

# 霍甫水丝蚓(*Limnodrilus hoffmeisteri*)扰动对表层沉积物细菌群落结构和多样性的影响

郭亮<sup>1</sup>, 姚思鹏<sup>2</sup>, 邢鹏<sup>1\*</sup>

(1.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; 2.华中农业大学水产学院, 武汉 430070)

**摘要:**为研究大型底栖动物霍甫水丝蚓(*Limnodrilus hoffmeisteri*)对表层沉积物中细菌群落结构和多样性的影响,设计了沉积物-水微宇宙的实验,模拟太湖梅梁湾霍甫水丝蚓(*Limnodrilus hoffmeisteri*)的自然分布特征,运用末端限制性片段长度多态性技术(T-RFLP)比较了有无霍甫水丝蚓(*Limnodrilus hoffmeisteri*)分布的沉积物样品中细菌群落的动态变化。结果表明,水丝蚓组和对照组沉积物细菌群落结构相似性无显著差异( $P>0.05$ ),可见太湖梅梁湾目前的水丝蚓生物量引起的生物扰动对表层沉积物细菌群落结构影响不明显;实验中后期只在处理组中出现的206 bp以及处理组含量高于对照组的370 bp T-RFs都可能是 *Nitrosomonas* 属的氨氧化细菌,提示大型底栖动物霍甫水丝蚓的存在可能为氨氧化细菌提供了适合的生态位。

**关键词:**生物扰动;细菌群落结构;多样性;末端限制性片段长度多态性;氨氧化细菌

中图分类号:X174 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2011)05-0973-06

## The Influence of *Limnodrilus hoffmeisteri* Bioturbation on the Bacterial Community Composition and Diversity in Surface Sediment

GUO Liang<sup>1</sup>, YAO Si-peng<sup>2</sup>, XING Peng<sup>1\*</sup>

(1.State Key Laboratory of Lake Science and Environment, Nanjing Institute of Geography and Limnology, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2.College of Fishery, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

**Abstract:** To better understand the effect of *Limnodrilus hoffmeisteri* on bacterial community composition and diversity in the surface sediment, sediment-water microcosms experiments were constructed by simulating natural distribution of *Limnodrilus hoffmeisteri* in Meiliang Bay, Lake Taihu. Terminal restriction fragment length polymorphism(T-RFLP) was applied to analyze the dynamics of bacterial community in surface sediment samples with *Limnodrilus hoffmeisteri* distribution and control groups. Results showed that no significant difference of bacterial community structure was detected between the treatments and controls( $P>0.05$ ) along the sampling times. Therefore, we conjectured that the bioturbation driven by *Limnodrilus hoffmeisteri* didn't play a major role on bacterial community composition and diversity in surface sediment in Meiliang Bay. Furthermore, at latter period of the experiments, 206 bp and 370 bp of T-RFs assigned to genus of *Nitrosomonas*, ammonia-oxidizing bacteria(AOB) appeared, which indicating there may be a suitable niche for this functional group.

**Keywords:** bioturbation; bacterial community composition; diversity; T-RFLP; ammonia-oxidizing bacteria(AOB)

在湖沼学中生物扰动是指底栖动物、植物等造成沉积物颗粒的转换、溶解、冲刷等初级结构的改变。典型的生物扰动中介是环节动物蠕虫类(多毛类、寡毛类)、双壳类、腹足类、海参等。底栖动物是湖泊生态系统的次级生产者,是底栖亚系统的一部分,其通过生

物扰动(包括潜穴、爬行、觅食和避敌等)和排泄等生理活动影响着营养盐在湖泊沉积物-水界面之间的迁移转化,以及有机物的分解和矿化。因此,生物扰动是一个重要的生态过程<sup>[1]</sup>。太湖底栖动物群落结构和多样性研究表明,霍甫水丝蚓在太湖梅梁湾、竺山湾等富营养化严重的湖区占绝对优势<sup>[2]</sup>。由于沉积物中细菌的高丰度( $>10^8$  细胞每克沉积物)<sup>[3]</sup>,其在碳、氮、磷、氧、硫等生源要素转化中发挥着重要作用,所以沉积物细菌在水生生态系统的生物地球化学循环过程中不可或缺。已有的文献表明,盐度<sup>[4]</sup>、有机物<sup>[5]</sup>、氮

