

文章编号: 1674-5566(2017)06-0844-09

DOI:10.12024/jsou.20170301998

## 罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中蓝藻的群落结构及影响因素研究

范立民, 吴伟, 裘丽萍, 李丹丹, 孟顺龙, 宋超, 郑尧, 陈家长

(中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业部长江下游渔业资源环境科学观测实验站, 江苏无锡 214081)

**摘要:** 为了研究罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中蓝藻(蓝细菌)的群落结构、多样性状况和影响因素, 采用高通量测序技术平台对细菌 16S rRNA 基因进行测序, 对其中的蓝藻组成进行分析。结果表明: 水和表层沉积物中的蓝藻群落结构存在显著差异, 但其中的优势目是相同的, 为聚球藻目、*Cyanobacteria\_norank* 和色球藻目; 水中的蓝藻群落结构受到月份变化的影响比较大, 并且与系统中氮净输入量有关。表层沉积物中的蓝藻群落受到池塘差异的影响更大, 且与系统中磷净输入量有关。试验条件下, 罗非鱼对系统中蓝藻群落多样性的影响主要来自于直接或间接的营养物质输入。

**关键词:** 罗非鱼池塘; 水; 表层沉积物; 蓝细菌; 影响因素

**中图分类号:** S 965.125 **文献标志码:** A

浮游植物是池塘生态系统的主要初级生产者, 也是池塘生态系统能量流动的关键环节<sup>[1]</sup>。对于池塘养殖来讲, 良好的“藻相”还是维持良好水质的关键环节, 一般认为几乎所有池塘水质的恶化都是浮游植物群落的生长失控造成的<sup>[2]</sup>。浮游植物的生长失控会造成池塘的热分层以及夜间的翻塘<sup>[3]</sup>。另一个浮游植物群落生长失控的典型结果就是蓝藻(blue-green algae)成为其中的优势种类。由于蓝藻的结构和分子遗传特性与细菌类似, 国外已将其列入真细菌中, 普遍称之为蓝细菌(cyanobacteria)。在国内两种提法都在使用。在养殖池塘中, 水华蓝藻会通过释放藻毒素对养殖生物造成伤害, 还会对池塘生态系统微生态环境造成影响<sup>[4]</sup>。因此, 研究养殖池塘中蓝藻的时空分布规律和影响因素, 进而研究能够对其进行调控的技术手段具有重要的理论和现实意义。

通常来讲, 调控水华蓝藻的理论依据既包括上行效应, 即通过调控对浮游植物生长所必需的营养盐的量来调控水华蓝藻, 也包括下行效应, 即通过调整系统中直接或间接的浮游植物的捕食压力来调控水华蓝藻<sup>[5]</sup>。不仅如此, 利用下行

效应来控制水华蓝藻的方法既有基于生物操纵(biomanipulation)理论的、通过调整对浮游动物的捕食压力传递到对浮游植物的调控<sup>[6-7]</sup>, 也有基于非经典生物操纵(non-traditional biomanipulation)理论的对浮游植物的直接调控<sup>[7]</sup>。罗非鱼是一种杂食性鱼类, 在养殖池塘中除了投喂的饵料以外, 它还可以摄食水中的浮游生物和有机碎屑<sup>[8]</sup>。特别是有研究表明, 其对微囊藻、鱼腥藻等蓝藻种类也有一定的摄食和消化能力<sup>[9-13]</sup>。有的学者进而尝试用罗非鱼来控制水体水华蓝藻的研究, 表明其可以有效降低系统中水华蓝藻的数量, 并且其机理就主要是通过直接捕食实现的<sup>[17]</sup>。但与此同时, 另一些学者的研究结果却与之不同, 在水中罗非鱼的放养并没有有效控制微囊藻等蓝藻的生长和繁殖<sup>[18-19]</sup>, 甚至可能是由于罗非鱼对营养盐的排泄造成的上行效应大于摄食行为产生的下行效应, 反而促进了以蓝藻为主的浮游植物的生长。由此可见, 罗非鱼对养殖系统中蓝藻的影响既包括上行效应的促进作用, 也包括下行效应的抑制作用。对于最终是哪种作用为主, 以及起到怎样的控制效果, 可能会受到很多因素的影响。

收稿日期: 2017-03-30 修回日期: 2017-09-26

基金项目: 现代农业产业技术体系爱建设专项资金(CARS-46)

作者简介: 范立民(1978—), 男, 博士, 研究方向为渔业生态环境保护。E-mail: fanlm@ffrc.cn

通信作者: 陈家长, E-mail: chenjz@ffrc.cn

除了对生物量的影响以外,罗非鱼的养殖还会对蓝藻的群落结构造成影响。但目前为止,相对较多研究集中在罗非鱼养殖对总的浮游植物群落的影响<sup>[20]</sup>,仅有的一些探讨罗非鱼对水中蓝藻门群落结构变化的,也主要从群落结构的组成上进行了一定的分析,对群落多样性及影响因素等内容的研究还比较少。另外,由于蓝藻分布非常广泛,不仅存在于水中,而且存在于沉积物中,水和沉积物中的蓝藻群落之间蓝藻微生物群落交流。本文拟在高通量测序的基础上,对不同密度罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中的蓝藻群落结构及影响因素进行研究,探索系统中罗非鱼养殖对蓝藻群落结构的影响及机制,为有关研究提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 池塘及养殖情况

