

新疆博斯腾湖浮游细菌丰度对富营养化及咸化的响应^{*}

赛·巴雅尔图¹, 黄瑾^{2,3}, 谢贵娟^{2,4}, 冯丽¹, 胡随喜¹, 汤祥明^{2**}

(1: 新疆巴音郭楞蒙古自治州博斯腾湖科学研究所, 库尔勒 841000)

(2: 中国科学院南京地理与湖泊研究所湖泊与环境国家重点实验室, 南京 210008)

(3: 南京信息工程大学环境科学与工程学院, 南京 210044)

(4: 安徽农业大学生命科学学院, 合肥 230036)

摘要: 本文以地处干旱地区我国最大的内陆淡水湖——博斯腾湖为研究对象,于2010年6月,在博斯腾湖大小湖区共选取23个采样点,采用表面荧光显微镜直接计数法(FDC)研究了水体中浮游细菌丰度的空间分布规律及其与环境因子的关系。结果表明:博斯腾湖水体中总氮(TN)浓度在0.26–1.45 mg/L之间变动(均值0.91 mg/L),已达到中营养和富营养水平。水体的矿化度(TDS)在219–1696 mg/L之间变动(均值1125 mg/L),已达到微咸水湖的标准。水体中浮游细菌的丰度变动在 1.41×10^6 – 4.57×10^6 cells/ml之间(均值 2.89×10^6 cells/ml),其峰值出现在人为活动强烈的金沙滩(5#点)与污染较重的西北部湖区,最低值出现在盐度最低、污染最轻的河口区(14#点)。聚类分析结果显示,博斯腾湖的23个采样点可以分为淡水区(FR)和微咸水区(BLR)两个类群。微咸水区的TDS、电导率、盐度、TN、高锰酸盐指数、氯化物、硫酸盐的含量及浮游细菌的丰度均显著高于淡水区,浮游细菌的丰度与 COD_{Mn} 及 Cl⁻ 呈显著正相关。浮游细菌的空间分布差异是其作为一个敏感指标对水体富营养化及咸化加剧的响应。

关键词: 博斯腾湖; 浮游细菌丰度; 富营养化; 咸化

Response of planktonic bacterial abundance to eutrophication and salinization in Lake Bo-sten, Xinjiang

SAI · Bayartu¹, HUANG Jin^{2,3}, XIE Guijuan^{2,4}, FENG Li¹, HU Suixi¹ & TANG Xiangming²

(1: Institute of Boosten Lake, Environmental Protection Bureau of Bayingolin Mongolia Autonomous Prefecture, Korle 841000, P. R. China)

(2: State Key Laboratory of Lake Science and Environment, Nanjing Institute of Geography and Limnology, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, P. R. China)

(3: College of Environmental Science and Engineering, Nanjing University of Science Information and Technology, Nanjing 210044, P. R. China)

(4: School of Life Science, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, P. R. China)

Abstract: To investigate the response of planktonic bacterial abundance to lake eutrophication and salinization in drought zones, water samples of 23 stations in Lake Boosten were collected in June, 2010. The DAPI-combined epifluorescence direct counting method (DAPI-FDC) was used to identify the spatial distribution pattern of planktonic bacterial abundance and the relationship with the environmental parameters. The results showed that the epilimnetic total nitrogen (TN) concentration in Lake Boosten was ranged 0.26–1.45 mg/L (mean = 0.91 mg/L), indicating a mesotrophic and eutrophic level. The concentration of total dissolved solids (TDS) varied from 219 mg/L to 1696 mg/L (mean = 1125 mg/L), which indicated that Lake Boosten is a brackish lake now. The abundance of planktonic bacteria was ranged ($1.41 - 4.57$) $\times 10^6$ cells/ml (mean = 2.89×10^6 cells/ml), with the higher values appeared in station 5 and other heavily polluted northwest lake regions, and the lowest value appeared in the sta-

* 国家水体污染防治与治理科技重大专项项目(2009ZX07106-004)和环保公益性行业科研专项项目(200909048)联合资助。2010-12-02 收稿; 2011-03-04 收修改稿。赛·巴雅尔图,男,1973 年生,学士,高级工程师; E-mail: byrt@163.com.

** 通讯作者; E-mail: xmtang@niglas.ac.cn.

tion 14 located in the estuary. Cluster analysis showed that the 23 sampling stations can be divided into two groups: freshwater region (FR) and brackish lake region (BLR). Compared with freshwater region, the concentrations of TDS, electrical conductivity, salinity, COD_{Mn}, chloride and sulfate in brackish lake region were significantly higher. The bacterial abundance was significantly positive correlated with COD_{Mn} and Cl⁻. In summary, the spatial distribution pattern of bacterial abundance was a response to different levels of nutrients and salinity in Lake Bosten. Hence the abundance of bacteria was a sensitive indicator reflecting the eutrophication and salinization.