收稿日期 2010-11-04

基金项目:国家重点基础研究发展规划(2008CB418104);中国科学院知识创新工程重大项目(KZCX1-YW-14-1)

作者简介:郭亮(1984—),男,湖北武汉人,主要研究方向为环境微生物。E-mail: guoliang027@163.com

\*通讯作者:邢鹏 E-mail: pxing@niglas.ac.cn

含量<sup>[6]</sup>、磷含量<sup>[7]</sup>、覆盖植物的类型<sup>[8]</sup>等诸多因子均影响着沉积物细菌的群落结构,然而关于霍甫水丝蚓生物扰动对沉积物细菌群落结构和多样性的影响,目前知之甚少。自Liu等首先将末端限制性片段长度多态性(terminal restriction fragment length polymorphism, T-RFLP)应用于微生物生态学研究以来,该技术迅速发展,已成为研究环境微生物的重要手段之一<sup>[9]</sup>,与其他分子指纹图谱技术相比,T-RFLP具有更高的灵敏度和重复性,更适合动态监测。

基于以上研究现状,本文通过沉积物-水微宇宙实验系统,运用T-RFLP分子生物学方法模拟研究了底栖动物霍甫水丝蚓生物扰动对表层沉积物细菌群落结构和多样性的影响。以期更好地理解生物扰动、沉积物细菌群落结构和富营养化的联系。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

#### 1.1.1 沉积物和上覆水准备

用彼得生采泥器于太湖梅梁湾(31°28'14.16"N, 120°13'44.59"E)采集沉积物,经250 μm筛网去除较大颗粒物,挑出其中霍甫水丝蚓,用采样点位沉积物及湖水暂养,水丝蚓平均体重(24.3±3.4)mg。同时取上覆水,用0.45 μm醋酸纤维滤膜过滤备用。

#### 1.1.2 实验系统构建

将24根有机玻璃管分为两组(水丝蚓组和对照组),每组12根,加入混合好的沉积物20 cm,置于冰柜中-20℃冷冻,以杀死其中的虫卵等,7 d后取出室温下解冻,向每根管内小心地加入40 cm深的原位上覆水样,然后室温下放置13 d,这是因为硝化细菌等微生物会在-20℃休眠,最后根据我们调查的太湖梅梁湾水丝蚓密度和生物量(分别为1 707 ind·m<sup>-2</sup>、2.64 g·m<sup>-2</sup>),向水丝蚓组中添加水丝蚓,对照组中不添加水丝蚓,恒温培养箱里25℃避光条件下开始实验。

### 1.2 样品采集

实验持续16 d,共采样4次,采样时间为第4、7、11、16 d。分别标记为A和A',B和B',C和C',D和D'。A、B、C、D为对照组,A'、B'、C'、D'为水丝蚓组。用内径为1 cm的PVC管取表层沉积物,每次采样每个组随机取3根管子,每个样3个重复。剩余的沉积物用100目筛网筛洗挑出水丝蚓,如果水丝蚓数量不一致,则此样品不进行后续分析。

### 1.3 水化学分析

上覆水的硝态氮(NO<sub>3</sub>-N)、亚硝态氮(NO<sub>2</sub>-N)测

定采用紫外分光光度法、α-萘胺比色法<sup>[10]</sup>。

### 1.4 沉积物DNA提取

取0.25 g真空冷冻干燥沉积物,采用土壤DNA提取方法<sup>[11]</sup>,经PowerClean™ DNA Clean-Up Kit(Mo-Bio Laboratories, Carlsbad, CA, USA)纯化,获得沉积物DNA。经0.8%琼脂糖凝胶电泳检测,230、260、280 nm吸光度值测定,检验所提取DNA的含量和纯度。

### 1.5 T-RFLP技术应用

#### 1.5.1 PCR扩增

采用细菌通用引物8F(5'-AGAGTTTGATCCTG-GCTCAG-3'),在其5'端用Cy5-N-羟基琥珀酰亚胺酯荧光标记(Invitrogen),907R(5'-CCGTCAATTC-CTTTRAGTTT-3')扩增。50 μL PCR反应体系中包含10 mmol·L<sup>-1</sup> Tris-HCl, 50 mmol·L<sup>-1</sup> KCl, 1.5 mmol·L<sup>-1</sup> MgCl<sub>2</sub>, 0.2 mmol·L<sup>-1</sup> dNTPs, 0.2 mmol·L<sup>-1</sup> 引物, 1 U Taq-polymerase (Fermentas) 和1 μL提取的基因组DNA。PCR反应条件为:95℃ 5 min, 94℃ 30 s, 54℃, 45 s, 72℃, 1 min, 30个循环, 72℃最终延伸7 min。

