 和紫菜对照区 F2,其中网箱区 W 有机质含量比网箱对照区 F1、紫菜区 Z 和紫菜对照区 F2 分别高 18.2%、47.5% 和 50.1%。氧化还原电位分布与有机质呈相反趋势,表现为网箱养殖区 W < 网箱对照区 F1 < 紫菜对照区 F2 < 紫菜 Z 区的分布特点。沉积物异养细菌数量与有机质具有显著正相关性 ($r = 0.511, n = 72, P < 0.01$),与氧化还原电位具有一定的负相关性,但不显著 ($r = -0.085, n = 72, P > 0.05$)。

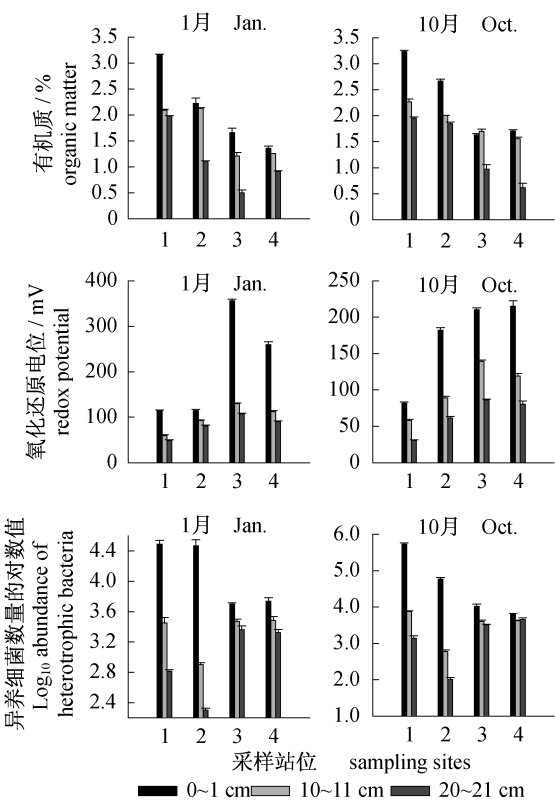


图 2 沉积物异养细菌数量、有机质和氧化还原电位分布图(1 月和 10 月)
1. 网箱区;2. 网箱对照;3. 紫菜区;4. 紫菜对照。
Fig.2 Distribution of heterotrophic bacterial abundance, organic matter and redox potential in sediment in Jun. and Oct.
1. cage culture area; 2. reference site near cage; 3. laver culture area; 4. reference site near laver culture.

2.3 异养细菌菌群组成

紫菜区 Z 站位分离细菌 109 株, 归属于 17 个属, 其中芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、棒状杆菌属 (*Coryneforms*) 等为优势菌属。紫菜对照区 F2 站位分离细菌 95 株, 归属于 18 个属, 其中芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、棒状杆菌属 (*Coryneforms*) 等为优势菌群。网箱区 W 站位分离细菌 136 株, 归属于 11 个属, 其中假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、弧菌属 (*Vibrio*)、芽孢杆菌属、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 等为优势菌群。网箱对照区 F1 站位分离细菌 110 株, 归属于 11 个属, 芽孢杆菌属、棒状杆菌属、假单胞菌属、不动杆菌属、弧菌属等为优势菌属。各区域 1 月和 10 月检测到的细菌种属有所差异: 紫菜区 1 月有检测到葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、链球菌属 (*Streptococcus*)、黄单胞菌属 (*Xanthomonas*)、屈挠杆菌属 (*Flexibacter*) 和肠道杆菌科部分属

(*Enterbacteriaceae*), 10 月有检测到盐水球菌属 (*Salinococcus*)、不动杆菌属和嗜纤维菌属 (*Cytophaga*); 紫菜对照区 1 月有检测到链球菌属、黄单胞菌属、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、产碱杆菌属 (*Alcaligenes*)、莫拉菌属 (*Moraxella*), 10 月有检测到小球菌属 (*Microccus*)、葡萄球菌属、梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 和气单胞菌属 (*Aeromonas*); 网箱区 1 月出现的乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 在 10 月未检测到, 10 月有检测到小球菌属和肠道杆菌科部分属; 网箱对照区 1 月检测到乳杆菌属和气单胞菌属, 10 月有检测到小球菌属、梭状芽孢杆菌属和肠道杆菌科部分属。可见, 各区域 1 月和 10 月检测到的菌属组成有所差异, 但是优势菌属变化不大。

各采样点异养细菌菌群组成及多样性见表 2。从计算结果可以看出, 网箱区和网箱对照区细菌群落多样性低于紫菜区和紫菜对照区。

表 2 采样点沉积物 (1 月和 10 月) 细菌菌群组成
Tab. 2 Composition of bacterial community in the sediment of sampling sites in Jan. and Oct.