Keywords: Lake Bosten; planktonic bacterial abundance; eutrophication; salinization

湖泊富营养化是世界范围内一个突出的环境问题,已引起人们的广泛关注^[1-3],大量研究表明富营养化过程中微生物起着重要作用^[4]。在湖泊生态系统中,细菌是最为敏感并极易受环境影响的微生物类群之一。他们不仅是有机物质的分解者和转化者,在生态系统的生物地球化学循环和能量流动中具有重要意义;同时,又是微食物网(Microbial food web)中最重要的核心组分之一^[5-8],可以吸收水体中溶解性有机物(DOM),将之转化为颗粒性有机物(POM)并通过原生动物与浮游动物等的摄食,形成二次生产^[4,9-11]。

鉴于细菌在水域生态系统中的重要作用,国内外许多学者对细菌丰度、细菌群落结构及影响因子等进行了大量的研究,并取得了一定的进展^[4,12]。这些研究大多集中在海洋或河口^[13]、贫营养深水湖泊、富营养化湖泊(如太湖、杭州西湖、武汉东湖)等生态系统中,研究表明湖泊的营养状态影响着细菌的丰度、群落结构及细菌参与的营养盐生物地球化学循环过程^[14-17]。此外,Wu等^[18]对于青藏高原不同盐度湖泊中浮游细菌的研究表明,盐度是影响湖泊浮游细菌群落结构和组成的重要环境因子。但是,到目前为止,对于位于干旱半干旱地区,且处于富营养化早期及轻度咸化湖泊中细菌的丰度、群落结构及功能的研究还少有报导。

博斯腾湖地处新疆巴音郭楞蒙古自治州境内,是我国最大内陆淡水湖,也是干旱半干旱地区最具代表性的内陆湖泊之一。近年来,由于流域内人口数量的急剧增长,加之水资源的不合理开发利用,使得湖水水位逐渐下降,矿化度不断增加,局部水体出现富营养化趋势^[19-20]。由于博斯腾湖水域辽阔、水体理化参数空间异质性强、生态系统正处于剧烈变动之中等特征,使之成为研究湖泊咸化与富营养化微生物学机制的理想场所。

对博斯腾湖不同水域水体中细菌数量的定量描述及其与环境因子关系的研究,将有助于揭示水生细菌对咸化过程及污染负荷增加的响应机制。然而,天然水环境中的微生物仅有0.001%~3%可以被分离培养^[21],利用传统的平板菌落计数方法不能获取水体中比较真实的细菌丰度信息,更无法了解特定的环境因子是如何导致生境中特定微生物种群组成的变化^[12]。利用荧光染料DAPI(4,6-diamidino-2-phenylindole)与表面荧光显微镜结合、直接计数环境中细菌的方法(Epifluorescence Direct Counting Method, FDC)是目前常用的计数水体浮游细菌数量的方法之一^[22]。本文应用FDC方法对博斯腾湖不同湖区水体中浮游细菌丰度的空间差异、分布规律及影响因素进行了研究,初步探讨细菌丰度对水体咸化与富营养化的响应,为进一步阐明干旱半干旱地区湖泊咸化与富营养化微生物学机制提供基础信息与理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

博斯腾湖(41°46'~42°08'N,86°19'~87°28'E)位于新疆天山山脉中段南麓,焉耆盆地最低处,是我国最大的内陆淡水湖。发源于天山的开都河是博斯腾湖最重要的入湖河流,博斯腾湖入湖流量的85%来自开都河。开都河在宝浪苏木分水枢纽处分成两支,分别注入博斯腾湖大小两个湖区(图1)。大湖区东西长55 km,南北平均宽20 km。在海拔高程为1048.75 m时,水面面积为1002.4 km²,容积88×10⁸ m³,平均水深为7.38 m,最深为16 m。小湖区面积约300 km²,芦苇密布,孔雀河古河道横贯东西,中间众多小湖星罗棋布。大湖区的西南角建有扬水站,将湖水泵出,与小湖区流出的水汇合后流入下游的孔雀河,故大湖区除了西南角水力交换作用强烈外,其它水域水体的交换能力弱,换水周期长达969 d^[23]。

博斯腾湖流域属温带大陆性干旱气候,年平均降水量64.7 mm,而年蒸发量却高达1881.2 mm。由于地处亚洲大陆中心的干旱地区,博斯腾湖的生态环境极为脆弱。近年来随着流域内人口数量急剧增加及区域经济持续快速发展,环湖周边地区工业排污量不断增大、大量盐分随农田排水直接进入湖体等诸多原因,导

