

湖泊和地下水中异养细菌群落结构 和生理特征的比较研究*

李勤生 蔡庆华 洪葵** 刘建康

(中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072)

提要

对武汉东湖三个定点观测站和潜江市一深水机井中异养细菌群落的种群组成、对不同基质的反应、菌株和群落的生理特征和活力水平等方面比较研究结果表明：环境差异较小的东湖I、II、III站异养细菌群落间的差异亦较小，具有类似的结构特征和生理活力水平，对特定基质表现了相似的作用模式；地下水中的异养细菌群落在上述几方面均显示了明显的差别。此外，在异养细菌群落结构和功能研究方法上亦是有益的探讨。

关键词 异养细菌, 群落结构, 生理活力特征

微生物群落结构与功能是微生物生态学领域中的研究主题之一。从理论上讲，不同的微生物群落结构，产生不同的功能效应，决定不同的代谢类型和强度，是微生物影响整个生态系统物质循环和能量转换过程的基础。然而，由于微生物不仅个体小、数量大、种类多、分布广，而且代谢类型复杂等特点，对天然生境中的微生物群落结构的分析及其功能检测，仍然是一个十分困难的课题。为此，我们选择了湖泊和地下水两种相距甚远的生态条件，对其中四个异养细菌群落结构特征和生理活力水平进行比较研究的同时，也在研究方法上作了初步探讨。

材料与方法

(一) 采样点的选择

武汉东湖 I、II、III 站采样位置参见文献 [1]。上层水样取自水面下 25cm，下层水样取自底泥上 16cm。地下水样取自湖北省潜江市竹根滩涂水机井，井深 130m。

(二) 异养细菌计数、分离和纯化

按实验室常规方法稀释水样，与营养琼脂混合后倾注平板，在室温下 (30—36°C) 培

* 国家自然科学基金资助项目，编号 3860591。

** 现在华南热带作物学院。

1989年12月31日收到。

养 48h 后计数。挑取单个菌落，在营养琼脂平板上划线，进一步纯化后备用。

(三) 生物学特性检测

113 项检测系统：包括菌落及细胞形态、培养特性、生理生化反应及对抗菌素的敏感性等指标。检测方法参见文献 [1, 2]。采用国产快速生化板检测如下生理生化反应：赖氨酸脱羧酶、鸟氨酸脱羧酶、精氨酸双水解酶、苯丙氨酸脱氨酶、脲酶、丙二酸盐利用、氰化钾试验、七叶苷水解及糖、醇发酵试验。

(四) 数据处理及计算方法

1. 微机聚类分析 采用 IBM PC/XT 微型计算机，分别将各采样点分离的菌株按彼此间的相似值水平聚类，参见文献 [1]。多样性指数采用香农-弗韦指数 (Shannon-Weaver index)^[3]。

2. 生理活力计算方法：

菌株总活力：

$$G(i)\% = 100 \frac{P_M(i)}{P_M(i) + N_M(i)}$$

$G(i)\%$ = 分离物总活力的% (i)

$P_M(i)$ = 分离物的阳性特征数 (i)

$N_M(i)$ = 分离物的阴性特征数 (i)

群落对特殊基质分解的生理活力：

$$A(a)\% = \frac{P_1(a)}{P_1(a) + N_1(a)}$$

$A(a)\%$ = 一个群落中阳性反应的频率 %

$P_1(a)$ = 阳性反应菌株的数目

$N_1(a)$ = 阴性反应菌株的数目

群落总活力^[4] 各检测项目阳性反应%的累计数除以检测项目数之商，作为群落总活力水平指标。

结 果

(一) 形态组成

东湖 I、II、III 站异养细菌的形态组成均有一定的差异^[1]，与地下水比较起来，差异更为突出。地下水革兰氏阴性杆菌占绝对优势（表 1）。此外，出现频率最高的是八叠球菌。