属名 genus	采样点 sampling sites							
	F2		W		F1		Z	
	Jan.	Oct.	Jan.	Oct.	Jan.	Oct.	Jan.	Oct.
革兰氏阳性菌 G ⁺								
芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	16	17	15	16	14	13	13	12
棒状杆菌属 <i>Coryneforms</i>	1	1	8	9	13	15	12	11
小球菌属 <i>Microccus</i>	0	2	0	1	3	2	0	3
葡萄球菌属 <i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	4	0	0	1
乳杆菌属 <i>Lactobacillus</i>	1	0	1	0	5	4	4	3
链球菌属 <i>Streptococcus</i>	0	0	0	0	2	0	2	0
梭状芽孢杆菌属 <i>Clostridium</i>	4	6	0	1	0	0	0	1
盐水球菌属 <i>Salinococcus</i>	0	0	0	0	0	3	1	1
革兰氏阴性菌 G ⁻								
假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	18	15	11	10	3	3	4	5
弧菌属 <i>Vibrio</i>	13	18	6	9	3	4	3	4
黄单胞菌属 <i>Xanthomonas</i>	0	0	0	0	2	0	1	0
黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i>	3	5	1	3	2	2	3	0
不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i>	9	6	9	8	0	1	1	2
肠道杆菌科部分属 <i>Enterbacteriaceae</i>	0	1	0	1	1	0	1	1
屈挠杆菌属 <i>Flexibacter</i>	0	0	0	0	1	0	0	1
产碱杆菌属 <i>Alcaligenes</i>	0	0	0	0	1	2	2	0
气单胞菌属 <i>Aeromonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	2
莫拉菌属 <i>Moraxella</i>	0	0	0	0	2	2	1	0
嗜纤维菌属 <i>Cytophaga</i>	0	0	0	0	0	2	0	0
总计 total	65	71	52	58	56	53	48	47
H'	2.51	2.66	2.53	2.70	3.25	3.05	3.07	3.13

3 讨论

3.1 水温、盐度变化对沉积物细菌分布的影响

温度是影响生物酶活性的重要因子^[14],从季节变化看,水温增加对细菌增殖具有一定的促进作用,这与其它海域调查结果一致^[15-16],但在两次调查期间内,水温与细菌分布无明显相关性。调查海域各站位盐度变化较小,相关性结果分析得知细菌受盐度分布影响不明显。可见在较小时时间尺度上,水温和盐度不是影响该海域异养细菌水平分布的主要原因。

3.2 紫菜养殖和网箱养殖对沉积物细菌数量的影响

研究报道鱼类养殖产生的残饵、粪便及残骸等可造成底泥有机质富集^[17-18],与之相比,紫菜养殖向底泥输入的有机质含量相对较少,主要由藻体脱落碎屑形成,同时海藻具有净化环境的功能^[19-21],还可暂时吸附海水中带来的泥沙,逐步地沉积为底质。本研究海域有机质分布便呈现网箱区最高,网箱对照点其次,紫菜区和紫菜对照区最低的分布特点。有机质含量的高低形成了与之相应的异养细菌丰度,与已有研究报道的有机质可刺激细菌生长^[22]的结果一致。

Wu 等^[23]研究报道网箱底部沉积物耗氧率比对照区高 2~5 倍,有机质富集可能导致底质逐渐向缺氧环境转变^[24]。本研究海域亦有此特点,在有机质富集的网箱区底泥氧化还原电位显著低于紫菜区和对照区。同时,沉积物氧化还原状态的改变对有机质的分解状况以及微生物的生长分布会产生重要影响^[25-26],从本研究对氧化还原电位和细菌数量相关性结果分析得知,后者的分布情况与前者密切相关。