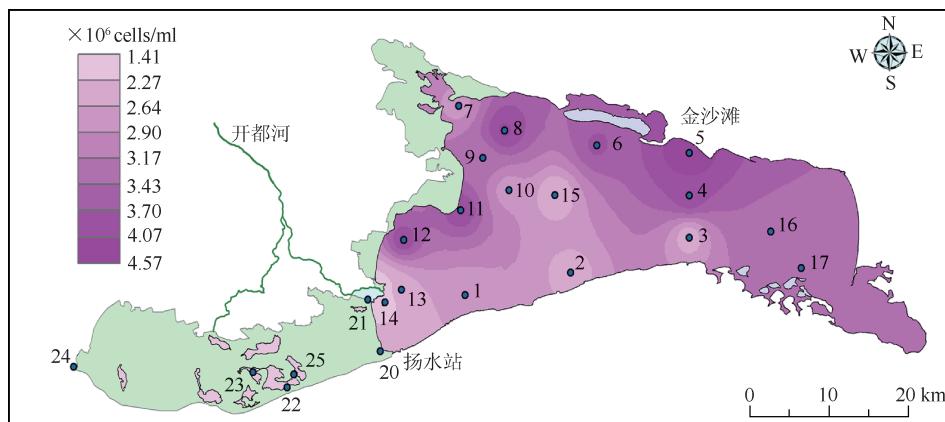


图 1 博斯腾湖采样点位置及浮游细菌丰度分布

Fig. 1 Distribution of sampling stations and the abundance of planktonic bacteria in Lake Boston

致博斯腾湖部分湖区(特别是西北部黄水沟水域)面临着水质恶化、水体咸化及局部水体富营养化等越来越严峻的生态与环境问题^[19-20].

1.2 采样点的设置与样品采集

全湖共设 23 个采样点,1[#]~17[#]采样点位于大湖区,20[#]~25[#]采样点位于小湖区(图 1). 采样时间为 2010 年 6 月 11~13 日. 用采水器采集各采样点表层水样(水下 50 cm 左右)各 5 L, 置预先洗净过的塑料桶中, 运回巴音郭楞蒙古自治州环境监测站进行营养盐含量分析. 另取 15 ml 水样装入已灭菌的离心管中, 再加入预先用 0.2 μm 孔径的 Millipore 滤膜过滤后的甲醛溶液, 使甲醛的终浓度为 2% (V/V), 样品置冰盒中, 带回实验室用于测定细菌的丰度.

1.3 水体理化参数的测定

采样点水体的透明度 (SD) 用透明度盘现场测定. 水深 (WD)、水温 (T)、溶解氧 (DO)、pH、电导率 (EC)、矿化度 (TDS)、盐度 (Sal)、浊度及叶绿素 a (Chl.a) 的含量用多参数水质测定仪 (YSI 6600V2) 现场测量. 总氮 (TN)、铵氮 (NH_4^+ -N)、硝态氮 (NO_3^- -N)、总磷 (TP)、总悬浮物质 (TSS)、高锰酸盐指数 (COD_{Mn})、氯化物 (Cl^-) 和硫酸盐 (SO_4^{2-}) 含量的分析参照《地表水环境质量标准》(GB3838-2002) 进行.

1.4 水体中细菌丰度的测定

甲醛固定的用于细菌计数的样品, 用无菌的 Milli-Q 水进行 10 倍稀释. 取 5 ml, 加入 DAPI 溶液至终浓度为 2 $\mu\text{g}/\text{ml}$, 染色 10 min^[22,24]. 然后用手持式真空泵 (MityVac, USA), 在真空压 < 10 mm Hg 下, 过滤至 0.2 μm 孔径的 Millipore 滤膜上, 滴加无荧光的浸镜油 (Cargille type A, Cargille Laboratories, Inc., USA), 盖上盖玻片. 用表面荧光显微镜 (Zeiss Axiovert 135 M, Germany) 在 16 × 100 放大倍数下观察计数. 每个样品至少随机观察 20 个视野, 观察总数不少于 400 个细菌个体, 然后将视野内的细菌个数换算为每毫升水样中的实际细菌细胞数 (cells/ml), 即为细菌丰度.

1.5 统计分析

数据的统计分析使用软件 SPSS Statistics 17.0 进行. 所有数据先进行正态分布、方差齐性等检验, 必要时进行数据转换, 使之符合统计分析的要求. 不同湖区数据的显著性检验采用独立样本 t 检验. 不同采样点理化数据经正态化 (normalize) 处理后, 采用多元生态数据分析软件 PRIMER-E 6 进行聚类分析^[25].

2 结果与分析

2.1 博斯腾湖水体主要理化因子状况

采样点的平均水深为 4.7 m, 平均透明度为 2.7 m, 最深的采样点为东部湖心的 16[#]点, 水深达到了 13 m,

透明度也最高,为5.5 m.采样点的平均温度为24.08 °C,pH均值为8.68.采样点的平均矿化度为1125 mg/L,已达到微咸水湖的标准.水体中溶解氧的饱和度较高,均值达到了93.7%,但是24#点溶解氧饱和度低于50%,溶解氧含量为3.83 mg/L,21#点的溶解氧甚至为0,完全是厌氧状态.营养盐方面,TN以7#点最高,达到1.45 mg/L,比均值(0.91 mg/L)高59%.NH₄⁺-N与NO₃⁻-N均以小湖区的21#点最高,分别达到0.62 mg/L与0.57 mg/L,是均值的4.1倍与1.5倍.COD_{Mn}也是21#点最高,达到7.8 mg/L,比均值(5.6 mg/L)高39%.TP最高值出现在15#点,达到0.047 mg/L,部分样点水体中TP含量低于检测限.Cl⁻与SO₄²⁻均是大湖区的7#点最高,小湖区的23#点最低(表1).