选择的3口矩形养殖池塘位于中国水产科学研究院淡水渔业研究中心宜兴岷亭养殖基地,面积均为0.13 hm<sup>2</sup>,养殖对象为吉富罗非鱼。池塘编号分别为池塘1(31°27′47.49″N, 119°51′02.13″E)、池塘2(31°27′48.63″N, 119°51′02.61″E)、池塘3(31°27′45.47″N, 119°50′59.40″E)。放苗时间为2014年5月中下旬,吉富罗非鱼鱼苗平均体长约为5 cm,均为2006年中国水产科学研究院淡水渔业研究中心从世界渔业中心引进的60个家系中的一个家系,在2014年4月上旬孵化。3口池塘的放苗量分别为2400尾(池塘1)、3000尾(池塘2)和3600尾(池塘3)。养殖过程中的投喂频率相同(每日4次),每次的投喂量依据罗非鱼吃食情况而定(喂饱)。整个养殖周期内未用药,未换水;在养殖初期水深约为0.7 m,至2014年7月上旬分别加水至水深约为2.0 m。2014年10月11日开始相继进行收获。最终3口塘的饵料系数分别为池塘1:1.511,池塘2:1.207,池塘3:1.262;3口塘的氮净输入量分别为56.67 kg,48.42 kg和58.15 kg,3口塘磷的净输入量分别为18.28 kg,19.28 kg和22.14 kg,氮、磷净输入量计算均为饲料中氮、磷的总输入量和成鱼中带出的氮、磷的总量的差值。饲料中氮含量的测定采用凯氏定氮法,磷的测定采用分光光度法。饲料中氮磷的输入量计算方法为单位质量饲料中氮磷的

比例乘以总的饲料投入量。成鱼中的氮、磷含量计算均参照文献[21]和[22]。

### 1.2 样品采集

采样时间分别为2014年5月下旬、7月下旬、9月下旬和10月下旬。每口池塘中3个采样点为背离投饵区方向的“品”字形设置,采用沉积物柱状收集器采集“粥状”表层沉积物样品(约10 cm深度),所有4次样品采集完成后,每口池塘得到12个沉积物样品。池塘1中得到的沉积物样品名分别为MS11、MS12、MS13、JS11、JS12、JS13、SS11、SS12、SS13、OS11、OS12和OS13,其中第一个字母为月份英文首字母,第二个字母S代表沉积物样品,第一个阿拉伯数字代表池塘编号。池塘2和池塘3中的样品类似。样品采集完成后放于5 mL灭菌离心管中,立即置于液氮罐中进行保存。

水样采用有机玻璃采水器采集距离水面以下50 cm样品,同样将每口池塘得到的3个样品,放于车载冰箱中迅速带回实验室,每个样品取200 mL进行抽滤,滤膜直径为47 mm,孔径为0.22 μm,同样每个池塘得到3个滤膜样品,这样当4次样品采集结束后,每口池塘也获得12个滤膜样品,命名规则与沉积物样品类似,只是第二个字母W代表滤膜样品。将所有沉积物样品和滤膜样品置于-80℃超低温冰箱中保存,待所有样品采集完成后进行DNA抽提。

### 1.3 DNA的提取、纯化、PCR扩增及高通量测序

采用PowerSoil DNA Isolation Kit(MO BIO, 美国)进行沉积物样品DNA的提取;采用PowerWater DNA Isolation Kit(MO BIO, 美国)进行滤膜样品DNA的提取;利用Mobio PowerClean<sup>®</sup> DNA Clean-Up Kit进行DNA的纯化,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测纯化后的基因组DNA。

合成带有barcode(标签)的特异引物,采用ABI GeneAmp<sup>®</sup> 9700型基因扩增仪扩增细菌16S rRNA基因V1~V3可变区;引物序列为27F:5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3', 533R:5'-TTACCGCGGCTGCTGGCAC-3'。PCR扩增程序参照文献[23]。采用Illumina MiSeq PE300测序平台对扩增产物进行高通量测序。

#### 1.4 生物信息学分析及统计分析

高通量测序完成后,数据去杂优化、OTU 聚类等操作均参照文献[24]来进行。在此基础上,基于 greengene 数据库构建蓝藻门的数据库,然后对测序结果进行注释,丢弃注释不到的序列。采用 Primer-E 5.0 进行水和表层沉积物间蓝藻群落结构相似性分析(ANOSIM),采用 STAMP 2.1.3 软件进行差异菌群的统计分析;采用 R 语言 Vegan 软件包来分别进行香浓指数(Shannon)的计算、主成分分析(PCA)、Mantel 分析和 Bioenv 分析。采用 R 语言中的 envfit 函数,基于冗余分析(RDA)的结果对蓝藻群落分布的环境变量解释程度进行检验。