#### 1.5.2 T-RFLP分析

用绿豆酶(New England Biolabs)30℃消化PCR产物30 min, 50 μL消化体系包含5 μL 10×buffer, 2 U绿豆酶, 45 μL PCR产物。用PCR产物纯化试剂盒(Axygen)纯化消化后的产物。其次用限制性核酸内切酶Hha (TaKaRa)酶切纯化产物。10 μL酶切体系中包含1 μL 10×buffer, 1 U Hha, DNA 5 μL, 去离子水3.5 μL。最后用CEQ8000(Beckman Coulter, USA)核酸片段分析仪对酶切产物进行T-RFLP分析。

### 1.6 统计分析

检测T-RFLP图谱中每一个末端带荧光标记的片段(terminal restriction fragment, T-RF),峰面积>0.5%且片段大小在60~640 bp间的T-RFs。分别计算细菌群落的Shannon-Weaver指数(H'), Simpson指数(D)和Pielou指数(J),来反映沉积物中细菌的多样性。计算公式如下:

$$H' = -\sum_{i=1}^n P_i \ln P_i; D = \sum_{i=1}^n P_i^2; J = H' / \ln S$$

其中:P<sub>i</sub>表示峰面积占总面积的比例;S表示T-RF数。

采用非加权配对算数平均法分析不同样品间细菌群落结构的相似性,聚类分析软件为PRIMER5 (Primer-E, Warwick, UK)。采用方差分析(ANOVA)检验细菌多样性指数等是否存在显著性差异,软件为SAS for Windows V8.0(SAS Institute Inc, USA)。

## 2 结果与讨论

### 2.1 基于 T-RFLP 的细菌群落结构分析

#### 2.1.1 细菌多样性分析

根据 T-RFLP 图谱中 T-RFs 的数量、种类和丰度,分别计算各样品细菌多样性指数(表 1)。结果显示:在试验期间,处理组和对照组的细菌物种丰度、Shannon-Weaver 指数、Simpson 指数、Pielou 指数均没有显著性差异( $P>0.05$ )。

#### 2.1.2 细菌群落分析

长度为 60、86、88、90、92、94、98、128、144、198、200、202、206、222、370、374、378、564 bp T-RFs 在整个试验过程中有较高的相对丰度(如图 1)。例如长度为 60、86、94、98 bp T-RFs 相对丰度在 4 次样品中都超过了 5%。88 bp T-RF 在试验开始时的样品 A 和 A' 中占有较大比例(分别占 7.3%和 12.2%),在后几次样品中只占较小比例(在最高的 B' 中为 2.8%)。同样 128 bp T-RF 在 A 和 A' 中相对丰度分别为 5.1%和 1.8%,而在后几次样品中消失了。198 bp T-RF 则是相反的趋势,在 A 和 A' 中没有检测到此片段,而在后来的 B 和 B'、C 和 C'、D 和 D' 3 次样品中都检测到了这个片段,相对比例分别为 3.8%和 2.2% 3.2%和 2.3% 2.5%和 5.0%。208 bp 和 218 bp T-RFs 也有相同的趋势。据此笔者推测在构建的这个微宇宙中细菌群落存在着一定程度的演替。

聚类分析表明 相同采样时间的水丝蚓组和对照组细菌群落结构基本相同,它们都可以聚为一支,而且有很高的相似性。如图 2 所示 相似性最低的样品 A 和 A' 也超过了 75%,最高的 B 和 B' 达到了 84%。所以可能在笔者构建的沉积物-水微宇宙实验系统中,水丝蚓不是影响沉积物细菌群落结构的主要因