表1 博斯腾湖各采样点理化因子值^{*}
Tab. 1 Environmental parameters at stations in Lake Boston

采样点	WD (m)	SD (m)	TDS (mg/L)	Sal (‰)	pH	Chl.a (μg/L)	DO 饱和度 (%)	DO (mg/L)	TN (mg/L)	NH ₄ ⁺ -N (mg/L)	NO ₃ ⁻ -N (mg/L)	TP (mg/L)	COD _{Mn} (mg/L)
1	4.7	2.1	1165	0.91	8.95	5.6	108.4	9.16	0.95	0.12	0.34	ND	5.3
2	4.9	2.3	1376	1.08	8.84	2.3	105.8	8.71	0.98	0.12	0.36	ND	5.6
3	8.8	3.5	1463	1.15	8.81	1.8	98.4	8.28	0.91	0.13	0.34	ND	6.6
4	11.6	4.4	1489	1.17	8.71	1.6	101.2	8.46	1.01	0.12	0.45	ND	6.6
5	3.2	3.1	1502	1.18	8.88	1.2	122.2	10.12	0.94	0.13	0.35	0.012	6.6
6	6.5	4.5	1496	1.18	8.88	1.4	102.8	8.67	0.98	0.13	0.41	ND	6.5
7	1.2	1.2	1689	1.34	8.68	1.9	87.9	6.98	1.45	0.16	0.42	0.009	6.3
8	3.3	3.3	1521	1.20	8.96	0.9	106.3	8.76	0.91	0.14	0.39	0.038	6.3
9	3.6	3.0	1664	1.32	8.67	1.7	90.6	7.51	0.99	0.13	0.39	0.009	6.2
10	4.1	3.8	1491	1.18	8.79	0.9	103.6	8.86	0.95	0.13	0.34	ND	6.3
11	3.4	3.0	1696	1.35	8.70	1.9	95.9	7.99	1.01	0.15	0.39	0.041	6.0
12	2.6	2.6	1552	1.23	8.74	2.4	100.3	8.29	1.03	0.15	0.41	0.023	5.9
13	4.5	1.2	254	0.19	8.61	10.6	111.3	9.75	1.01	0.16	0.38	0.041	4.6
14	3.1	0.5	219	0.16	8.25	5.4	86.4	7.60	0.90	0.13	0.57	0.035	4.9
15	8.4	4.9	1497	1.18	8.75	1.9	101.9	8.41	0.96	0.14	0.35	0.047	5.1
16	13.0	5.5	1500	1.18	8.72	1.5	97.6	8.19	1.09	0.14	0.43	0.029	5.5
17	9.6	5.0	1500	1.18	8.75	7.1	104.9	8.71	0.92	0.14	0.40	0.009	5.6
20	3.9	1.4	268	0.20	8.29	8.8	85.6	7.05	0.44	0.10	0.29	ND	4.5
21	0.5	0.5	1392	1.10	8.01	0.9	0.0	0.00	1.38	0.62	0.57	ND	7.8
22	2.0	1.6	251	0.18	8.40	3.1	96.8	7.94	0.34	0.07	0.33	ND	3.7
23	1.6	1.5	243	0.18	8.25	4.2	102.6	8.34	0.51	0.06	0.26	ND	4.0
24	2.0	2.0	383	0.28	9.14	2.8	46.9	3.83	0.79	0.09	0.27	ND	3.7
25	1.8	1.4	261	0.19	8.83	4.5	97.6	7.78	0.41	0.09	0.29	0.018	5.1
均值	4.7	2.7	1125	0.88	8.68	3.2	93.7	7.80	0.91	0.15	0.38	0.014	5.6

* ND 表示在检测限以下.

根据各采样点理化参数对23个样品进行聚类分析,结果表明这些样品可分为2个主要类群(图2).一是由小湖区的20#、22#~25#点及大湖区开都河入湖附近的13#与14#点共7个样品点构成的类群1.这些样品的矿化度都在400 mg/L以下,根据水体矿化度1000 mg/L为划分标准,可将这个样品类群称为淡水区(FR);第二个类群包括16个样点(小湖区的21#点及大湖区除13#、14#样点之外的其它点),这些样品的矿

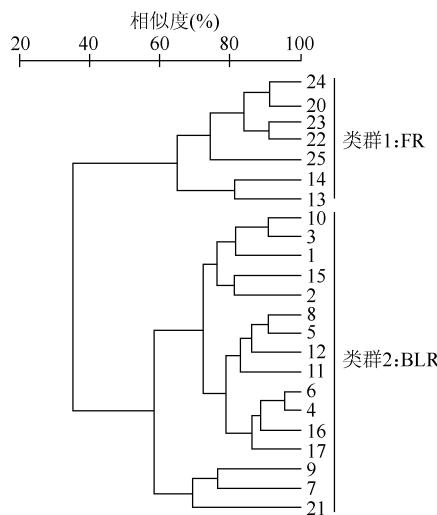


图2 博斯腾湖表层水体理化因子聚类分析图

Fig. 2 Water column chemistry and environmental parameters as determined by a similarity analysis in Primer-E

0.01), 相关系数在 0.566 – 0.653 之间. COD_{Mn} 与水体中离子含量及氮盐浓度均有显著的正相关性 ($P < 0.01$). 细菌的丰度与水体中离子含量、pH 及 COD_{Mn} 显著正相关, 与 TN 也呈正相关关系, 但没有达到显著性水平 ($P > 0.05$) (表 2).