不同月份、不同养殖池塘间香浓指数的对比采用 IBM SPSS Statistics 20.0 来进行两因素方差分析(Univariate analysis),采用最小显著差数法(LSD)来进行多重比较,在 95% 置信度下检验参数的显著性。

## 2 结果

经过对所有样品进行高通量测序分析得到的序列进行注释后,得到 227 289 条优化序列(Reads),333 个 OTUs (Operational Taxonomic Units)。去除其中叶绿体及包含叶绿体的其他真核藻类的注释结果,最终得到 166 597 条优化序列(水中 161 333 条,沉积物中 5 264 条)和 117 个 OTUs(水和沉积物中共有 90 个,只存在于水中的 14 个,只存在于沉积物中的 12 个),用于后续的分析。

### 2.1 水和表层沉积物中蓝藻的群落组成及多样性变化

对罗非鱼养殖池塘中“目”水平蓝藻的组成进行分析,结果表明水和表层沉积物中的蓝藻包含聚球菌目(Synechococcales)等 12 个目(图 1A)。其中水中主要组成(相对丰度大于 1%)包括聚球藻目(Synechococcales)(平均相对丰度为 35.68%,以下同)、Cyanobacteria\_norank(34.24%)、色球藻目(Chroococcales)(17.23%)、念珠藻目(Nostocales)(8.46%)、颤藻目(Oscillarioales)(2.11%)和 SMID11(1.63%);

表层沉积物中蓝藻的主要组成为聚球藻目(Synechococcales)(49.80%)、Cyanobacteria\_norank(15.71%)和色球藻目(Chroococcales)(14.46%)、YS2(5.48%)、ML635J-21(4.35%)、MLE1-12(4.23%)和 SM2F09(4.05%)。ANOSIM 分析表明,水和表层沉积物间蓝藻的群落结构显著不同( $r = 0.866, P = 0.001$ ),在此基础上,对水和表层沉积物中的差异蓝藻组成(相对丰度)进行对比分析,结果表明(图 1B)Cyanobacteria\_norank、念珠藻目和颤藻目在水中具有更大的相对丰度,而聚球藻目、YS2、ML635J-21、MLE1-12、SM2F09 和假鱼腥藻目(Pseudanabaenales)在表层沉积物中具有更大的相对丰度。

水中主要蓝藻组分的丰度具有较明显的随时间变化而变化的趋势( $P < 0.05$ ),其中聚球藻目在 5 月份具有最高的相对丰度,在 7 月份最低;色球藻目在 5 月份的相对丰度较低,而后出现显著增加;念珠藻目(Nostocales)在 9、10 月份出现较高,其中 9 月份最高。在不同池塘间,分别做这 11 个目的相对丰度和养殖密度、饵料系数的简单相关分析,结果表明所有这 11 个目与养殖密度和饵料系数间的相关关系均不显著( $P > 0.05$ ,表 1)。

沉积物中主要蓝藻组分的丰度在不同池塘间表现出显著的差异性( $P < 0.05$ )。聚球藻目在饵料系数最低的池塘中具有最高的相对丰度,Cyanobacteria\_norank 在饵料系数最高的池塘具有最高的相对丰度,色球藻目的相对丰度随着养殖密度的升高而降低。

图 2 显示了水和表层沉积物中蓝藻香浓指数 Shannon 的变化。结果表明,随着养殖的进行,水中蓝藻 Shannon 指数逐渐升高,在养殖中后期其值显著高于养殖初期( $P < 0.05$ )。在不同养殖池塘间,中间养殖密度池塘中的 Shannon 指数显著低于其他两口池塘( $P < 0.05$ );表层沉积物中蓝藻的 Shannon 指数在养殖中期较高,在养殖初期和养殖末期较低( $P < 0.05$ )。在不同养殖池塘间,其在低密度养殖池塘中的值显著低于两个较高密度的养殖池塘( $P < 0.05$ )。