由此可见,网箱养殖和紫菜养殖形成了不同的底泥环境和细菌数量,并且养殖活动对各自周边海域的底质生境可能也产生了一定程度的影响。

3.3 紫菜养殖和网箱养殖对沉积物细菌群落的影响

已有研究显示,养鱼场和对照点底泥细菌群落结构存在较大差异,养鱼场底泥革兰氏阴性菌比对照点革兰氏阴性菌所占比例高,对照点革兰氏阳性菌往往占多数。如 Chelossi 等^[27]研究发现沿海养鱼场沉积物中有超过 30% 的革兰氏阴性菌,对照点(距养殖场 200 m)革兰氏阴性菌很少,革兰氏阳性

菌占 81%。Vezzulli 等^[22]对西地中海海区一养鱼场沉积物微生物群落的研究发现,养殖区沉积物中异养细菌 CBF (*Cytophaga/Flexibacter-like bacteria*) 占优势,且存在弧菌等病原菌,而对照点(距养殖场 200 m)革兰氏阳性菌数量达到总菌数的 90%。本研究结果显示,网箱养殖区和网箱对照区革兰氏阴性菌均占据多数,都在 55% 以上,并且都以假单胞菌属、弧菌属、芽孢杆菌属和不动杆菌属等占优势,与污浊海域存在较多的假单胞菌、不动杆菌及一般的陆生芽孢杆菌属等^[28]相似。从本研究的结果可以看出,底质微生物群落结构受到网箱养殖活动的影响,并且该影响范围可能已波及至距离网箱区 150 m 处的海域。而紫菜养殖区、紫菜对照区底泥细菌群落结构与网箱区存在较大差异,革兰氏阳性菌占优势(65% 以上),其中弧菌属和假单胞菌属所占比例较低,大多为海洋沉积物中的常见菌属,如芽孢杆菌属^[29]。

从多样性分析结果看,调查海域紫菜和紫菜对照区细菌群落多样性较高,网箱养殖区细菌群落多样性最低。分析原因,可能是大型海藻提供了空间异质性和高度多样化的生境,同时具有净化环境的功能^[30],有利于维持海洋生物多样性和生态系统的健康^[31]。而网箱区底泥细菌群落由于长期受到高有机质等外界条件的选择作用,某些特定的细菌类群高度富集,从而使细菌群落多样性下降。赵阳国等^[32]研究证明了污染物的长期排放将降低自然生态系统中微生物多样性,该结果也在本研究中得到了佐证。

近年来,有研究发现紫菜外生细菌对常见测试菌、海水养殖动物致病菌和人致病菌具有抑菌活性,通过多条途径调节藻际微生物区系的平衡^[33-34],该结果可能意味着大型海藻养殖能起到调控和改善水体和沉积物细菌群落结构的作用,但需在今后进一步研究探讨。

衷心感谢高爱根、刘小涯、姚龙奎、于培松、薛斌、杨丹等老师在出海调查期间的大力帮助;感谢化学组提供理化参数的调查资料。

参考文献:

- [1] 胡文佳,杨圣云,朱小明. 海水养殖对海域生态系统的影响及其生物修复[J]. 厦门大学学报:自然科学版,2007,46(1):197-202.
- [2] Saiki R K, Gelfand D H, Stoffel S J, et al. Primer