(二) 聚类分析及多样性指数比较

采用 113 项检测系统对东湖 I、II、III 站和地下水中异养细菌株检测所得结果，通过微机进行聚类分析，在不同相似值水平上分簇，计算各异养细菌群落的多样性指数（表 2）。

表 1 东湖 I、II、III 站湖水与地下水异养细菌数量、形态组成的比较

Tab. 1 Comparison of the numbers and morphological properties of heterotrophic bacterial communities at Stations I, II, III in the Donghu Lake and in the groundwater

样品来源 Sample Sonrce	东湖 Donghu Lake			地下水 Groundwater
	I	II	III	
异养细菌数 Number of heterotrophic bacteria (cfu/ml)	5.8×10^3	4.8×10^3	1.5×10^3	3.1×10^2
检测菌株数 Number of strains examined	64	55	50	40
球菌% Cocci	28.0	67.3	28.1	27.0
杆菌% Rods	72.0	32.7	71.9	73.0
革兰氏染色阳性菌株% Gram-positive strains	50.0	56.4	66.0	15.0
革兰氏染色阴性菌株% Gram-negative strains	43.8	40.0	30.0	85.0
革兰氏染色不定菌株% Gram variable strains	6.3	3.6	4.0	未检出
芽孢菌株% Spore bacteria	79.7	43.6	64.0	未检出
无芽孢菌株% Non-spore bacteria	20.3	56.4	36.0	100.0
有色素菌株% Coloured strains	29.7	43.6	24.0	80.5

* 菌落数 (Colony form unit)

表 2 东湖 I、II、III 站和地下水异养细菌群落结构聚类分析结果比较

Tab. 2 Comparison of the diversity of the four heterotrophic bacterial communities from Donghu Lake and ground water by cluster analysis

相似值 Similarity value (S)	东湖 Donghu Lake			地下水 Ground water
	station I	II	III	
最高相似值 Max S value	0.89	0.92	0.92	0.92
最低相似值 Min S value	0.63	0.65	0.64	0.70
S = 0.80	簇数 Number of clusters	46	31	27
	多样性指数 Diversity index	5.19	3.82	4.29
S = 0.78	簇数 Number of clusters	27	25	21
	多样性指数 Diversity index	5.37	3.27	3.83
S = 0.75	簇数 Number of clusters	27	13	10
	多样性指数 Diversity index	3.5	1.65	1.43
S = 0.70	簇数 Number of clusters	7	3	3
	多样性指数 Diversity index	0.69	0.35	0.30
				0

表3 东湖I、II、III站和地下水异养细菌群落生理活力的比较(阳性反应菌株%)

Tab. 3 Comparison of the physiological activity of the four heterotrophic bacterial communities from Donghu Lake and ground water (positive reaction%)