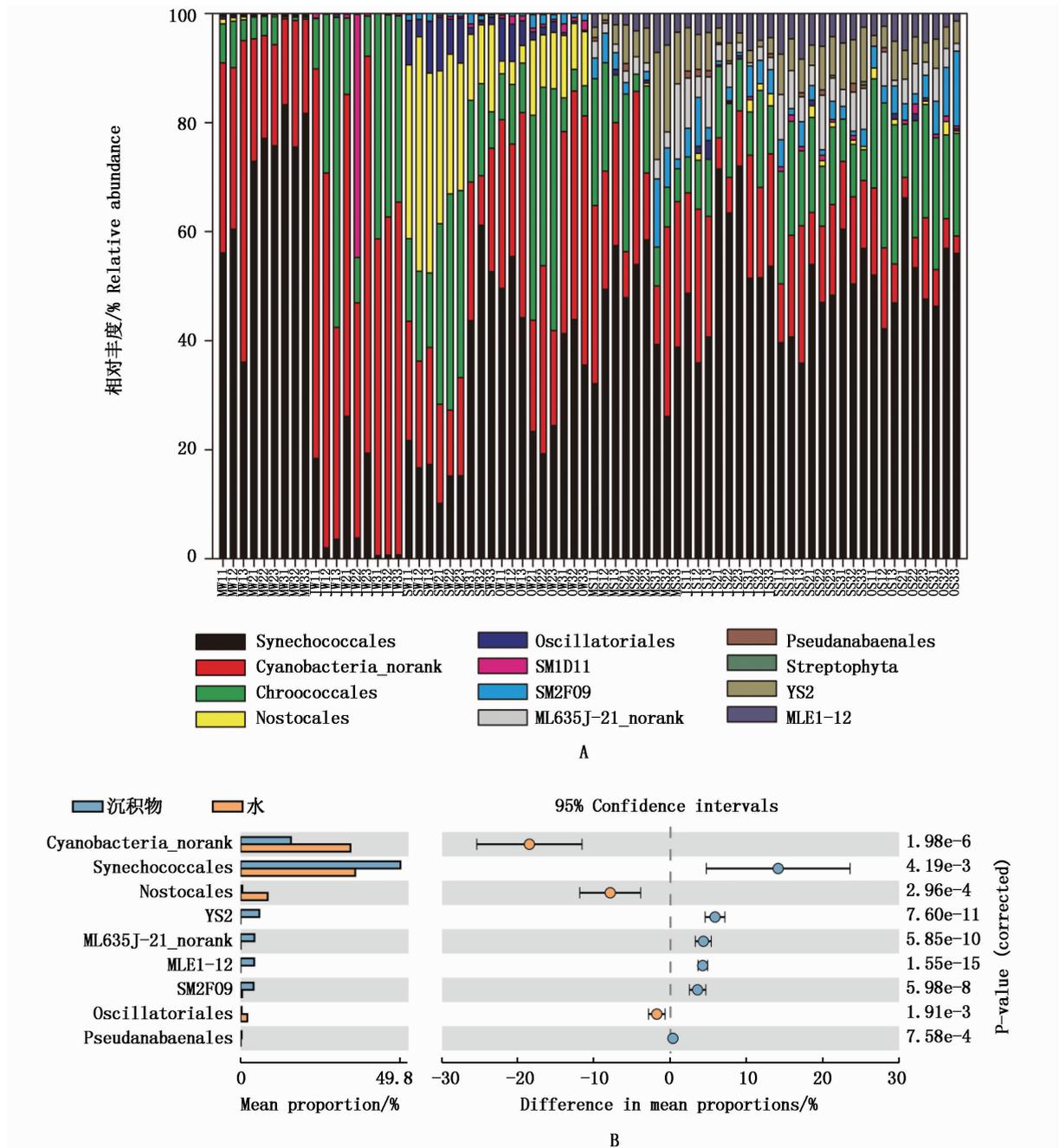


图 1 水和表层沉积物中蓝藻“目”水平的组成

Fig.1 Community composition of cyanobacteria in water and surface sediment of tilapia ponds

### 2.2 水和表层沉积物中蓝藻群落的排序分析及与环境因子的关系

采用主成分分析(PCA)来对水和表层沉积物中蓝藻群落结构进行排序分析,结果如图3所示。图3(A)表明水中蓝藻群落受到采样时间的影响较大,来自相同月份的样品倾向于聚集在一起;图3(B)表明表层沉积物中的蓝藻群落受到池塘差别的影响较大,来自相同养殖池塘的样品

倾向于聚集在一起。

对水中蓝藻 OTU 矩阵和由 11 个环境因子组成的环境变量矩阵进行 Mantel 分析,结果表明环境变量矩阵能够解释水中蓝藻的群落结构分布 ( $P=0.001, r=0.2489$ );采用 enfit 函数来检验所有对水中蓝藻群落排序具有显著影响的环境变量的结果如表 2 所示,表 2 表明总氮、氨氮、亚硝态氮、硫酸根、硝态氮、总有机碳和透明度与水

中蓝藻的群落结构具有显著的关系 ( $P < 0.05$ ); 采用 Bioenv 分析来筛选对水中蓝藻群落结构影响最大的环境变量组合表明, 由总氮、硫酸根和溶解氧组成的环境变量组合具有最好的解释效果 ( $r = 0.578$ )。

对沉积物中蓝藻 OTU 矩阵和由 3 个环境因子组成的环境变量矩阵进行 Mantel 分析, 结果表

明环境变量矩阵同样能够解释沉积物中蓝藻的群落结构分布 ( $P = 0.001, r = 0.272$ ); 采用 enfit 函数来检验对沉积物中蓝藻群落排序具有显著影响的环境变量的结果表明, 总磷和总氮与沉积物中的蓝藻群落结构具有显著的关系 ( $P < 0.05$ ), 而有机质的含量与其关系不显著 ( $P > 0.05$ )。

