

对虾养殖围隔生态系统中的细菌碳代谢

刘国才 李德尚 董双林 陈兆波

(青岛海洋大学水产学院, 266003)

摘 要 1997 年 6~9 月在山东省黄海水产集团养虾场, 采用围隔实验生态学方法研究了对虾养殖生态系细菌的碳代谢。结果表明: (1) 浮游细菌呼吸量、生产量及对腐质碳的分解量($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$) 平均分别为 349 ± 167 、 180 ± 86 及 529 ± 253 。呼吸量占浮游生物群落呼吸量的 40%。(2) 底泥细菌呼吸量、生产量及对腐质碳的分解量($\text{mgC/m}^2\cdot\text{d}$) 平均分别为 168.07、72.27 及 240.34。呼吸量与泥温、底泥细菌生物量及底泥有机碳浓度均有显著相关性。定数底泥细菌的呼吸量与底泥细菌生物量呈现显著负相关, 表明虾池底泥细菌代谢可能受有效基质不足的限制。(3) 实验期间每个围隔浮游细菌的呼吸量、生产量及对腐质碳分解量分别为底泥细菌的 2.08 倍、2.49 倍及 2.20 倍。浮游细菌、底泥细菌合计分解围隔收入总有机碳的 30% (浮游细菌 20%, 底泥细菌 10%), 其中 10% 转为细菌碳, 20% 用于细菌呼吸消耗。

关键词 对虾养殖, 围隔生态系, 细菌碳代谢

细菌是水域生态系统生物群落的重要组分, 在水域生态系统营养动力学中起着重要作用。浮游细菌、底泥细菌的活跃代谢促成了系统中物质循环和能量流动途径的畅通, 维系了一个系统的正常运转。虾池是人工控制的小生态系, 群落结构简单, 有机负荷大, 决定了虾池生态系统较自然系统更具脆弱性, 虾池细菌的代谢作用因而就显得更为重要。当前, 虾池细菌的研究资料很少, 现有报道仅限于对虾池细菌数量动态[郭平和许美美 1994, 高尚德等 1994, 刘国才等 1997] 及其生产量[Moriarty 1986, Lu 等 1997, 刘国才等 1997] 的研究, 有关细菌代谢的系统工作尚未见报道。本研究采用原位实验生态学方法, 用 5 个养虾实验围隔对虾池细菌碳代谢进行了研究。

1 材料与方 法

1.1 实验围隔及管理

实验围隔为 25m^2 ($5\text{m}\times 5\text{m}$) 的陆基围隔。以高密度两面涂塑的聚乙烯编织布做围隔幔, 围隔幔下部埋入池塘底泥 0.5m, 并以木桩和青竹为支架架设于池塘中 (围隔内水深 1.0m)。为了模拟池塘水体的自然混合状况, 在围隔中央架设了一台 90W 微型叶轮式搅水机, 每天搅水 2~3 次。

国家自然科学基金重点资助项目 (对虾池综合养殖生态系优化结构的研究), 39430150 号、国家攀登计划 B 资助 (对虾池生态系及其结构与功能的优化), FD-B6-7-3 专题、国家教委博士点专项基金 (海水养殖池塘生态系有机碳的代谢及微生物生产力的研究), 9542304 号及国家九五攻关资助项目 (大规模海水养殖区养殖容量与优化技术), 96-922-02-02 号。

收稿日期: 1999-02-08

本研究在 5 个对虾养殖实验围隔(Y4-7, T5)中进行,各围隔对虾放养密度均为 7.2 尾/ m^2 。养殖期间投喂人工饲料,两个饵料台分别设在围隔的两对角位置,每天投喂四次。各围隔在放养前施足基肥(鸡粪)培养饵料生物,放养后据透明度、叶绿素及营养盐情况适当追施化肥。

1.2 细菌代谢的研究方法

1.2.1 浮游细菌代谢

取各实验围隔中层(0.5m)水样,经 $3\mu m$ 核孔滤膜(Nuclepore)过滤,滤液按 50mg/L 浓度加入放线菌酮杀死真核生物[Coffin 和 Sharp 1987],之后将滤液置于 150mL 暗瓶及明瓶(经酸洗、灭菌)中,在围隔原位(0.5m)挂瓶培养 24h[Schwaerter 等 1988],同时设未过滤原围隔水样挂瓶培养做对照,测定培养前后暗瓶溶氧量及明瓶细菌数量。