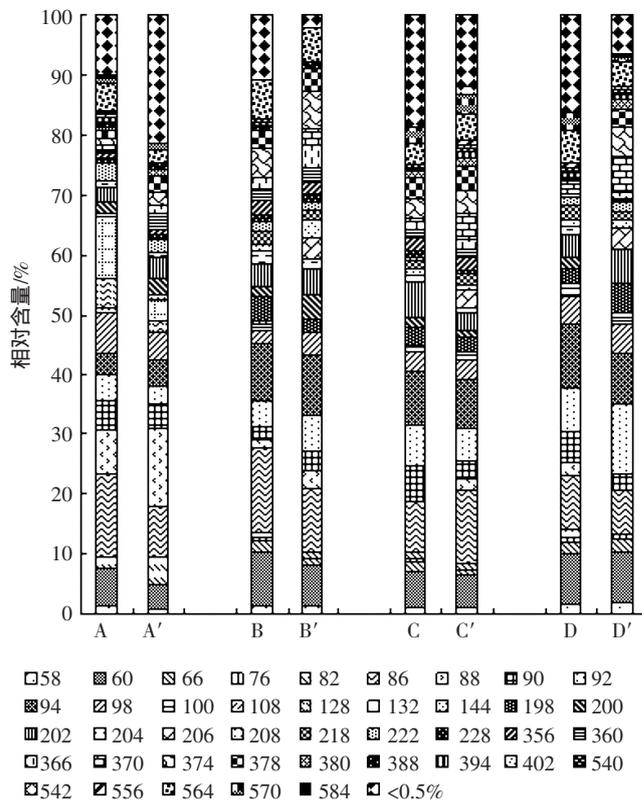


图 1 不同时间与处理的细菌每一个限制性片段(T-RF)占总的限制性片段的比例

Figure 1 T-RFLP profiling of bacteria samples with different treatments based on the T-RFLP pattern

子。生物的密度、生物量、生物体积对生物扰动的强度有重要影响<sup>[12]</sup>,本研究中有水丝蚓生物扰动组和对照组的沉积物细菌群落结构和多样性没有显著差异,可能的原因是梅梁湾水丝蚓密度和生物量的生物扰动造成的沉积物理化性质及其他条件的改变还不是影响细菌群落结构和多样性的显著因子,这与沉积物本身的性质也密切相关。Lohner<sup>[13]</sup>等在大尺度上研究发

表 1 沉积物细菌多样性分析

Table 1 Diversity of the sediment bacterial

样品编号 Sample No.	限制性片段/bp T-RFs	Shannon-Weaver 指数 $H'$ Shannon-Weaver index	Simpson 指数 $D$ Simpson index	Pielou 指数 $J$ Pielou index
A	48±16	3.325±0.432	0.034±0.017	0.868±0.074
A'	45±12	3.220±0.278	0.051±0.034	0.849±0.036
B	39±5	3.313±0.029	0.035±0.004	0.876±0.040
B'	46±6	3.210±0.316	0.040±0.016	0.836±0.051
C	42±4	3.217±0.078	0.037±0.024	0.862±0.021
C'	44±6	3.200±0.047	0.039±0.009	0.843±0.032
D	48±9	3.283±0.220	0.027±0.010	0.848±0.025
D'	44±3	3.197±0.043	0.031±0.005	0.846±0.024

现斑马贻贝(*Dreissena polymorpha*)种群对细菌多样性、群落结构和新陈代谢活性都有影响。在有斑马贻贝种群的沉积物中,细菌多样性和新陈代谢活性要高于没有该种群的地方。这与我们的研究结果大相径庭,可能是由于斑马贻贝滤水率高,能吞食大量浮游植物消耗水中氧气<sup>[14]</sup>,其造成的扰动作用强于水丝蚓。