检测项目 Substrates and reaction	东湖 Donghu Lake			地下水 groundwater
	station I	II	III	
纤维素 Cellulose①	4.7	未检出	20	未检出
几丁质 Chitin①	4.7	未检出	未检出	8.1
淀粉 Starch①	40.6	38.2	30.0	16.2
卵磷脂 Lecithin①	9.3	10.9	20.0	18.9
明胶 Gelatin①	82.8	81.8	74.0	37.8
酪蛋白 Casein①	70.3	67.3	50.0	35.1
菊糖 Inulin①	3.7	3.4	2.4	未检出
精氨酸双水解酶 Arginin dihydrolase②	98.1	94.8	100.0	83.8
赖氨酸脱羧酶 Lysine decarboxylase②	98.1	96.6	97.6	83.8
鸟氨酸脱羧酶 Ornithine decarboxylase②	98.1	100.0	100.0	43.2
苯丙氨酸脱氨酶 Phenylalanine deaminase②	5.6	未检出	2.4	16.2
脲酶 Urease②	18.8	12.7	38.0	67.6
硝酸盐还原 NO ₃ →NO ₂ ②	67.2	74.5	58.0	100.0
产氨(由蛋白胨) NH ₃ production②	75.0	65.5	66.0	100.0
葡萄糖 Glucose③	100.0	100.0	98.0	29.7
乳糖 Lactose③	23.4	20.0	32.0	未检出
麦芽糖 Maltose③	46.9	45.4	50.0	40.5
木糖 Xylose③	81.5	87.9	95.1	89.2
阿拉伯糖 Arabinose③	11.1	10.3	12.2	37.8
甘露糖 Mannose③	87.0	89.7	87.8	37.8
蔗糖 Sucrose③	79.6	98.3	87.8	27.0
半乳糖 Galactose③	77.8	86.2	92.7	16.2
海藻糖 Trehalose③	83.3	91.4	87.8	29.7
甘露醇 Mannitol③	77.8	89.7	80.5	13.5
纤维二糖 Cellobiose③	77.8	86.2	80.5	5.4
密二糖 Melibiose③	75.9	81.0	87.8	未检出
山梨醇 Sorbitol③	74.0	70.7	78.0	未检出
水杨苷 Salicin③	75.9	84.5	90.2	16.2
肌醇 Inositol③	未检出	1.7	2.4	未检出
果糖 Fructose③	85.2	91.4	75.6	24.3
松三糖 Melezitose③	1.9	8.6	未检出	未检出
松二糖 Turanose③	14.8	13.8	24.4	未检出
棉子糖 Raffinose③	74.0	79.3	80.5	未检出
鼠李糖 Rhamnose③	5.6	6.9	12.2	未检出
卫矛醇 Galactitol③	64.8	63.8	61.0	未检出
核糖醇 Adonitol③	1.9	3.4	4.8	未检出
柠檬酸盐 Citrate③	56.3	49.1	48.0	78.4
磷酸盐 Ca ₃ PO ₄ ③	15.6	5.5	14.0	未检出
丙二酸钠 Malonate③	67.2	83.6	64.0	2.7
七叶苷 Esculin③	79.7	89.1	78.0	94.6
H ₂ S 产生 H ₂ S production	82.8	87.3	82.0	8.1
吲哚 Indole	14.1	10.9	2.0	21.6
V.P	59.4	72.7	56.0	2.7

注: ① 多聚物 polymeric substrates ② 氮化物 nitrogen compounds ③ 非多聚物 non-polymeric substrates