浮游细菌的生产量与浮游动物对细菌的摄食量依下式计算:

$$P = N_2 - N_1 + G \quad [\text{Wright 和 Coffin 1984}]$$

式中, P — t 时间培养细菌的生产量, N_1 —未过滤原水样培养开始时细菌量, N_2 —未过滤原水样培养结束时细菌量, G —浮游动物对细菌的摄食量。

浮游动物对细菌的摄食量计算可按 Gak 等[1972] 推荐公式:

$$G = [(\ln n_2 - \ln n_1) / t] (n_2 - N_2) / [(n_2 / n_1) - 1]$$

式中, n_1 : 排除浮游动物水样培养开始时细菌量, n_2 : 排除浮游动物水样培养结束时细菌量, t : 培养时间。

由实验围隔各次挂瓶实验结果及相应关系式计算得出浮游细菌的呼吸量、生产量及对基质的分解量。

1.2.2 底泥细菌代谢

底泥有机碳代谢主要为底泥细菌代谢,底泥细菌呼吸占底泥总呼吸的 64%[Hagrave 1972, Smith Jr 1973, Smith Jr 和 Nichols 1973]。按此比例计算得出底泥细菌的呼吸量。底泥呼吸的测定按李德尚等[1998] 推荐方法进行。

1.3 主要环境因子的测定方法

1.3.1 浮游细菌计数

浮游细菌计数采用吖啶橙染色荧光显微计数法[Hobbie 等 1977],细菌体积与生物量(以碳表示)的换算系数取 $5.6 \times 10^{-13} \text{ g}/\mu\text{m}^3$ [Bratbak 1985]。

1.3.2 底泥细菌计数

用有机玻璃采泥器(直径 60mm)采集实验围隔底泥样(0~20mm 深度泥层),取约 1g 泥样,准确称重后,置于盛有含 1% Tween-80 液 100 mL 的无颗粒海水(经 $0.2\mu m$ 滤膜过滤)的锥形瓶内,剧烈振荡 20min,再静置 20min。取上清液按浮游细菌计数方法计数底泥细菌数量。据样品量、稀释倍数、计出细菌数及泥样干湿比计算出单位干重底泥细菌数量。

1.3.3 底泥有机碳

用同样的有机玻璃采泥器同法采集实验围隔底泥样,经 60°C 烘干、磨细、 $0.5N \text{ HCl}$ 处理($\text{pH} < 3$)后,水洗至中性;再经 60°C 烘干,用 PE-240CHN 元素分析仪测定底泥样品中有机碳(SOC)含量。

2 结果

2.1 浮游细菌碳代谢

原位挂瓶培养期间, 实验组(排除浮游动物)与对照组(含浮游动物)实验瓶内细菌生物量变动情况有较大差别, 实验组水样培养期间细菌生物量明显增加, 而对照组水样培养期间细菌量却变化较小, 说明浮游动物摄食作用对浮游细菌数量动态有重要影响。

由实验围隔各次挂瓶实验结果及相应关系式计算出浮游细菌的生产量及浮游动物对细菌的摄食量。另由本研究实验围隔浮游细菌的平均生产效率(0.34)[刘国才 1998]可进一步求得浮游细菌的呼吸量及对腐质碳的分解量(表 1)。

表 1 各围隔中浮游细菌的碳代谢及浮游动物对细菌的摄食量

Tab. 1 Metabolism of bacterial carbon and bacterial carbon eaten by zooplankton in each enclosure

围 隔	日 期	BR	BP	A	G	PR
Y4	6 月 6 日	167	86	253	55	791
	6 月 16 日	301	155	456	110	1 174
	7 月 20 日	285	147	432	181	494
	7 月 29 日	413	213	626	95	1 297
	8 月 11 日	95	49	144	166	735
	8 月 17 日	374	193	567	151	910
	8 月 24 日	365	188	553	221	1 274
Y5	6 月 6 日	126	65	191	56	495
	6 月 16 日	202	104	306	158	851
	7 月 20 日	367	189	556	99	963
	7 月 29 日	355	183	538	132	1 075
	8 月 11 日	535	276	811	266	469
	8 月 17 日	454	234	688	221	989
	8 月 24 日	438	226	664	256	1 378
Y6	6 月 6 日	208	107	315	98	—
	6 月 16 日	283	146	429	177	1 335
	7 月 20 日	330	170	500	297	618
	7 月 29 日	1 030	531	1561	643	1 822
	8 月 11 日	409	211	620	216	608
	8 月 17 日	404	208	612	152	668
	8 月 24 日	382	197	579	254	1 352
Y7	6 月 6 日	109	56	165	47	413
	6 月 16 日	298	151	444	95	1 184
	7 月 20 日	244	126	370	443	821
	7 月 29 日	155	80	235	100	642
	8 月 11 日	264	136	400	130	461
	8 月 17 日	386	199	585	192	1 041
	8 月 24 日	374	193	567	169	1 450
T5	6 月 6 日	211	109	320	136	480
	6 月 16 日	305	157	462	173	1 283
	7 月 20 日	502	259	761	116	327
	7 月 29 日	514	265	779	331	482
	8 月 11 日	419	216	635	232	199
	8 月 17 日	437	225	662	313	871
	8 月 24 日	464	239	703	299	1 032