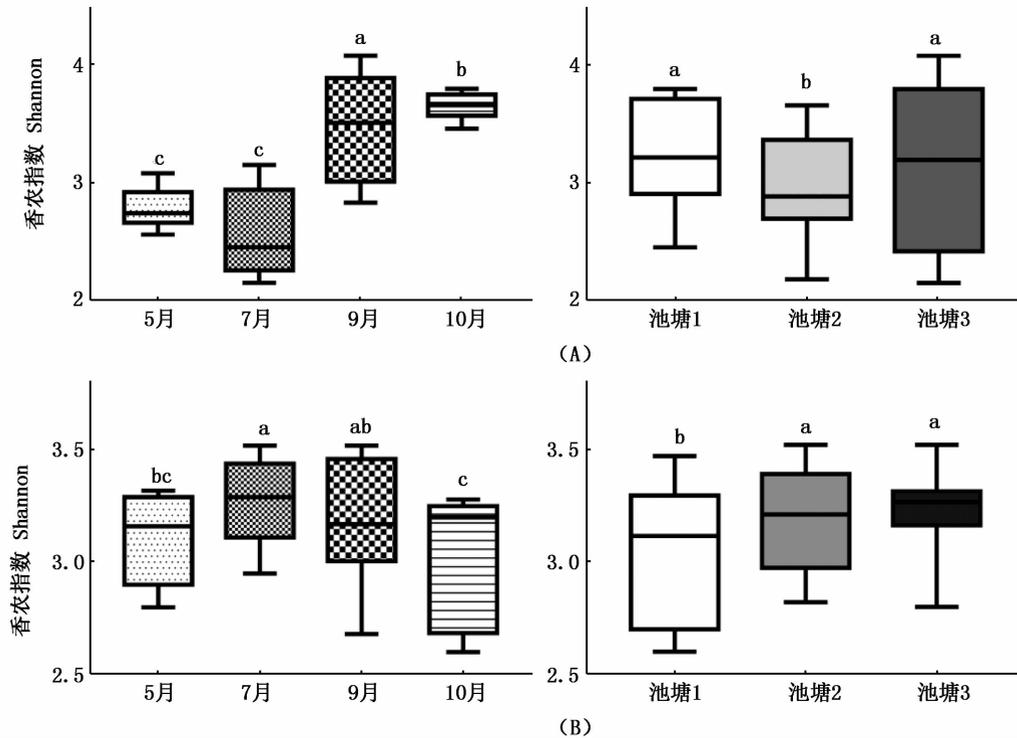


图 2 水 (A) 和表层沉积物 (B) 中蓝藻多样性状况 (Shannon 指数)

Fig. 2 Diversity of cyanobacteria community (Shannon index) in water and surface sediment of tilapia ponds

表 1 水中蓝藻“目”水平相对丰度与养殖密度及饵料系数间简单相关分析

Tab. 1 Pearson correlation analysis on the abundance of cyanobacteria in water and stocking density and feed coefficient

	养殖密度 Stocking density		饵料系数 Feed coefficient	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
Chroococcales	0.024	0.889	-0.275	0.105
Cyanobacteria_norank	0.077	0.656	-0.114	0.507
ML635J-21_norank	-0.038	0.825	-0.172	0.314
MLE1-12	0.245	0.149	-0.219	0.199
Nostocales	-0.187	0.275	0.002	0.993
Oscillatoriales	-0.209	0.219	-0.030	0.859
Pseudanabaenales	0.041	0.814	0.014	0.936
SM1D11	0.005	0.979	-0.162	0.345
SM2F09	-0.044	0.798	-0.085	0.621
Streptophyta	-0.096	0.577	0.074	0.668
Synechococcales	0.163	0.341	-0.197	0.249

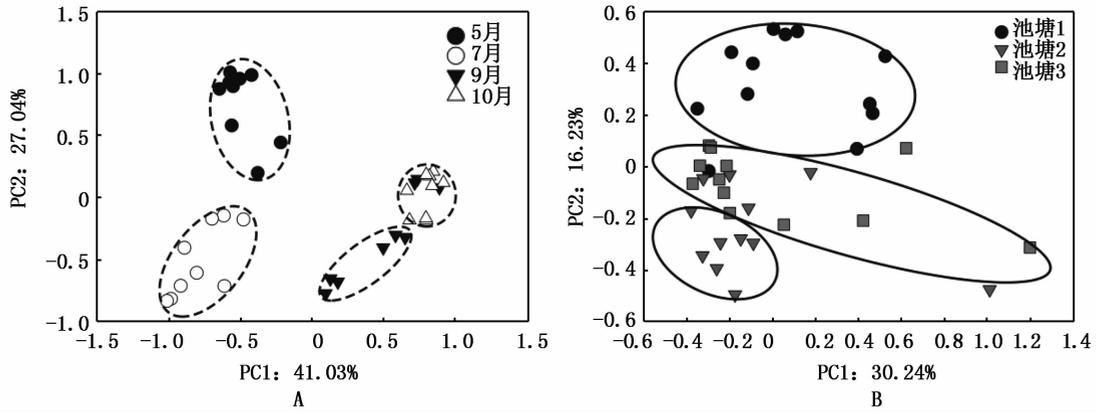


图3 水(A)和表层沉积物(B)中蓝藻主成分分析图

Fig.3 Principal components analysis (PCA) of cyanobacteria community in water and surface sediment of tilapia ponds