(三) 生理活力比较

1. 不同异养细菌群落对试验基质分解能力的比较 按试验菌株与阳性反应菌株的百

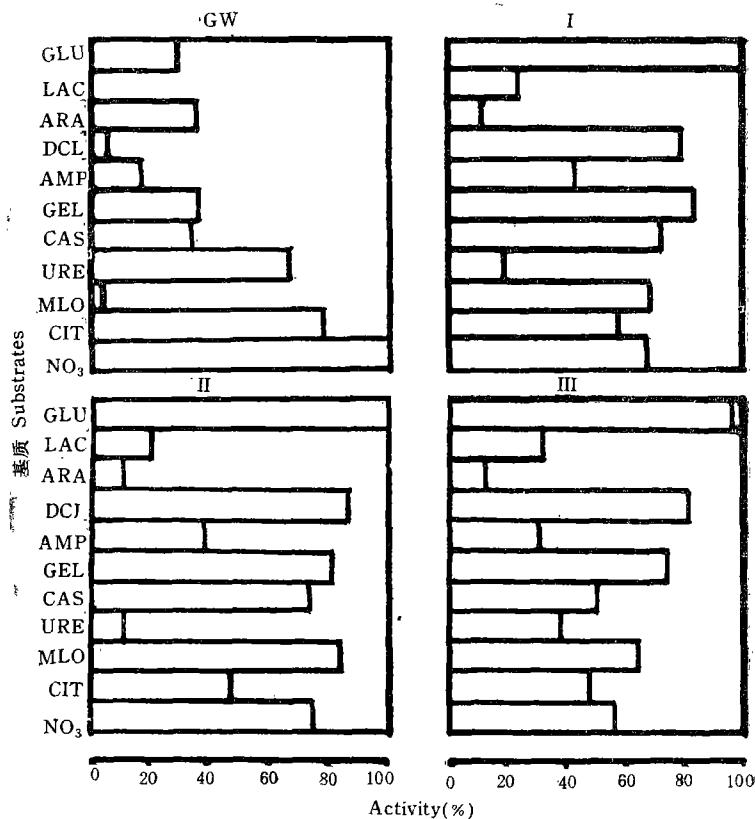


图 1 地下水和东湖 I、II、III 站异养细菌群落对选择基质作用模式图

Fig. 1 Comparison of selected physiological activities between lake and groundwater heterotrophic bacterial communities

GW—ground water 地下水 I,II,III—Stations in the Donghu Lake 东湖 I,II,III 站

表 4 东湖 I、II、III 站和地下水异养细菌群落对不同类型基质利用能力的比较(%)

Tab. 4 Comparison of substrate utilization indices of the different heterotrophic bacterial communities (data in percentage)

基质类别 Substrates	东湖 Donghu Lake			地下水 Groundwater
	I	II	III	
多聚物 Polymeric substrates①	30.87	28.80	25.49	16.59
非多聚物 Non-polymer substrates③	56.36	60.18	59.53	20.41
氯化物 Nitrogen compounds②	65.84	63.44	66.00	70.66