注: BR: 细菌呼吸量($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$), BP: 细菌生产量($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$), A: BR + BP, G: 浮游动物对细菌的摄食量($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$), PR: 浮游生物呼吸量($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$)。

对表 1 实验结果进行统计, 可知在含浮游动物摄食作用的自然养殖水体条件下, 浮游细菌的呼吸量、生产量及对腐质碳的分解量 ($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$) 平均分别为 349 ± 167 、 180 ± 86 及 529 ± 253 。浮游动物对细菌的摄食量 ($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$) 平均为 194 ± 118 。浮游生物群落呼吸量平均为 $881 \pm 384 \mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$, 与浮游细菌呼吸量的比例为 1:0.40 (表 1)。

2.2 底泥细菌的碳代谢

底泥细菌碳代谢的观测结果见表 2。由表 2 计算出研究期间底泥细菌呼吸量平均为 $168.07 \pm 31.16 \text{mgC/m}^2\cdot\text{d}$ 。随着养殖时间的延长, 呼吸量逐渐增大。底泥细菌呼吸量与泥温 ($r=0.6114, n=25$)、底泥细菌数 ($r=0.5970, n=25$) 及底泥有机碳 (图 1) 含量 ($r=0.5639, n=25$) 均呈现显著正相关。

定数底泥细菌呼吸量 (BR/SB) 与泥温 ($r=-0.2730, n=25$) 及底泥有机碳的含量 ($r=-0.0271, n=25$) 均未呈现显著相关性, 但与底泥细菌数却呈现显著负相关 ($r=-0.7181, n=25$)。

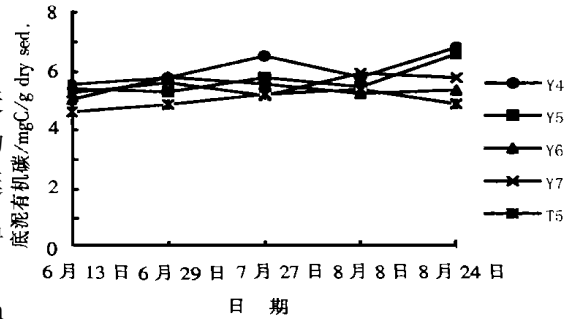


图 1 各实验围隔中底泥有机碳变化情况

Fig. 1 Variations of sediment organic carbon of the experimental enclosures

表 2 各实验围隔中底泥细菌的碳代谢

Tab. 2 Carbon metabolism through sediment bacteria in the experimental enclosures

日期	泥温(°C)	Y4			Y5			Y6			Y7			T5		
		SB	BR	BR/SB	SB	BR	BR/SB	SB	BR	BR/SB	SB	BR	BR/SB	SB	BR	BR/SB
6月13日	23.5	0.83	114.33	138	0.89	149.04	167	1.37	147.00	107	1.36	132.70	98	0.71	130.66	184
6月29日	25.9	0.93	159.24	171	1.09	151.08	139	1.07	175.58	164	1.11	118.41	107	1.16	159.23	137
7月27日	30.1	1.14	238.87	210	1.52	165.37	109	1.51	171.49	114	1.72	171.49	100	1.43	149.04	104
8月8日	28.4	1.91	216.41	113	1.61	169.45	105	1.76	198.04	113	1.22	163.33	134	1.57	153.12	98
8月24日	28.1	2.13	228.66	107	1.95	171.49	88	1.72	191.91	112	1.38	181.70	132	1.54	193.95	126

注: SB: 底泥细菌生物量($\times 10^3 \text{mgC/m}^2$), BR: 底泥细菌呼吸量($\text{mgC/m}^2\cdot\text{d}$)。

3 讨论

3.1 细菌碳代谢

水域生态系统浮游生物群落有机碳代谢是总有机碳代谢的主体部分 [Ogura 1970, Smith 等 1986], 其中浮游细菌碳代谢在浮游生物群落有机碳代谢中又具有重要意义。本研究测得对虾养殖系统中浮游细菌呼吸占浮游生物群落呼吸的 40%, 与 Kirchman 和 Ducklow [1987]、Schwaerter 等 [1988] 对湖泊等自然水体的测定结果 (35% ~ 46%) 相近。但却低于不排水养鱼池 [Olah 等 1987]。说明随着水体富营养化水平的提高, 浮游细菌呼吸所占比例增大。研究期间各实验围隔 DOC 浓度平均为 9.95mgC/L (Liu 等 1998), 由此可根据浮游细菌对有机基质分解量的研究结果计算出 DOC 的平均周转时间, $T = \text{DOC}/A = 9.95 \times 1000 / 529 = 19\text{d}$ 。

(1) Liu Guocai, Li Deshang, Dong Shuanlin. 1998. Organic carbon budget of shrimp polycultural enclosure ecosystems.