表2 环境变量对水和表层沉积物中蓝藻群落结构的解释

Tab.2 Environmental interpretation on RDA ordinations of cyanobacteria communities in water and surface sediment of tilapia ponds

	理化指标 Physico-chemical parameters	$r^2$	$P$
水 Water	总氮/Total nitrogen	0.645	0.001 *
	氨氮/Ammonia nitrogen	0.562	0.001 *
	高锰酸盐指数/Permanganate index	0.115	0.119
	亚硝态氮/Nitrite nitrogen	0.363	0.002 *
	硫酸根/Sulfate	0.280	0.003 *
	硝态氮/Nitrate nitrogen	0.678	0.001 *
	总有机碳/Total organic carbon	0.345	0.003 *
	pH	0.044	0.473
	DO	0.049	0.449
	透明度/Diaphaneity	0.529	0.001 *
沉积物 Sediment	氧化还原电位/Redox potential	0.042	0.513
	总磷/Total phosphorous	0.413	0.001 *
	总氮/Total nitrogen	0.214	0.019 *
	有机质/Total organic matter	0.059	0.370

注: \* 代表相关系数显著

Note: \* represents significant difference

### 3 讨论

#### 3.1 罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中的蓝藻群落组成及关系

蓝细菌(蓝藻)作为一种分布广泛的、古老的原核生物类型,在全球的碳氮循环中扮演着重要的角色<sup>[25]</sup>。但是,以水华、赤潮爆发为主要特征的水体富营养化问题成为了一个重要的环境问题后,蓝藻的经常性爆发使得蓝藻的治理问题也成为了水环境治理的一个重要问题。罗非鱼作为一种杂食性的鱼类,尽管其本身可以对蓝藻进

行摄食利用,但与此同时,在罗非鱼养殖池塘中也发生蓝藻爆发的问题。因此研究罗非鱼养殖池塘中蓝藻的群落组成状况对于这个问题的全面理解来说可能具有一定的现实意义。本研究中,群落相似性分析表明罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中的蓝藻群落结构存在着显著差异,其中池塘水是蓝藻的主要存在库(96.8%的序列来自于水样中),与此同时水和表层沉积物中都存在着特有的 OTU 类别。但另一方面,水和表层沉积物中主要的蓝藻组成是相似的,聚球藻目、*Cyanobacteria-norank* 和色球藻目均是各自优势菌群(累计相对丰度分别达到 87.2% 和 79.9%,共有 OTU 的比例也达到总 OTU 数量的 76.9%)。因此,水和表层沉积物中的蓝细菌又存在着紧密的联系。对太湖水 and 表层沉积物中蓝藻的研究表明,表层沉积物中蓝藻的复苏可以为水柱中蓝藻的生长提供种源<sup>[26]</sup>,而当环境条件不利时,蓝藻中的微囊藻会在底泥表面累积,进入休眠状态。罗非鱼养殖池塘可能也存在着这样的过程。另外,由于罗非鱼的活动,特别是其“挖穴”的习性,可能更加促进了水和表层沉积物中蓝藻的交流。

#### 3.2 罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中的蓝藻群落的影响因素

在水中,蓝藻的群落结构在不同月份间表现出显著差异。无论是主要蓝藻目的相对丰度随月份的变化,还是主成分分析结果都证明了这一点。这表明气候、温度等外界条件可能是影响蓝藻组分的主要因子,而罗非鱼数量的变化没有对

水中主要蓝藻的群落组成产生显著影响。不同养殖密度及饵料系数与水中的主要蓝细菌组成均没有显著的相关性则印证了这一点。而已有的研究表明,养殖系统中的罗非鱼能够通过摄食来影响到蓝藻群落<sup>[9,16]</sup>,因此,本研究的结果可能表明罗非鱼对蓝藻的摄食没有品种的选择性。与此同时,对水中蓝藻香浓指数在不同月份和不同池塘间的变化进行分析,其结果首先进一步印证了水中主要蓝藻组成受到气候温度的影响的结论;其次表明了香浓指数在不同池塘间也存在着显著的差异,池塘2的蓝细菌香浓指数明显低于另外两个池塘。这和3口池塘总氮的净输入量间具有明显的一致性。在环境变量对蓝藻群落分布的解释中,可以看到对水中蓝藻群落组成影响最大的环境变量分别是硝态氮、总氮和氨氮,这进一步说明了池塘总氮的净输入量是造成池塘水中蓝藻群落差异的主要原因。

在表层沉积物中,无论是主要蓝藻目相对丰度的分析结果,还是主成分分析结果同样都表明池塘间的差异是造成沉积物中蓝藻群落结构差异的主要原因,尽管表层沉积物中蓝藻香浓指数也会随月份的变化而变化,呈现出先升高后降低的趋势。池塘2和池塘3中蓝藻群落的香浓指数显著高于池塘1,这可能与池塘2和池塘3中相对更高的总磷净输入量有关,因为在环境变量对表层沉积物中蓝藻群落分布的解释中总磷具有相对较大的影响。