2.2 T-RFs 定性推断分析

通过与数据库比对,可以鉴定特定长度的 T-RFs 片段所对应的细菌分类地位。如 Microbial Community

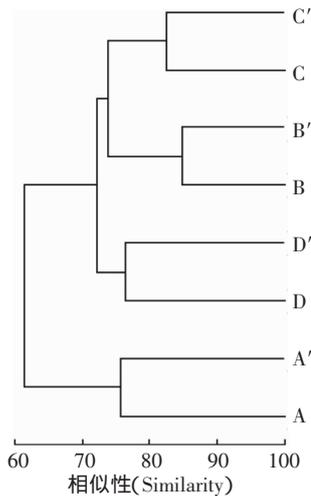


图 2 T-RFLP 结果聚类分析

Figure 2 Cluster analysis based on the T-RFLP pattern

Analysis (MiCA 3)(<http://mica.ibest.uidaho.edu/pat.php>)、Phylogenetic Assignment Tool (PAT)(<https://secure.limnology.wisc.edu/trflp/>)等数据库。将 T-RFLP 数据上传到 PAT 数据库比对检索,确定相对应 T-RFs 可能代表的细菌种属(表 2)。笔者通过 PAT 数据库比对得到 T-RFs 所代表的细菌大部分来自海洋和湖泊沉积物、活性污泥以及土壤,主要属于放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、浮霉菌门(Planctomycetes)、 $\alpha$ -变形菌亚纲( $\alpha$ -Proteobacteria)、 $\beta$ -变形菌亚纲( $\beta$ -Proteobacteria)、 $\gamma$ -变形菌亚纲( $\gamma$ -Proteobacteria)、 $\delta$ -变形菌亚纲( $\delta$ -Proteobacteria)等,其中  $\alpha$ -Proteobacteria、 $\gamma$ -Proteobacteria、 $\delta$ -Proteobacteria、Firmicutes、Actinobacteria 5 大类群占优势。这与戴欣等通过普通和稀释培养基研究太湖沉积物可培养细菌<sup>[15]</sup>,周丽华等研究太湖沉积物中的可培养细菌的结果是一致的<sup>[16]</sup>。研究表明, $\beta$ -Proteobacteria 是淡水生境中主要种类之一,而海洋环境中很少有  $\beta$ -Proteobacteria 的存在<sup>[17]</sup>。本研究中  $\beta$ -Proteobacteria 所占比例也相对较高,系统分类上亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)的氨氧化细菌就是属于  $\beta$ -Proteobacteria 亚纲。

进一步推断得出,60 bp T-RF 可能是巴尔通氏体属(*Bartonella*)细菌,82 bp T-RF 与土壤中单胞菌属(*Sphingomonas*)、88 bp T-RF 与黄杆菌属(*Flavobac-*

表 2 PAT 数据库中与主要 T-RFs 对应的细菌分类地位

Table 2 Closest matches between T-RFs and sequences from the database of PAT

限制性片段 T-RFs/bp	最相近序列(检索号)Closest matche(accession No.)	系统分类地位 Phylogenetic position
60	<i>Bartonella henselae</i> str. FR96/BK3.(AJ223778)	Proteobacteria ;Alphaproteobacteria
82	<i>Sphingomonas</i> str. DhA-95.(AF177917)	Proteobacteria ;Alphaproteobacteria
86	str. JTB35.(AB015250)	Proteobacteria ;Gammaproteobacteria
88	<i>Flavobacterium hydatis</i> ATCC 29551.(M58764)	Bacteroidetes ;Flavobacteria
90	<i>Gelidibacter algens</i> str. IC147.(AF001367)	Bacteroidetes ;Flavobacteria
92	clone Sva0853.(AJ240985)	Proteobacteria ;Deltaproteobacteria
94	<i>Cytophaga</i> sp. str. BD1-15.(AB015524)	Bacteroidetes ;Cytophagia
98	clone Sva0516.(AJ241002)	Proteobacteria ;Deltaproteobacteria
128	uncultured <i>Planctomyces</i> clone 7F15.(AF029079)	Planctomycetes ;Planctomycetacia
198	<i>Pirellula</i> sp. str. AGA/M41.(X86390)	Planctomycetes ;Planctomycetacia
202	str. from Lake Gossenkoellesee.(AJ224987)	Bacteria ;environmental samples
206	<i>Nitrosomonas</i> sp. str. GH22.(AB000701)	Proteobacteria ;Betaproteobacteria
222	clone C028.(AF013527)	Bacteria ;environmental samples
370	<i>Nitrosomonas</i> sp. str. GH22.(AB000701)	Proteobacteria ;Betaproteobacteria
374	clone Sva0864.(AJ240988)	Proteobacteria ;Gammaproteobacteria
378	<i>Thermomonospora chromogena</i> ATCC 43196.(AF116561)	Actinobacteridae ;Actinobacteridae
564	<i>Pseudomonas</i> Sag-1 str. Sag-1.(AF098467)	Proteobacteria ;Gammaproteobacteria

terium)、90 bp T-RF 与南极洲海上浮冰中的 *Geolidibacter* 属、94 bp T-RF 与深海沉积物中的噬胞菌属(*Cytophaga*)、128 bp T-RF 与海洋环境中的浮霉菌属(*Planctomyces*)、198 bp T-RF 与 *Pirellula* 属、206 bp 和 370 bp T-RFs 与 Suwa 等研究活性污泥的氨氧化细菌发现的亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)<sup>[18]</sup>、378 bp T-RF 与高温单胞菌属细菌 (*Thermomonospora*)、564 bp T-RF 与北极圈土壤中分离得到的假单胞菌属细菌都有很高的同源性(均为 100%)。而引起我们兴趣的则是实验中后期出现的 206 bp 和 370 bp 片段属于 *Nitrosomonas* ,与 Fouratt 等<sup>[19]</sup>研究中的氨氧化细菌同源性达到了 97% ,推测 206 bp 和 370 bp 片段可能是氨氧化细菌(AOB)。