- directed enzymatic amplification of DNA with thermostable DNA polymerase [J]. *Science*, 1988, 239(4839):487-491.
- [3] Paez-Osuna F. The environmental impact of shrimp aquaculture; a global perspective [J]. *Environmental Pollution*, 2001, 112(2):229-231.
- [4] La Rosa T, Mirto S, Mazzola A, *et al.* Differential responses of benthic microbes and meiofauna to fish farm disturbance in coastal sediments [J]. *Environmental Pollution*, 2001, 112(3):427-434.
- [5] Troell M, Halling C, Nilsson A, *et al.* Integrated marine cultivation of *Gracilaria chilensis* (Gracilariales, Rhodophyta) and salmon cages for reduced environmental impact and increased economic output [J]. *Aquaculture*, 1997, 156(1-2):45-61.
- [6] 冯胜, 秦伯强, 高光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应 [J]. *环境科学学报*, 2007, 27(11):1823-1829.
- [7] Danovaro R, Tselepidis A, Otegui A, *et al.* Dynamics of meiofaunal assemblages on the continental shelf and deep-sea sediments of the Cretan Sea (NE Mediterranean): relationships with seasonal changes in food supply [J]. *Progress in Oceanography*, 2000, 46(2-4):367-400.
- [8] Griffin D W, Lipp E K, McLaughlin M R, *et al.* Marine recreation and public health microbiology: quest for the ideal indicator [J]. *BioScience*, 2001, 51(10):817-825.
- [9] 张丽旭, 赵敏, 付旭强, 等. 近 22 年来象山港海域水环境变化趋势及 R/S 预测研究 [J]. *海洋湖沼通报*, 2010(1):115-120.
- [10] 吕华庆, 常抗美, 石钢德. 象山港氮、磷营养盐环流和分布规律的研究 [J]. *海洋与湖沼*, 2009, 40(2):138-144.
- [11] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局. 海洋监测规范 17378.7-2007 [S]. 北京: 中国标准出版社, 2008.
- [12] 东秀珠, 蔡妙英. 常见细菌系统鉴定手册 [M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [13] Shannon C E, Weaver W. The Mathematical theory of communication [M]. Urbana, Illinois: University of Illinois Press, 1949.
- [14] Tank M, Blümel M, Imhoff J F. Communities of purple sulfur bacteria in a Baltic Sea coastal lagoon analyzed by *pufLM* gene libraries and the impact of temperature and NaCl concentration in experimental enrichment cultures [J]. *Microbiology Ecology*, 2011, 78(3):428-438.
- [15] Shiah F K, Ducklow H W. Temperature regulation of heterotrophic bacterioplankton abundance, production, and specific growth rate in Chesapeake Bay [J]. *Limnology and Oceanography*, 1994, 39(6):1243-1258.
- [16] Cota G F, Pomeroy L R, Harrison W G, *et al.* Nutrients, primary production and microbial heterotrophy in the southeastern Chukchi Sea: Arctic summer nutrient depletion and heterotrophy [J]. *Marine Ecology Progress Series*, 1996, 135(196):247-258.
- [17] Cook E J, Black K D, Sayer M D J, *et al.* The influence of caged mariculture on the early development of sublittoral fouling communities: a pan-European study [J]. *Journal of Marine Science*, 2006, 63(4):637-649.
- [18] Sarà G, Scilipoti D, Mazzolai A, *et al.* Effects of fish farming waste to sedimentary and particulate organic matter in a southern Mediterranean area (Gulf of Castellammare, Sicily): a multiple stable isotope study ($\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$) [J]. *Aquaculture*, 2004, 234(1-4):199-213.
- [19] 张继红, 方建光, 唐启升. 中国浅海贝藻养殖对海洋碳循环的贡献 [J]. *地球科学进展*, 2005, 20(3):359-365.
- [20] Gao K S, McKinley K R. Use of macroalgae for marine biomass production and CO_2 remediation [J]. *Journal of Applied Phycology*, 1994, 6(1994):45-60.
- [21] Flynn K J. Algal carbon-nitrogen metabolism: A biochemical basis for modeling the interactions between nitrate and ammonium uptake [J]. *Journal of Plankton Research*, 1991, 13(2):373-387.
- [22] Vezzulli L, Chelossi E, Riccardi G, *et al.* Bacterial community structure and activity in fish farm sediments of the Ligurian sea (Western Mediterranean) [J]. *Aquaculture International*, 2002, 10(2):123-141.
- [23] Wu R S. The environmental impact of marine fish culture: towards a sustainable future [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 1995, 31(4-12):159-166.
- [24] Yoza B A, Harada R M, Nihous G C, *et al.* Impact of mariculture on microbial diversity in sediments near open ocean farming of *Polydactylus sexfilis* [J]. *Ecological Indicators*, 2007, 7(1):108-122.
- [25] McLatchey G P, Reddy K R. Regulation of organic matter decomposition and nutrient release in a wetland soil [J]. *Journal of Environmental Quality*, 1998, 27(5):1268-1274.
- [26] Song Y, Deng S P, Acosta-Martinez V, *et al.* Characterization of redox-related soil microbial communities along a river floodplain continuum by