注：①②③同表 3 脚注

表 5 不同异养细菌群落菌株阳性反应率最高和最低的 10 种基质

		Donghu Lake I			Donghu Lake II			Donghu Lake III			Ground water		
		阳性反应基质		阳性反应% Positive reaction	阳性反应基质		阳性反应% Positive reaction	阳性反应基质		阳性反应% Positive reaction	阳性反应基质		阳性反应% Positive reaction
		Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate	Substrate
阳性反应率高的 10 种基质	葡萄糖 (Glu)	100.0	葡萄糖 (Glu)	100.0	鸟氨酸 (Orn)	100.0	NO ₃ →NO ₂	100.0	NO ₃ →NO ₂	100.0	NO ₃ →NO ₂	100.0	
	精氨酸 (Arg)	98.1	鸟氨酸 (Orn)	100.0	精氨酸 (Arg)	100.0	NH ₃ (from peptone)	100.0	NH ₃ (from peptone)	100.0	NH ₃ (from peptone)	100.0	
	赖氨酸 (Lys)	98.1	蔗 糖 (Suc)	98.3	赖氨酸 (Lys)	97.6	七叶昔 (Esc)	94.6	七叶昔 (Esc)	94.6	七叶昔 (Esc)	94.6	
	鸟氨酸 (Orn)	98.1	赖氨酸 (Lys)	96.6	葡萄糖 (Glu)	98.0	木 糖 (Xyl)	89.2	木 糖 (Xyl)	89.2	木 糖 (Xyl)	89.2	
	甘露糖 (Man)	87.0	海藻糖 (Tre)	91.4	木 糖 (Xyl)	95.1	精氨酸 (Arg)	83.8	精氨酸 (Arg)	83.8	精氨酸 (Arg)	83.8	
	果 糖 (Fru)	85.2	果 糖 (Fru)	91.4	半乳糖 (Gal)	92.7	赖氨酸 (Lys)	83.8	赖氨酸 (Lys)	83.8	赖氨酸 (Lys)	83.8	
	海藻糖 (Tre)	83.3	精氨酸 (Arg)	94.8	水杨苷 (Sal)	90.2	柠檬酸盐 (Cit)	78.4	柠檬酸盐 (Cit)	78.4	柠檬酸盐 (Cit)	78.4	
	明 胶 (Gel)	82.8	甘露糖 (Man)	89.7	甘露糖 (Man)	87.8	尿 素 (Ure)	67.6	尿 素 (Ure)	67.6	尿 素 (Ure)	67.6	
	胱氨酸 (Cys)	82.8	甘露醇 (Mat)	89.7	蔗 糖 (Suc)	87.8	麦芽糖 (Mal)	40.5	麦芽糖 (Mal)	40.5	麦芽糖 (Mal)	40.5	
	木 糖 (Xyl)	81.5	七叶灵 (Esc)	89.1	海藻糖 (Tre)	87.8	甘露糖 (Man)	37.8	甘露糖 (Man)	37.8	甘露糖 (Man)	37.8	
阳性反应率低的 10 种基质	肌 醇 (Ino)	未检出	纤维素 (Cel)	未检出	松三糖 (Mel)	未检出	纤维素 (Cel)	未检出	纤维素 (Cel)	未检出	纤维素 (Cel)	未检出	
	松三糖 (Mel)	1.9	几丁质 (Chi)	未检出	几丁质 (Chi)	未检出	菊 糖 (Inu)	未检出	菊 糖 (Inu)	未检出	菊 糖 (Inu)	未检出	
	核糖醇 (Ado)	1.9	苯丙氨酸 (Phe)	未检出	菊 糖 (Inu)	未检出	乳 糖 (Lac)	2.4	乳 糖 (Lac)	未检出	乳 糖 (Lac)	未检出	
	菊 糖 (Inu)	3.7	肌 醇 (Ino)	1.7	苯丙氨酸 (Phe)	2.4	密二糖 (Meli)	未检出	密二糖 (Meli)	未检出	密二糖 (Meli)	未检出	
	纤维素 (Cel)	4.7	菊 糖 (Inu)	3.4	纤维素 (Cel)	2.0	山梨醇 (Sor)	未检出	山梨醇 (Sor)	未检出	山梨醇 (Sor)	未检出	
	几丁质 (Chi)	4.7	核糖醇 (Ado)	3.4	肌 醇 (Ino)	2.4	肌 醇 (Ino)	未检出	肌 醇 (Ino)	未检出	肌 醇 (Ino)	未检出	
	鼠李糖 (Rha)	5.6	磷酸盐 (Ca ₃ PO ₄)	5.5	核糖醇 (Ado)	4.8	松二糖 (Tnr)	未检出	松二糖 (Tnr)	未检出	松二糖 (Tnr)	未检出	
	苯丙氨酸 (Phe)	5.6	松三糖 (Mel)	8.6	鼠李糖 (Rha)	12.2	松三糖 (Mel)	未检出	松三糖 (Mel)	未检出	松三糖 (Mel)	未检出	
	卵磷脂 (Lec)	9.3	鼠李糖 (Rha)	6.9	阿拉伯糖 (Ara)	12.2	阿拉伯糖 (Ara)	未检出	阿拉伯糖 (Ara)	未检出	阿拉伯糖 (Ara)	未检出	
	阿拉伯糖 (Ara)	11.1	卵磷脂 (Lec)	10.9	磷酸盐 (Ca ₃ PO ₄)	14.0	磷酸盐 (Ca ₃ PO ₄)	未检出	磷酸盐 (Ca ₃ PO ₄)	未检出	磷酸盐 (Ca ₃ PO ₄)	未检出	

分比计算,如表3。按基质类型(多聚物、非多聚物、氮化物等),比较不同群落菌株活力(表4)。根据不同异养细菌群落中,对试验基质具有分解活力菌株的百分率,列出其中阳性质率最高和最低的基质各10种,以比较不同群落生理活力特征(表5)。图1所示为东湖和地下水四个异养细菌群落菌株对葡萄糖(GLU)、乳糖(LAC)、阿拉伯糖(ARA)、纤维二糖(DCL)、淀粉(AMD)、明胶(GEL)、酪蛋白(CAS)、脲素(URE)、丙二酸盐(MLO)、柠檬酸盐(CIT)和硝酸盐(NO₃)的利用能力,湖泊中的异养细菌群落所表现的生理活力特征与地下水有显著的差别。