研究表明,底栖动物穴居行为改变氧气在沉积物中传输过程,影响沉积物中 AOB 的丰度和群落结构。我们先前的研究(另刊发表)表明:水丝蚓密度越高表层沉积物中  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  含量越低,底物浓度是影响 AOB 的关键因子之一。由此推测可能是水丝蚓直接或间接推动了氨氧化这一过程,但对其具体作用机制还不很清楚。本实验中上覆水中硝态氮( $\text{NO}_3^-\text{-N}$ )和亚硝态氮( $\text{NO}_2^-\text{-N}$ )在水丝蚓组中含量高于对照组。硝态氮含量

在试验中后期比前期有明显的升高(图 3),这也暗示了可能在实验中后期氨氧化反应强烈。由此提示大型底栖动物霍甫水丝蚓的存在可能为氨氧化细菌提供了适合的生态位。

由于沉积物可培养微生物约只占 0.25% 以及数据库不完善,86、92、98、202、222 bp 和 374 bp T-RFs 所代表细菌的分类地位不能确定,因而发展新的培养方法和策略对我们理解沉积物微生物大有裨益。为了深入认识水丝蚓生物扰动过程中细菌的具体组成及多样性,有必要采用 16S rDNA 克隆文库方法以及原位实验进行深入研究。

### 3 结论

通过沉积物-水微宇宙实验系统,模拟研究了底栖动物霍甫水丝蚓生物扰动对表层沉积物细菌群落结构和多样性的影响,主要结果如下:

(1)太湖梅梁湾目前霍甫水丝蚓生物量引起的生物扰动对表层沉积物细菌多样性没有显著影响。

(2)T-RFLP 分析表明,对照组和水丝蚓组表层沉积物细菌群落结构没有显著差异,并且它们相似性较高,最高达到了 84%。

(3) 试验中后期出现的 206 bp 和 370 bp T-RFs 可能是 *Nitrosomonas* 属的氨氧化细菌,提示大型底栖动物霍甫水丝蚓的存在可能为氨氧化细菌提供了适合的生态位。

#### 参考文献:

- [1] Lohrer A M, Thrush S F, Gibbs M M. Bioturbators enhance ecosystem function through complex biogeochemical interactions[J]. *Nature*, 2004, 431(7012): 1092-1095.
- [2] 蔡永久, 龚志军, 秦伯强. 太湖大型底栖动物群落结构及多样性[J]. 生物多样性, 2010, 18(1): 50-59.
- CAI Yong-jiu, GONG Zhi-jun, QIN Bo-qiang. Community structure and diversity of macrozoobenthos in Lake Taihu, a large shallow eutrophic lake in China[J]. *Biodiversity Science*, 2010, 18(1): 50-59.
- [3] Schmidt J L, Deming J W, Jumars P A, et al. Constancy of bacterial abundance in surficial marine sediments[J]. *Limnol Oceanogr*, 1998, 43(5): 976-982.
- [4] Oren A. Molecular ecology of extremely halophilic archaea and bacteria [J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2002, 39(1): 1-7.
- [5] Bissett A, Burke C, Cook P L M, et al. Bacterial community shifts in organically perturbed sediments[J]. *Environ Microbiol*, 2007, 9(1): 46-60.
- [6] Rubin M A, Leff L G. Nutrients and other abiotic factors affecting bacterial communities in an Ohio River (USA)[J]. *Microbiol Ecol*, 2007, 54(2): 374-383.