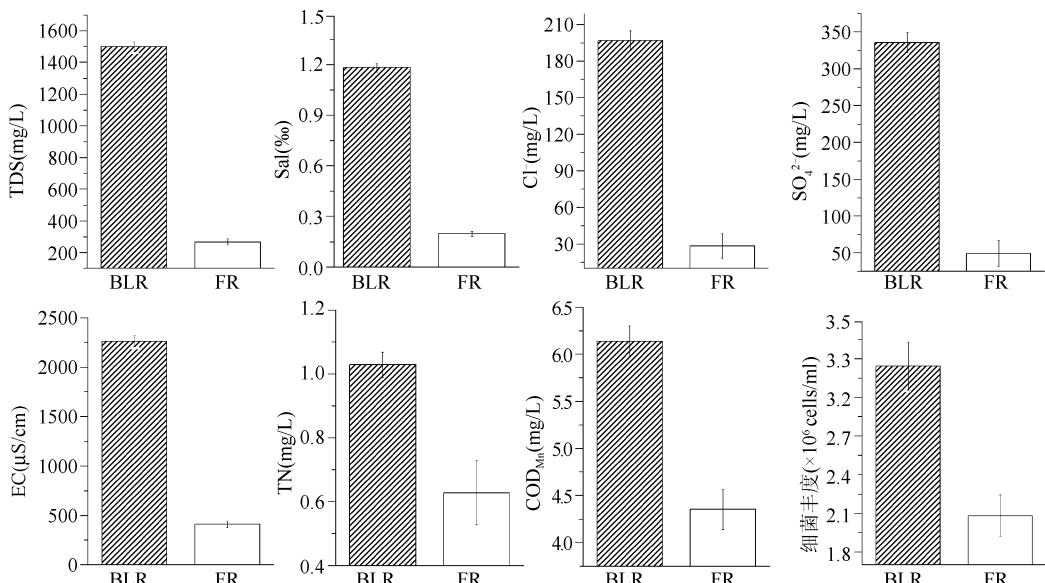


图3 博斯腾湖微咸水区(BLR)与淡水区(FR)主要理化参数及浮游细菌丰度比较

Fig. 3 Comparison of water physical and chemical parameters and abundance of planktonic bacteria in brackish lake region and freshwater region of Lake Boston

化度均在 1100 mg/L 以上, 可将之命名为微咸水区(BLR).

BLR 的 EC、TDS、Sal、TN、 COD_{Mn} 、 Cl^- 与 SO_4^{2-} 均显著 ($P < 0.01$) 高于 FR (图 3). 而 BLR 的 Chl.a 含量显著低于 FR ($P < 0.01$). 若仅根据采样点的位置划分, 独立样本 t 检验结果显示: 大湖区只有 EC、TDS、Sal、 Cl^- 与 SO_4^{2-} 这 5 个指标显著高于小湖区 ($P < 0.01$), 营养盐含量与 COD_{Mn} 也是大湖区高于小湖区, 但两湖区间的差异未达到显著水平 ($P > 0.05$).

2.2 博斯腾湖浮游细菌丰度的空间分布特征

细菌丰度以位于大河口附近的 14# 样点最低, 只有 $1.41 \times 10^6 \text{ cells/ml}$. 细菌丰度最高的样点是金沙滩附近的 5# 点, 达到 $4.57 \times 10^6 \text{ cells/ml}$, 是 14# 点的 3.2 倍. 博斯腾湖 23 个采样点细菌丰度的均值为 $(2.89 \pm 0.85) \times 10^6 \text{ cells/ml}$. 总体而言, 博斯腾湖大湖区西北部沿岸与北部湖区细菌丰度高于南部湖区 (图 1). 博斯腾湖大湖区的细菌丰度显著高于小湖区 ($P < 0.001$). BLR 的细菌丰度为 $(3.2 \pm 0.19) \times 10^6 \text{ cells/ml}$, 而 FR 的细菌丰度为 $(2.1 \pm 0.16) \times 10^6 \text{ cells/ml}$, 两者之间差异显著 ($P < 0.001$) (图 3).