综上所述,可能影响罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中蓝藻群落的主要因素包括气候变化、营养物质净输入量的差别和一些具体的理化指标等。经过分析后可以得出,气候因素对水中蓝藻群落的影响比表层沉积物中的蓝藻群落的影响更大;无论是水中还是表层沉积物中的蓝藻群落都能够被一些理化指标所解释,而这些理化指标都直接或间接与营养物质的净输入量有关。与之相对应的,罗非鱼的养殖密度与水和表层沉积物中的蓝藻群落没有显著的关联,因此相较于罗非鱼的摄食作用,营养物质的净输入量对系统中的蓝藻群落具有更大的影响。

#### 4 结论

罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中的蓝细菌群落结构存在着显著的差异,但优势菌群是相

同的,包括聚球藻目、*Cyanobacteria\_norank*和色球藻目;水中蓝细菌群落受到气候条件的影响更大,同时受到以系统总净输入氮为代表的氮素的影响;表层沉积物中的蓝细菌群落受到池塘间差异的影响更大,并与沉积物中总磷、总氮的量有关,其中总磷的影响更大。

#### 参考文献:

- [1] 杨国亭,张悦,刘云波. 池塘浮游植物的初级生产力及其与若干生态因子间的关系[J]. 植物研究, 1991, 11(2): 101-108.  
YANG G T, ZHANG Y, LIU Y B. Primary production of phytoplankton in the pond and its correlation with ecological factors[J]. Bulletin of Botanical Research, 1991, 11(2): 101-108.
- [2] PAERL H W, TUCKER C S. Ecology of Blue - Green algae in aquaculture ponds[J]. Journal of the World Aquaculture Society, 1995, 26(2): 109-131.
- [3] BOYD C E. Phytoplankton dynamics in aquaculture ponds [J]. Global Aquaculture Advocate, 2006, 11(12): 67-68.
- [4] PERETYATKO A, TEISSIER S, DE BACKER S, et al. Assessment of the risk of cyanobacterial bloom occurrence in urban ponds: probabilistic approach. [J]. Annales de Limnologie - International Journal of Limnology, 2010, 46(2): 121-133.
- [5] NORTHCOPE T G. Fish in the structure and function of freshwater ecosystems: A "Top-down" view [J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1988, 45(2): 361-379.
- [6] SHAPIRO J. Biomanipulation: the next phase-making it stable[J]. Hydrobiologia, 1990, 200-201(1): 13-27.
- [7] XIE P, LIU J K. Practical success of biomanipulation using filter-feeding Fish to control cyanobacteria blooms: a synthesis of decades of research and application in a subtropical hypereutrophic lake [J]. Scientific World Journal, 2001, 1: 337-356.
- [8] 王明学. 罗非鱼养殖[M]. 北京: 科学技术文献出版社, 1995.  
WANG M X. Tilapia aquaculture[M]. Beijing: Science and Technical Documentation Press, 1995.
- [9] TURKER H, EVERSOLE A G, BRUNE D E. Filtration of green algae and cyanobacteria by Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*, in the Partitioned Aquaculture System [J]. Aquaculture, 2003, 215(1/4): 93-101.
- [10] 陆开宏,金春华,王扬才. 罗非鱼对蓝藻的摄食消化及对富营养化水体水华的控制[J]. 水产学报, 2005, 29(6): 811-818.  
LU K H, JIN C H, WANG Y C. Control of cyanobacterial blooms in eutrophication lakes by tilapia [J]. Journal of Fisheries of China, 2005, 29(6): 811-818.