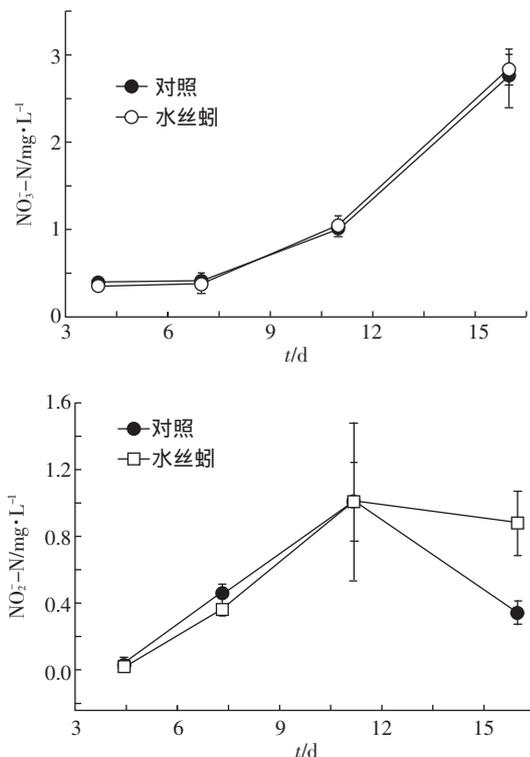


图3 上覆水中硝态氮和亚硝态氮浓度变化

Figure 3 The changes of nitrate and nitrite in the overlying water column

- [7] Wu L, Kellogg L, Devol A H, et al. Microarray-based characterization of microbial community functional structure and heterogeneity in marine sediments from the Gulf of Mexico[J]. *Appl Environ Microbiol*, 2008, 74(14): 4516-4529.
- [8] Jensen S I, Kühl M, Priemé A. Different bacterial communities associated with the roots and bulk sediment of the seagrass *Zostera marina*[J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2007, 62(1): 108-117.
- [9] Liu W T, Marsh T L, Cheng H, et al. Characterization of microbial diversity by determining terminal restriction fragment length polymorphisms of genes encoding 16S rRNA[J]. *Appl Environ Microbiol*, 1997, 63(11): 4516-4522.
- [10] 金相灿, 屠清瑛. 湖泊富营养化调查规范[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1990.  
JIN Xiang-can, TU Qin-ying. The standard methods for observation and analysis of lake eutrophication, 2nd[M]. Beijing: Environmental Science Press, 1990.
- [11] Zhou J, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition[J]. *Appl Environ Microbiol*, 1996, 62(2): 316-322.
- [12] Dupont E, Gilbert F, Poggiale J C, et al. Benthic macrofauna and sediment reworking quantification in contrasted environments in the Thau Lagoon[J]. *Estuar Coast Shelf S*, 2007, 72(3): 522-533.
- [13] Lohner R N, Sigler V, Mayer C M, et al. A comparison of the benthic bacterial communities within and surrounding dreissena clusters in Lakes[J]. *Microbiol Ecol*, 2007, 54(3): 469-477.
- [14] Jones C G, Lawton J H, Shachak M. Organisms as ecosystem engineers[J]. *Oikos*, 1994, 69(3): 373-386.
- [15] 戴欣, 王保军, 黄燕, 等. 普通和稀释培养基研究太湖沉积物可培养细菌的多样性[J]. *微生物学报*, 2005, 45(2): 161-165.  
DAI Xin, WANG Bao-jun, HUANG Yan, et al. Bacterial diversity in the sediment of Taihu Lake by using traditional nutrient medium and dilution nutrient medium[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2005, 45(2): 161-165.
- [16] 周丽华, 陈士超, 邓志瑞, 等. 太湖沉积物中的可培养细菌 I. 细菌多样性初步分析[J]. *湖泊科学*, 2009, 21(1): 27-35.  
ZHOU Li-hua, CHEN Shi-chao, DENG Zhi-ru, et al. Culturable bacteria in the sediment of Lake Taihu(I) Primary analysis of bacterial diversity[J]. *J Lake Science*, 2009, 21(1): 27-35.
- [17] Eiler A, Bertilsson S. Composition of freshwater bacterial communities associated with cyanobacterial blooms in four Swedish lakes[J]. *Environ Microbiol*, 2004, 6(12): 1228-1243.
- [18] Suwa Y, Sumino T, Noto K. Phylogenetic relationships of activated sludge isolates of ammonia oxidizers with different sensitivities to ammonium sulfate[J]. *J Gen Appl Microbiol*, 1997, 43(6): 373-379.
- [19] Fouratt M A, Rhodes J S, Smithers C M, et al. Application of temperature gradient gel electrophoresis to the characterization of a nitrifying bioaugmentation product[J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2003, 43(2): 277-286.