2.3 浮游细菌丰度与理化因子的相关分析

反映水体中阴阳离子含量的指标如 EC、TDS、Sal、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 之间显著正相关 ($P < 0.01$), 且相关系数高, 在 0.961 – 1.000 之间. NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 与 TN 之间也呈显著正相关 ($P <$

表 2 博斯腾湖浮游细菌丰度及主要环境因子的 Pearson 相关系数

Tab. 2 Pearson correlation coefficient of planktonic bacterial abundance and main water parameters in Lake Boston

环境因子	EC	TDS	Sal	pH	DO	NH_4^+ -N	NO_3^- -N	TN	COD_{Mn}	Cl^-	SO_4^{2-}
TDS	0.998 **										
Sal	0.998 **	1.000 **									
pH	0.389	0.363	0.358								
DO	0.125	0.092	0.091	0.418 *							
NH_4^+ -N	0.209	0.256	0.258	-0.466 *	-0.745 **						
NO_3^- -N	0.287	0.316	0.318	-0.404	-0.336	0.639 **					
TN	0.700 **	0.712 **	0.713 **	0.086	-0.232	0.566 **	0.653 **				
COD_{Mn}	0.772 **	0.796 **	0.797 **	0.050	-0.154	0.587 **	0.558 **	0.705 **			
Cl^-	0.970 **	0.962 **	0.963 **	0.446 *	0.279	0.102	0.251	0.711 **	0.709 **		
SO_4^{2-}	0.969 **	0.961 **	0.961 **	0.438 *	0.270	0.104	0.255	0.716 **	0.708 **	1.000 **	
细菌丰度	0.688 **	0.682 **	0.682 **	0.418 *	0.345	-0.021	0.105	0.343	0.558 **	0.699 **	0.694 **

* 表示显著相关($P < 0.05$, 双尾检验); ** 表示极显著相关($P < 0.01$, 双尾检验).

3 讨论

3.1 浮游细菌丰度对营养盐输入的响应

氮、磷是水生细菌生长繁殖不可缺少的营养成份,但是氮、磷等污染物的过量输入也是产生水体富营养化的主要原因。研究表明,在不同营养级水平湖泊中,氮、磷及有机碳等物质能单独或共同成为浮游细菌增殖的限制因素,通常随着氮、磷浓度的升高,湖泊中细菌丰度也在增高^[15-16,26]。换言之,细菌会以提高丰度的方式对富营养化过程做出响应。按照富营养化的指标^[23],此次调查的 TN 数据(均值 0.91 mg/L)显示博斯腾湖水体中的营养盐已达到中营养和富营养水平,而细菌的平均丰度为 $(2.89 \pm 0.85) \times 10^6 \text{ cells/ml}$ 。这个值比一些寡营养湖泊中细菌丰度要高 5~10 倍,而比一些富营养化湖泊如太湖、乌梁素海等要低一个数量级左右^[14,16,18,27-28]。 COD_{Mn} 反映的是受有机污染物和还原性无机物质污染程度的综合指标。相关分析表明,博斯腾湖细菌丰度与 COD_{Mn} 存在极显著的正相关性($r = 0.558, P < 0.01$) (表 2);进一步的线性回归分析表明,水体中 COD_{Mn} 每升高 1 mg/L,每毫升水中细菌的数量将增加 $4.6 \times 10^5 \text{ cells}$ 。

细菌丰度最高的样点是金沙滩附近的 5# 点,达到 $4.57 \times 10^6 \text{ cells/ml}$,可能是由于金沙滩是巴州一个重要的旅游胜地,受人类活动的影响大,导致水体污染物含量高(如 COD_{Mn} 含量仅次于 21# 点,表 1),细菌的丰度也随之升高。此外,在博斯腾湖西北部水域由于周边地区工农业用水及排污量不断增大,加之这些水域的水力滞留时间长,大量有机无机污染物进入湖体^[20],相应地,该水域的细菌丰度也高。营养盐的多少决定着细菌数量的多寡,细菌可以矿化分解水体中的 POM,当水体中可利用的 POM 及其它营养盐浓度升高时,细菌可以大量增殖^[29]。此外,细菌也可以通过向水体中分泌更多的产物及“二次生产”作用等形式对湖泊中营养盐的持续输入作出响应,促进浮游植物的生长,加快物质与能量在微食物网的周转速率,从而加速湖泊富营养化进程^[6-7,30]。

3.2 浮游细菌丰度对盐度的响应

博斯腾湖既有盐度很低的淡水水域(如 14# 与 13# 样点的大河口区和小湖区的大部分水域,平均盐度不到 0.2‰),也有盐度高达 1.3‰ 的微咸水区(如西北部湖区的 7#、9#、11# 样点)(图 3)。这样的盐度梯度为研究水生细菌丰度与盐度的关系提供了理想场所。本次调查结果表明(表 2),博斯腾湖水生细菌的丰度与水体的盐度显著正相关($r = 0.682, P < 0.01$)。 Cl^- 是构成水体盐度的重要离子之一,1980s 后期,博斯腾湖水体盐度持续增高, Cl^- 、 SO_4^{2-} 也增长迅速,现在水化学类型已由 1950s 的 $\text{Cl}^{\text{Ca}}\text{I}$ 型变为 $\text{SO}_4^{\text{Na}}\text{I}$ 型^[19]。回归分析表明,细菌丰度与 Cl^- 含量变化趋势一致, Cl^- 含量与 TDS、 SO_4^{2-} 及盐度相比对细菌丰度的影响最显著。水体中