- [11] SOLTAN M A, MAHMOUD A S, DAWAH A M, et al. Selective feeding of Nile tilapia and silver carp on green algae and cyanobacteria in aquaculture[J]. *Abbassa International Journal of Aquaculture*, 2014, 7(1): 120-143.
- [12] SEMYALO R, ROHRLACK T, KAYIIRA D, et al. On the diet of Nile tilapia in two eutrophic tropical lakes containing toxin producing cyanobacteria[J]. *Limnologica - Ecology and Management of Inland Waters*, 2011, 41(1): 30-36.
- [13] FADL S E, BARAKAT M E, ELGOHARY M E. Biochemical studying of *Anabaena* (cyanobacteria) on Nile tilapia[J]. *Alexandria Journal of Veterinary Sciences*, 2013, 39(1): 91-104.
- [14] 李旭光,周刚,周军,等. 尼罗与奥利亚罗非鱼对池塘蓝藻水华及水质影响的研究[J]. *水产养殖*, 2011, 32(10): 36-40.  
LI X G, ZHOU G, ZHOU J, et al. Effects on water quality with controlling cyanobacteria bloom by *Oreochromis niloticus* and *Oreochromis aureus*[J]. *Journal of Aquaculture*, 2011, 32(10): 36-40.
- [15] 蔡建楠,潘伟斌,王建华,等. 鲢和奥尼罗非鱼对池塘蓝藻水华及水质的影响[J]. *水生态学杂志*, 2008, 1(5): 56-61.  
CAI J N, PAN W B, WANG J H, et al. Impact on cyanobacteria blooms and water quality by silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) and tilapia (*Oreochromis niloticus* × *O. aureus*) in one eutrophic shallow pond[J]. *Journal of Hydroecology*, 2008, 1(5): 56-61.
- [16] TORRES G S, SILVA L H S, RANGEL L M, et al. Cyanobacteria are controlled by omnivorous filter-feeding fish (Nile tilapia) in a tropical eutrophic reservoir [J]. *Hydrobiologia*, 2016, 765(1): 115-129.
- [17] 粟丽,朱长波,张汉华,等. 混养罗非鱼对虾池浮游微藻群落的影响及浮游微藻优势种组成与罗非鱼生长的关系[J]. *广东农业科学*, 2011, 38(14): 101-104.  
SU L, ZHU C B, ZHANG H H, et al. Impact of polycultured tilapia with shrimp on phytoplankton community and the relationship between the composition of phytoplankton dominant species and the growth of tilapia[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2011, 38(14): 101-104.
- [18] DA SILVA L H S, ARCIFA M S, SALAZAR-TORRES G, et al. *Tilapia rendalli* increases phytoplankton biomass of a shallow tropical lake [J]. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 2014, 26(4): 429-441.
- [19] 杨凯,张修峰,刘正文. 罗非鱼对浮游植物群落的影响[J]. *水生态学杂志*, 2010, 3(3): 12-17.  
YANG K, ZHANG X F, LIU Z W. Effect of tilapia on phytoplankton community [J]. *Journal of Hydroecology*, 2010, 3(3): 12-17.
- [20] RAMSEYER L J. Predicting whole-fish nitrogen content from fish wet weight using regression analysis[J]. *North American Journal of Aquaculture*, 2002, 64(3): 195-204.
- [21] DANTAS M C, ATTAYDE J L. Nitrogen and phosphorus content of some temperate and tropical freshwater fishes[J]. *Journal of Fish Biology*, 2007, 70(1): 100-108.
- [22] 范立民,陈家长,吴伟,等. 水葫芦栽培对池塘浮游细菌群落结构影响初探[J]. *上海海洋大学学报*, 2015, 24(4): 513-522.  
FAN L M, CHEN J Z, WU W, et al. Effect of water hyacinth planting on microbial community structures in water of a tilapia cultural pond[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2015, 24(4): 513-522.
- [23] FAN L M, BARRY K, HU G D, et al. Bacterioplankton community analysis in tilapia ponds by Illumina high-throughput sequencing [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2016, 32(1): 10.
- [24] 李寒,张晓黎,郭晓红,等. 滨海盐渍化土壤中蓝细菌多样性及分布[J]. *微生物学通报*, 2015, 42(5): 957-967.  
LI H, ZHANG X L, GUO X H, et al. Diversity and distribution of cyanobacteria in coastal saline soils [J]. *Microbiology China*, 2015, 42(5): 957-967.
- [25] 曹焕生,孔繁翔,谭啸,等. 太湖水华蓝藻底泥中复苏和水柱中生长的比较[J]. *湖泊科学*, 2006, 18(6): 585-589.  
CAO H S, KONG F X, TAN X, et al. Comparison of recruitment from sediments with pelagic growth of cyanobacteria in Lake Taihu, China [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2006, 18(6): 585-589.
- [26] 陶益,孔繁翔,曹焕生,等. 太湖底泥水华蓝藻复苏的模拟[J]. *湖泊科学*, 2005, 17(3): 231-236.  
TAO Y, KONG F X, CAO H S, et al. Simulative recruitment of *Microcystis* from the surface sediment in Taihu Lake [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2005, 17(3): 231-236.

## Community structure of cyanobacteria in water and surface sediment of tilapia ponds and the influencing factors

FAN Limin, WU Wei, QIU Liping, LI Dandan, MENG Shunlong, SONG Chao, ZHENG Yao, CHEN Jiazhang

(*Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Scientific Observing and Experimental Station of Fishery Resources and Environment in the Lower Reaches of the Yangtze River, Wuxi 214081, Jiangsu, China*)

**Abstract:** In order to investigate the community structure and diversity of cyanobacteria in water and sediment of tilapia ponds, the Illumina high-throughput sequencing and the bioinformatics analysis were performed. The results showed that there were significant differences of cyanobacteria community structure between water and surface sediment samples. Nonetheless, the dominant groups in these two habitats were the same, which were Synechococcales, Cyanobacteria\_norank and Chroococcales. Further researches indicated that the cyanobacteria community in water was affected by the monthly variations, and was closely related to the net input of nitrogen to the ponds systems. However, the cyanobacteria community in surface sediment was more affected by the ponds variations and was related to the net input of phosphorus to the ponds systems. To sum up, the tilapia cultivations in the ponds systems affected the cyanobacteria communities in water and surface sediment more by the way of nutrients input than by direct feeding.

**Key words:** tilapia ponds; water; surface sediment; cyanobacteria; influencing factors