表6 不同异养细菌群落中菌株总活力水平的分布(%)

Tab. 6 Distribution of the total physiological activity of the strains in different heterotrophic bacterial communities (%)

菌株总生理活力%	东湖 I 站 Donghu Lake I	东湖 II 站 Donghu Lake II	东湖 III 站 Donghu Lake III	地下水 Ground-water	东湖上层水 Upperlayer Water D.L.*	东湖下层水 Underlayer Water D.L.*
<20	未检出	未检出	未检出	30.55	未检出	未检出
20—29	14.06	9.09	14.00	44.44	9.30	15.66
30—39	14.06	27.27	18.00	8.33	20.93	18.07
40—49	45.31	41.82	42.00	11.11	44.19	42.19
50—59	21.88	21.62	26.00	5.55	24.42	21.69
60—65	4.69	未检出	未检出	未检出	1.20	2.41

* D.L = Donghu Lake

表7 不同异养细菌群落总生理活力水平的比较

Tab. 7 Comparison of the total physiological activity among different heterotrophic bacterial communities

站别 Station	东湖 Donghu Lake			地下水 Groundwater
	I	II	III	
累计活力%值 Accumulative Total	2198.7	2270.5	2247.7	1161.8
检测项目数 No. of tests			41	
平均活力水平% Average physiological activity	53.63	55.38	54.82	28.43

2. 不同异养细菌群落及东湖上、下水层中菌株总活力水平分布和群落总活力水平的比较 详见表6, 表7。

讨 论

(一) 湖泊水体和地下水中的异养细菌群落结构的研究结果表明,它们之间存在着显著的差异。东湖为一富营养化、多用途的浅水湖泊。其中不同观测站的水环境质量不同。I 站为一受周围居民点和医院排放污水影响较严重的区域,异养细菌数量居于三站

之首; II 站、III 站分别处于湖心开阔区或受外界影响较少的区域, 异养细菌数量均低于 I 站, 但比地下水中的异养细菌数量要高得多(表 1)。从群落组成的形态特征看来, 球菌与杆菌的比例除 II 站有别外, 其它却是相近的。但比较革兰氏染色特性和芽孢菌的比例, 则可见湖泊三站与地下水存在明显的差别。东湖三个站革兰氏阳性菌均高于阴性菌, 二者比值 分别为 1.1、1.4、2.2; 如将革兰氏染色不定的菌株纳入革兰氏阳性菌中计算, 比值变化不大(1.29、1.5、2.3)。而地下水则以革兰氏阴性菌占绝对优势, 为检测菌株总数的 85% 革兰氏阳性菌仅占 15%; 这与 Jutta Kölbel-Boelke 及其同事的部分研究结果是相似的^[3]。在污染最为严重的 I 站, 芽孢菌为 79.7%, 占绝对优势; III 站次之, II 站更低。地下水, 所有检测菌株均为非芽孢菌。以上结果说明在东湖不同区域, 异养细菌种类组成虽有差异, 但与环境条件相距更远的地下水比较起来, 差异更为突出。

Rosswall 等^[4]曾报道瑞典一富营养化湖泊(Sunnerstaviken)水样中, 具有红色和黄色色素的菌落占 97% 左右, 其它富营养化湖泊亦不同程度高于贫营养湖泊。这一结果与 Walters & Schwartz 和 de Leval 的结论相反。后者认为, 随着富营养化程度的增加, 有色菌落的比例下降。Cherry 等曾报道, 由于化学污染, 降低了有色细菌的数量。比较东湖和地下水不同营养状况和污染程度的水体中有色菌株的比例, 发现地下水中有色菌株达 80.5%; 其次是水质较好的 II 站, 为 43.6%; I 站和 III 站分别为 29.7, 24.0%。本研究结果似乎支持了 Walters & Schwartz 和 de Leval 等的结论, 但作者认为, 虽然细菌色素形成受多种环境因素的影响, 有些因素却并不直接与水体富营养化和受污染的程度有关, 如温度、光照强度和光质, 以及培养基的成份等。因此, 将是否产生色素作为考察和比较某些生态系统中细菌群落组成的指标之一是可以的, 但由此得出如前所述的任何结论, 看来还需要有更具说服力的证据。