Cl^- 每升高 1 mg/L, 水中细菌的数量将增加 $7043 \times 10^6 \text{ cells/ml}$ (图 4). Wu 等对青藏高原 16 个不同盐度湖泊的研究表明, 盐度是控制浮游细菌丰度与群落组成的主导环境因子, 盐度与磷含量高的湖泊, 细菌的丰度也高^[18]. 这一结论与博斯腾湖细菌分布规律相一致. 研究表明, 细菌丰度在不同盐度水体呈生态学上经典的“单峰模型”, 即在相同营养水平下, 细菌在中等盐度的水体中拥有最多的生态位, 细菌丰度最高^[18,31]. 博斯腾湖水体有盐度梯度, 但仍属于微咸水湖的范畴, 所以这种盐度梯度下细菌丰度与盐度仍是线性相关关系.

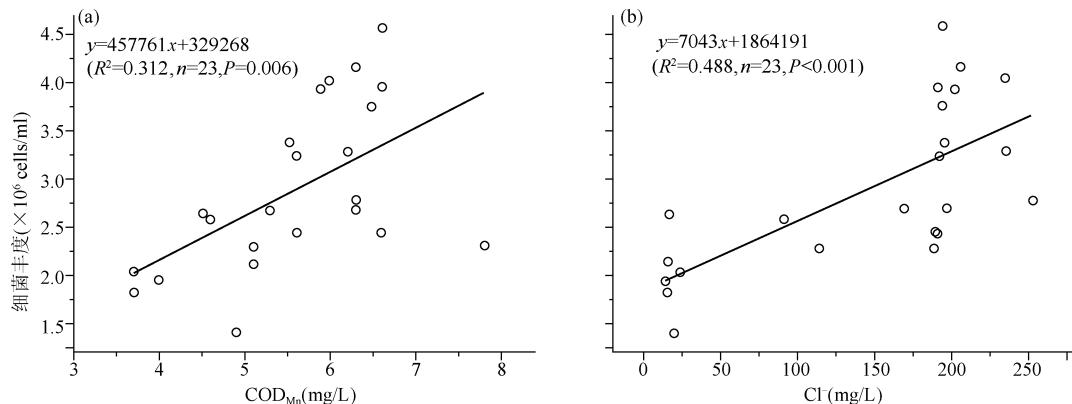


图 4 博斯腾湖浮游细菌丰度与 COD_{Mn} (a) 及 Cl^- (b) 含量的线性回归分析

Fig. 4 Linear regressions between the abundance of planktonic bacteria and the concentration of COD_{Mn} (a), the abundance of planktonic bacteria and the concentration of Cl^- (b)

3.3 水体富营养化与矿化对浮游细菌丰度的综合影响

营养盐是细菌生长繁殖的物质基础, 不同的盐度为不同细菌提供多样的生态位, 两者共同影响着细菌的数量和群落结构^[15,31-32]. 对细菌丰度与 COD_{Mn} 和 Cl^- 含量做二元线性回归分析, 得到的回归方程如下:

$$\text{细菌丰度} = 103918 \text{ } \text{COD}_{\text{Mn}} + 6137 \text{ } \text{Cl}^- + 1414787 (R^2 = 0.496, n = 23, P = 0.001)$$

由上式可以看出, 同一时期博斯腾湖不同水域细菌的丰度受 COD_{Mn} 与 Cl^- 含量共同控制, 且当 COD_{Mn} 改变 1 个单位对细菌丰度的影响比 Cl^- 改变 1 个单位对细菌丰度的影响要高出约 17 倍. 这表明随工农业污水进入博斯腾湖的氮、磷、 COD_{Mn} 等有机与无机污染物, 比随农田排水进入湖体的盐分对细菌丰度的影响要更大. 换而言之, 博斯腾湖富营养化将比咸化对细菌丰度的影响更显著, 即随着富营养化的加剧, 博斯腾湖浮游细菌的丰度也将剧增. 这些结果表明, 细菌丰度是反映博斯腾湖富营养化与咸化的一个敏感指标.

致谢: 感谢新疆巴州环境监测站张建平在野外采样及水样化学分析中给予的帮助.