底泥细菌呼吸量与泥温、底泥细菌生物量及底泥有机碳含量均呈现显著相关性, 说明底泥细菌代谢与泥温、底泥细菌及底泥有机碳含量间密切的藕联关系。Graneli[1978]对 Marion 湖的研究也发现, 底泥细菌呼吸与泥温有显著正相关关系。定数底泥细菌呼吸量(BR/SB)与底泥细菌生物量呈现显著负相关, 这可能是在较高底泥细菌密度情况下, 底泥中有效基质不足限制细菌正常代谢的缘故。Costa-Pierce 等[1984]对富营养淡水虾池的研究也表明, 底泥异养生物的生理状况取决于底泥有机基质的有效性。

3.2 细菌碳代谢与虾池有机碳的平衡

研究期间(87d)5个围隔浮游细菌呼吸量、生产量、对有机基质分解量(gC)平均分别为759.08、391.50及1150.58, 各自占围隔有机碳总收入量(5646.94gC)(Liu等1998)的13%、7%及20%。

底泥细菌生产效率取0.30[Moriarty 1986], 计算出实验围隔底泥细菌生产量、对基质的分解量(mgC/m²·d)分别为72.27及240.34, 则研究期间各实验围隔底泥细菌呼吸量、生产量及对基质分解量(gC)分别为365.55、157.19及522.74, 各自占围隔有机碳总收入量的比例为6%、3%及9%。浮游细菌呼吸量、生产量及对有机基质的分解量分别为底泥细菌的2.08倍、2.49倍及2.20倍。可见, 虾池收入总有机碳主要是在水层被浮游细菌分解利用的, 这与Costa-Pierce等[1984]对淡水虾池的研究结论是一致的。

研究期间实验围隔有机碳总收入量为5646.94gC(Liu等1998), 浮游细菌、底泥细菌合计分解有机碳收入量的30%(1673.32gC), 其中有548.69gC(占有有机碳总收入的10%)转化为细菌碳, 1124.63gC(占有有机碳总收入量的20%)被细菌矿化。

自然水域生态系统收入有机碳很大部分进入细菌及异养鞭毛虫食物链[Azam等1983, Fenchel 1983], 对虾养殖系统收入有机碳有30%被细菌分解利用, 可见细菌代谢对减少虾池有机碳积累、加速营养元素再生、促进浮游植物繁殖、保持良好水质方面至关重要, 细菌代谢维持了生态系统的正常运转。

刘国才现为华东师范大学博士后。

参 考 文 献

- 刘国才, 李德尚, 徐怀恕等. 1997. 海水养虾池细菌数量动态及细菌生产力的研究. 应用与环境生物学报, 3(4): 340~345
- 刘国才. 1998. 对虾池综合养殖生态有机碳的代谢与平衡以及细菌的数量与生产力的研究(学位论文). 青岛海洋大学
- 李德尚, 卢敬让, 徐宁等. 1998. 一种适于现场测定的池塘底泥呼吸器. 青岛海洋大学学报, 28(2): 205~209
- 郭平, 许美美. 1994. 对虾养殖池水域环境细菌的动态变化. 海洋与湖沼, 25(6): 625~629
- 高尚德, 陈旭仁, 吴以平. 1994. 中国对虾养成期间虾池水体和底泥中细菌含量的变化. 水产学报, 18(2): 138~142
- Azam F, Fenchel T, Field J S et al. 1983. The ecological role of watercolumn microbes in the sea. Mar Ecol Prog Ser, 10: 257~263
- Bratbak G. 1985. Bacterial biovolume and biomass estimations. Appl Environ Microbiol, 49(6): 1488~1493
- Coffin R B, Sharp J H. 1987. Microbial troph-dynamics in the Delaware Estuary. Mar Ecol Prog Ser, 41: 253~266
- Costa-Pierce B A, Craven D B, Karl D M et al. 1984. Correlation of in situ respiration rates and microbial biomass in prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) ponds. Aquac 37: 157~168

(2)Liu Guocai Li Deshang Dong Shuanlin. 1998. 见本文第 360 页(1).