东湖 I、II、III 站和地下水中异养细菌群落结构聚类分析结果表明, 无论在那一相似性水平聚类分簇, 计算得出的多样性指数值, 东湖 I 站均高于 II、III 站; 东湖 I、II、III 站均不同程度高于地下水(表 2)。一方面说明了上述四个异养细菌群落结构的异质性程度, 同时与它们的营养状况也是吻合的^[1]。这种方法看来较之系统分类更适宜于研究细菌群落结构, 因为既可以在一定程度上解决大量菌株分类鉴定的困难, 而更重要的是有可能将群落结构与功能的研究有机地结合起来。值得注意的是分类结构和侧重于生态功能而选择的检测项目, 经过微机聚类分析而得出的结果, 是从不同角度对群落的描述, 它们各自所得出的多样性指数具有完全不同的涵义。

(二) 比较不同异养细菌群落生理活力特征的目的在于阐明不同群落在生态系统中的功能以及它们之间的差异, 对不同类型基质的作用模式, 生理活力强度, 识别它们的生态特征, 探讨有效而又可行的研究细菌群落结构与功能动态的方法。由表 3 可见, 不同异养细菌群落对不同基质或检测项目反应的阳性率有不同程度的差异; 如: 东湖三个站的异养细菌株几乎均有氧化或发酵葡萄糖产酸的能力, 而地下水则仅有 29.7% 的菌株为阳性反应; 相反, 地水中的异养细菌株在利用枸橼酸盐、由蛋白胨产氨、硝酸盐还原作用和分解尿素等方面, 明显地高于东湖各站。此外, 密二糖、山梨醇、棉子糖、卫矛醇等项反应, 湖水中的异养细菌株均有较高的阳性率, 对乳糖的利用虽然阳性率仅 20—32%, 但在地下水群落中, 均表现为阴性反应。

按不同类型基质分解能力的检测结果,比较不同群落的差异,发现地下水中异养细菌群落对多聚物的分解能力低于东湖三个站;对非多聚物的利用,差别更为明显,只有对氮化物的反应,地下水群落略高于湖泊(表4)。为进一步比较各群落对不同基质反应的特点,依次比较了阳性反应率最高和最低的基质各10种和具有代表性的11种基质反应的模式,结果表明除精氨酸、赖氨酸、甘露糖在四个异养细菌群落中均属于阳性反应率高的基质,纤维素、肌醇、鼠李糖、菊糖和松三糖均属于阳性反应率最低的基质之外,其它试验基质的利用能力在不同群落中有着不同程度的差异,东湖三站各群落之间差别较小。而最为突出的差异表现在地下水群落和湖泊群落之间(表5),如枸橼酸盐利用、硝酸盐还原、产氨、尿素水解、七叶苷和麦芽糖利用等仅出现在地下水异养细菌群落阳性反应率最高的前10种基质之中;而最低阳性率反应的10种基质全部是阴性反应。从选定的11项生理生化特性,按不同群落菌株阳性反应率的高低绘出的图式(图1),可以看出东湖三个站的三个异养细菌群落反应的总模式是一致的,虽然存在着量上的差别,而地下水群落则明显地别具一格。