4 参考文献

- [1] Le C, Zha Y, Li Y et al. Eutrophication of lake waters in China: cost, causes, and control. *Environmental Management*, 2010, **45**(4): 662-668.
- [2] Smith VH, Schindler DW. Eutrophication science: where do we go from here? *Trends in Ecology and Evolution*, 2009, **24**(4): 201-207.
- [3] 秦伯强. 长江中下游湖泊富营养化发生机制与控制对策. 中国科学院院刊, 2007, **22**(6): 503-505.
- [4] Cotner JB, Biddanda BA. Small players, large role: microbial influence on biogeochemical processes in pelagic aquatic ecosystems. *Ecosystems*, 2002, **5**(2): 105-121.
- [5] Azam F, Fenchel T, Field JG et al. The ecological role of water-column microbes in the sea. *Marine Ecology Progress Series*, 1983, **10**(3): 257-263.
- [6] Azam F, Worden AZ. Microbes, molecules, and marine ecosystems. *Science*, 2004, **303**(5664): 1622-1624.
- [7] Reynolds CS. A changing paradigm of pelagic food webs. *International Review of Hydrobiolgy*, 2008, **93**(4-5): 517-531.
- [8] Sherr E, Sherr B. Role of microbes in pelagic food webs: a revised concept. *Limnology and Oceanography*, 1988, **33**

- (5) : 1225-1227.
- [9] 焦念志等. 海洋微型生物生态学. 北京: 科学出版社, 2006; 163-164.
- [10] Hessen DO, Andersen T. Bacteria as a source of phosphorus for zooplankton. *Hydrobiologia*, 1990, **206**(3) : 217-223.
- [11] Berggren M, Strom L, Laudon H et al. Lake secondary production fueled by rapid transfer of low molecular weight organic carbon from terrestrial sources to aquatic consumers. *Ecology Letters*, 2010, **13**(7) : 870-880.
- [12] Hahn MW. The microbial diversity of inland waters. *Current Opinion in Biotechnology*, 2006, **17**(3) : 256-261.
- [13] Kirchman DL. Microbial ecology of the oceans(2nd ed). Hoboken: John Wiley and Sons, Inc., 2008.
- [14] 冯胜, 高光, 秦伯强等. 太湖北部湖区水体中浮游细菌的动态变化. 湖泊科学, 2006, **18**(6) : 636-642.
- [15] Vrede K. Nutrient and temperature limitation of bacterioplankton growth in temperate lakes. *Microbial Ecology*, 2005, **49**(2) : 245-256.
- [16] Boteva S, Traykov I, Kenarova A et al. Abundance and spatial dynamics of bacterioplankton in the Seven Rila Lakes, Bulgaria. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 2010, **28**(3) : 451-458.
- [17] 冯胜, 秦伯强, 高光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应. 环境科学学报, 2007, **27**(11) : 1823-1829.
- [18] Wu QL, Zwart G, Schauer M et al. Bacterioplankton community composition along a salinity gradient of sixteen high-mountain lakes located on the Tibetan Plateau, China. *Applied Environmental Microbiology*, 2006, **72**(8) : 5478-5485.
- [19] 张建平, 胡随喜. 博斯腾湖矿化度现状分析. 干旱环境监测, 2008, **22**(1) : 19-23.
- [20] 杜新宪, 许月英. 博斯腾湖流域污染治理与生态环境保护对策浅析. 干旱环境监测, 2009, **23**(2) : 113-116.
- [21] Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 1995, **59**(1) : 143-169.
- [22] 高光. 表面荧光法直接计数水体中的细菌. 见: 肖琳, 杨柳燕, 尹大强等编. 环境微生物实验技术. 北京: 中国环境科学出版社, 2004; 103-107.
- [23] 金相灿, 屠清瑛. 湖泊富营养化调查规范(第二版). 北京: 中国环境科学出版社, 1990.
- [24] Kepner R, Pratt JR. Use of fluorochromes for direct enumeration of total bacteria in environmental samples: past and present. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 1994, **58**(4) : 603-615.
- [25] Clarke KR. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology*, 1993, **18**(1) : 117-143.
- [26] Morris DP, Lewis WM. Nutrient limitation of bacterioplankton growth in Lake Dillon, Colorado. *Limnology and Oceanography*, 1992, **37**(6) : 1179-1192.
- [27] 孙鑫鑫, 刘惠荣, 冯福应等. 乌梁素海富营养化湖区浮游细菌多样性及系统发育分析. 生物多样性, 2009, **17**(5) : 490-498.
- [28] Gao G, Qin BQ, Sommaruga R et al. The bacterioplankton of Lake Taihu, China: abundance, biomass, and production. *Hydrobiologia*, 2007, **581** : 177-188.
- [29] Conty A, Garcia-Criado F, Becares E. Changes in bacterial and ciliate densities with trophic status in Mediterranean shallow lakes. *Hydrobiologia*, 2007, **584** : 327-335.
- [30] Hitchcock JN, Mitrovic SM, Kobayashi T et al. Responses of estuarine bacterioplankton, phytoplankton and zooplankton to dissolved organic carbon(DOC) and inorganic nutrient additions. *Estuaries and Coasts*, 2010, **33**(1) : 78-91.
- [31] Hamdan LJ, Jonas RB. Seasonal and interannual dynamics of free-living bacterioplankton and microbially labile organic carbon along the salinity gradient of the Potomac River. *Estuaries and Coasts*, 2006, **29**(1) : 40-53.
- [32] Jackson CR, Vallaire SC. Effects of salinity and nutrients on microbial assemblages in Louisiana wetland sediments. *Wetlands*, 2009, **29**(1) : 277-287.