- Fenchel T. 1988. Marine plankton food chains. *A Rev Ecol Syst* 19: 19~38
- Gak D S, Romaniva E P, Pomanenko V I, et al. 1972. Estimation of changes in number of bacteria in the isolated water samples. In: Sorokin Y I, Kadota H, eds. *Microbial production and decomposition in fresh waters*. Blackwell Scientific Publications, Oxford. 78~82
- Graneli W. 1978. Sediment oxygen uptake in south Swedish lakes. *Oikos* 30: 7~16
- Haggrave B T. 1972. Aerobic decomposition of sediment and detritus as a function of particle surface area and organic content. *Limnol Oecolog*, 17(4): 583~596
- Hobbie J E, Daley R G, Jesper S. 1977. Use of nuclepore filters for counting bacteria by fluorescence microscopy. *Appl Environ Microbiol* 33: 1225~1228
- Kirchman D L, Ducklow H W. 1987. Trophic dynamics of particle-bound bacteria in pelagic ecosystems: A review, p. 54~82. In: Moriarty D J W, Pullin R S V, eds. *Detritus and microbial ecology in aquaculture*. ICLARM Conference Proceedings 14 420p. International Center for Living Aquatic Research Management. Manila Philippines
- Lu J R, Li D S, Zhang H Y. 1997. Bacterioplankton secondary production estimates for artificially fertilized shrimp pond. *Chin J Oceanol Limnol* 15(1): 92~96
- Moriarty D J W. 1986. Bacterial productivity in ponds used for culture of Penaeid Prawns. *Microb Ecol*, 12: 259~269
- Ogura N. 1970. The relation between DOC and apparent oxygen utilization in the Western North Pacific. *Deep-Sea Research* 17: 221~231
- Olah J, Sinha V R P, Ayyappan S, et al. 1987. Sediment oxygen consumption in tropical undrainable fish ponds. *International Revue gesammte Hydrobiologica*. 72: 297~305
- Schwaerter S, Ondergaard M, Riemann B, et al. 1988. Respiration in eutrophic lakes: the contribution of bacterioplankton and bacterial growth yield. *J Plank Res*, 10: 515~531
- Smith K L Jr. 1973. Respiration of a sublittoral community. *Ecology* 54: 1065~1075
- Smith K L Jr, Nichols J A. 1973. Benthic community respiration near the Woods Hole sewage outfall. *Estuarine Coastal Mar Sci* 1: 65~70
- Smith R E H, Harrison W G, Irwin B, et al. 1986. Metabolism and carbon exchange in microplankton of the Grant Bars (Newfoundland). *Mar Ecol Prog Ser* 34: 171~183
- Wright R T, Coffin R B. 1984. Measuring microzooplankton grazing on planktonic marine bacteria by its impact on bacterial production. *Microb Ecol* 10: 137~149

METABOLISM OF BACTERIAL CARBON IN SHRIMP CULTURAL ENCLOSURE ECOSYSTEMS

LIU Guo-Cai, LI De-Shang, DONG Shuang-Lin, CHEN Zhao-Bo
(Fisheries College, Ocean University of Qingdao, 266003)

ABSTRACT Metabolism of bacterial carbon in shrimp cultural enclosure ecosystems was studied from June 6 to August 24, 1997 in the shrimp farm of Huanghai Fisheries Group Corporation. The results were: the average rates of respiration, production and detritus decomposition ($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$) of bacterioplankton were 349 ± 167 , 180 ± 86 and 529 ± 253 respectively. The bacterioplankton respiration was 40 percent of the plankton community respiration. The rates of respiration, production and detritus decomposition ($\mu\text{gC/L}\cdot\text{d}$) of sediment bacteria were 168.07, 72.27 and 240.34 respectively. There were significant correlation between the sediment respiration and the sediment temperature, bacteria biomass and organic carbon concentration. The respiration rate of certain numbers of sediment bacteria showed significant negative correlation with total sediment bacteria biomass, which proved that the metabolism of the sediment bacteria was probably limited by inadequate substrate supply. The respiration, production and detritus decomposition of the bacterioplankton were 2.08, 2.49 and 2.20 times higher than that of the sediment bacteria in the cultural period. The bacterioplankton and sediment bacteria decomposed 30 percent of the organic carbon income of the enclosure in total, in which, 10 percent was transformed into bacterial carbon and 20 percent was mineralized.

KEYWORDS Shrimp culture, Enclosure ecosystem, Metabolism of bacterial carbon