(三) 不同异养细菌群落生理活力水平的比较结果表明,东湖I、II、III站间无论是总生理活力水平不同的菌株的分布,或者是群落总平均活力水平均无明显的差别;东湖上、下水层菌株的活力水平亦相似。唯有地下水中异养细菌群落的生理活性水平明显地低于湖泊(表6、7)。这一结果与 Martin Gehlen等(1985)^[4]的报道是一致的。Rossell 和 Jutta Kölbel-Boelke 等也曾先后报道过贫营养湖泊和地下水中异养细菌群落研究结果^[3,5]。前者发现瑞典两个贫营养湖泊水样中分离的异养细菌株分解淀粉、脲素和磷酸盐的比例很低,仅1—9%^[3];后者对地下水异养细菌株检测结果,对多种基质反应阳性率却很高^[5],与本结果比较,均有一定差别。这种差别除了生境不同,异养细菌群落结构存在差异之外,还可能因为各研究者采用的不同营养水平的培养基对各生态系统中的异养细菌选择的范围有别所致。

微生物群落结构与功能研究仍然存在不少困难,如没有一种培养基可以获得任何天然生境中所有微生物,即使是异养细菌也不可能。此外,在实验条件下,菌株所表现的生理活力与它们在自然环境中的实际活力之间还有相当距离。然而采用本文所应用的方法,通过对异养细菌群落中菌株组成的形态特点、生理活力检测、微机聚类分析等,从不同方位反映异养细菌群落结构和功能特征,这些数据和图形除提供了这些群落的生态指征外,对于研究异养细菌群落结构、功能及其动态的研究方法上也有一定的价值。

参 考 文 献

- [1] 李勤生、蔡庆华、华俐、刘建康,1991。东湖异养细菌群落的分类结构和聚类分析。水生生物学报。15(3): 242—254。
- [2] 中国科学院微生物研究所细菌分类组,1978。一般常见细菌鉴定方法,科学出版社。
- [3] Kölbel-Boelke, J., Anders, E-M. and Nehrkorn, A., 1988. Microbial communities in the saturated ground-water environment II. Diversity of bacterial communities in a pleistocene sand aquifer and their in vitro activities. *Microbial Ecology*, 16(1): 31—48.
- [4] Gehlen, M., Trampisch, H. J. and Dott, W., 1985. Physiological characterization of heterotrophic bacterial communities from selected aquatic environments. *Microbial Ecology*, 11(3): 205—219.
- [5] Rossell, T. and Persson, I. B., 1982. Functional description of bacterial population from seven Swedish

Lakes. *Limnologica* (Berlin). 14(1): 1—16.

COMPARATIVE STUDY ON COMMUNITY STRUCTURE AND PHYSIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF HETEROTROPHIC BACTERIA IN THE DONGHU LAKE AND THE GROUND WATER

Li Qinsheng, Cai Qinghua, Hong Kui and Liu Jiankang

(Institute of Hydrobiology, Academia Sinica, Wuhan 430072)

Abstract

Community structure and physiological characteristics of heterotrophic bacteria at three stations in the Donghu Lake and a deep well water were studied. Bacteria were isolated randomly on nutrient agar, and each strain was characterized in morphological, physiological properties and substrate utilization capabilities. Based on 113 features for each strain and their similarity degrees, cluster analysis and diversity index (Shannon-Weaver index) were used for describing structure and heterogeneity of the communities. The physiological activity levels and the substrate utilization patterns of the four heterotrophic bacterial communities were compared. The results indicated that the communities in the lake water differ from those in the ground water in several ways:

1. The lake water and the ground water communities differed in their quantitative and quantitative morphotype composition. Gram-negative, non-spored and coloured strains were predominant groups in the ground water; more Gram-positive bacteria and the strains were observed in the lake water with fewer pigments.
2. Diversity index value of the heterotrophic bacterial community was ranked in the order Donghu Lake Station I>Station II>Station III>ground water community.
3. The total activity of strains and single and total activity of community were lower in ground water than in lake water; in the lake there was no significant difference among three stations.
4. The substrate utilization patterns were different between the lake and the ground water communities. But the three communities in the Donghu Lake were hardly distinguishable from each other in the pattern of substrate utilization.

Key words

Heterotrophic bacteria, Community structure, Physiological activity characteristics