- fatty acid methyl ester(FAME) and 16S rRNA genes [J]. *Applied Soil Ecology*,2008,40(3):499–509.
- [27] Chelossi E, Vezzulli L, Milano A, *et al.* Antibiotic resistance of benthic bacteria in fish-farm and control sediments of the Western Mediterranean [J]. *Aquaculture*,2003,219(1–4):83–97.
- [28] 陈世阳,包文雅,李八方,等. 乳山湾的污染与异养微生物的调查分析[J]. *山东海洋学院学报*,1987,17(4):86–94.
- [29] Maeda M, Mizuki E, Nakamura Y, *et al.* Recovery of *Bacillus thuringiensis* from marine sediments of Japan [J]. *Current Microbiology*,2000,40(6):418–422.
- [30] 谢恩义,陈秀丽,申玉春,等. 流沙湾 7 种海藻栽培比较及其对栽培海区水质的影响[J]. *热带海洋学报*,2011,30(3):69–75.
- [31] 杨宇峰,宋金明,林小涛,等. 大型海藻栽培及其在近海环境的生态作用[J]. *海洋环境科学*,2005,24(3):77–80.
- [32] 赵阳国,任南琪,王爱杰,等. 有机污染物对水体真细菌群落结构的影响[J]. *微生物学报*,2007,47(2):313–318.
- [33] 杨锐,方文雅,单媛媛,等. 条斑紫菜外生细菌的遗传多样性[J]. *海洋学报*,2008,30(4):161–168.
- [34] 方文雅,杨锐,朱鹏,等. 紫菜外生细菌抑菌活性及其多聚酮合酶(PKS I)基因筛选[J]. *微生物学报*,2009,49(2):153–160.

Ecological distribution of bacteria in the sediment of the laver culture area and cage culture area in Xiangshangang Bay

LIU Jing-jing, DU Ping, ZENG Jiang-ning*, CHEN Quan-zhen, JIANG Zhi-bing, SHOU Lu, LIAO Yi-bo
(Laboratory of Marine Ecosystem and Biogeochemistry, the Second Institute of Oceanography,
State Oceanic Administration, Hangzhou 310012, China)

Abstract: Microbiological investigation was performed to determine the mariculture impact on the ecological distribution of bacteria in the sediment of the laver culture area and cage culture area of Xiangshangang Bay in January and October, 2006, and the results were compared with those in adjacent non-cultured area of cage and laver culture. Bacterial quantity presents a series of characters in sediment: Higher bacterial number was observed in Oct. than that in Jan., and the horizontal distribution of bacterial quantity displayed that Cage culture area [average of $(9.6 \times 10^4 \pm 2.0 \times 10^5)$ cfu/g] > Reference site near cage [average of $(1.5 \times 10^4 \pm 2.4 \times 10^4)$ cfu/g] > Laver culture area [average of $(4.3 \times 10^3 \pm 1.6 \times 10^3)$ cfu/g] and Reference site near laver culture [average of $(4.7 \times 10^3 \pm 3.0 \times 10^3)$ cfu/g]. 109 strains of heterotrophic bacteria isolated from laver culture area mainly belonged to 17 genera, and *Bacillus* and *Coryneforms* were the dominant genera. 95 strains isolated from reference site near laver culture mainly belonged to 18 genera, and *Bacillus* and *Coryneforms* were the dominant genera. 136 strains isolated from cage culture area mainly belonged to 11 genera, and *Bacillus*, *Coryneforms*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter* and *Vibrio* were the dominant genera. Bacteria in sediment under laver culture and reference site near laver culture were mostly common ones that appeared in marine sediment, and the microbial densities in these two areas were higher than that in cage culture area and reference site near cage. Because of long-term drainage of organic matters, cage culture sediment's microbial density had reduced, its bacterial composition was similar to that in muddy sea areas, and the effect on bacterial community induced by culture has spread to its adjacent area. It is clear that there exist differences in the characters of bacterial ecological distribution in laver and cage culture areas, and bacterial quantitative distribution and community structures were closely related to self-pollution status of mariculture.

Key words: bacterial abundance; bacterial community; laver culture area; cage culture area; Xiangshangang Bay

Corresponding author: ZENG Jiang-ning. E-mail: jiangningz@126.com