

文章编号: 1674 - 5566(2016)04 - 0541 - 10

DOI:10.12024/jsou.20160201656

## 草鱼养殖池塘蓝藻暴发时水体细菌群落特征分析

李建松<sup>1,2</sup>, 王广军<sup>1</sup>, 龚望宝<sup>1</sup>, 谢 骏<sup>1</sup>, 余德光<sup>1</sup>, 郁二蒙<sup>1</sup>, 魏 南<sup>1</sup>,  
夏 耘<sup>1</sup>

(1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东 广州 510380; 2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306)

**摘 要:** 为了解蓝藻暴发池塘中细菌群落特征, 采集 3 个地区(广东、云南、贵州)4 个淡水养殖场的蓝藻暴发池塘和非蓝藻暴发池塘(对照池塘)水样, 并检测其理化因子及生物指标, 采用 PCR-DGGE 技术分析其细菌群落结构差异。依据 PCR-DGGE 指纹谱带的丰度对养殖水体细菌群落多样性进行了分析, 并对水体细菌群落结构进行了 UPGMA 聚类分析。结果发现: 蓝藻暴发池塘水体的  $PO_4\text{-P}$  含量均显著高于对照池塘( $P < 0.01$ ); 线性回归分析表明,  $PO_4\text{-P}$  与代表蓝藻暴发程度的叶绿素 a 存在正相关关系( $R^2 = 0.869, P < 0.01$ ); 而且理化因子与细菌群落的 RDA 分析表明,  $PO_4\text{-P}$  与蓝藻暴发池塘细菌群落关系密切。蓝藻暴发池塘与对照池塘水体的细菌群落结构间存在显著差异; 进一步测序分析显示, 蓝藻暴发池塘特定的细菌为 *Flexibacter*, 其可能对蓝藻有裂解作用; 而 *Synechococcus* 在蓝藻暴发池塘的含量明显低于对照池塘, 可能是 *Microcystis* 的大量暴发抑制了 *Synechococcus* 的生长。

**关键词:** 蓝藻暴发池塘; 细菌群落; PCR-DGGE;  $PO_4\text{-P}$

**中图分类号:** S 917      **文献标志码:** A

养殖池塘作为一个人为控制的封闭生态系统, 随着养殖生产的进行, 进入池塘的残饵、排泄物、生物残体等有机物越来越多<sup>[1]</sup>, 导致养殖污染严重, 蓝藻暴发频繁, 严重制约了养殖业的健康发展<sup>[2]</sup>。首先, 池塘暴发蓝藻后, 蓝藻大量死亡和分解使水体溶氧迅速下降甚至耗尽, 造成养殖动物缺氧死亡<sup>[3]</sup>; 其次, 蓝藻池塘中的养殖动物有“腥臭味”, 降低了养殖动物的品质和养殖效益<sup>[4-5]</sup>; 此外, 蓝藻能产生藻毒素对养殖动物直接产生毒害, 已间接威胁人类的健康<sup>[6]</sup>。为此, 控制蓝藻暴发成为池塘养殖水体调控的关键技术之一, 而对蓝藻暴发的机理及诱发蓝藻暴发主导因子的深入研究是解决这一问题的关键。

已有许多学者从营养盐、温度、光照、pH 和蓝藻自身的生理特点探索了蓝藻的暴发机制, 但至今蓝藻的确切暴发机制仍未阐明<sup>[5-7]</sup>。有研究发现, 蓝藻暴发与细菌种群之间存在密切的联系:

太湖水体细菌群落结构在蓝藻暴发前期和蓝藻暴发末期存在差异, *Flavobacteriaceae* 在蓝藻暴发前期大量出现, 而在蓝藻暴发时消失<sup>[8]</sup>; 玄武湖蓝藻暴发期到衰退期, 其水体中优势菌种数由 16 种减少至 6 种<sup>[9]</sup>; 在洋河水库中也发现, 蓝藻暴发末期  $\alpha\text{-proteobacteria}$  的存量高于其他阶段<sup>[10]</sup>。目前, 国内大量研究工作都是针对蓝藻湖泊<sup>[11-13]</sup>、水库<sup>[10]</sup>中的细菌群落组成, 而对蓝藻池塘的细菌群落结构的研究却很少。开展对后者的研究, 对了解蓝藻暴发机制和养殖水体中蓝藻控制与治理, 都有着非常重要的理论意义与应用价值。

本研究以 3 个地区 4 个养殖场的淡水草鱼养殖池塘为研究对象, 通过比较蓝藻暴发池塘和对照池塘细菌群落和水环境因子的差异, 分析蓝藻暴发池塘细菌群落特征, 为水产养殖中蓝藻暴发的控制与治理提供理论依据。

收稿日期: 2016-02-16      修回日期: 2016-03-30

基金项目: 国家自然科学基金(31302201); 广东省海洋渔业科技推广专项(B20140C01)

作者简介: 李建松(1988—), 男, 硕士研究生, 研究方向为水产动物健康养殖。E-mail: Lijiansong159@163.com

通信作者: 王广军, E-mail: wgj5810@163.com

## 1 材料与方 法

### 1.1 样品采集

#### 1.1.1 采样地点

分别选择贵州遵义市绥阳县金承养殖场(27.97°N,107.12°E)、云南红河州开远市羊街乡三角海水库西坝养殖场(23.57°N,103.28°E)、广东广州市珠江水产研究所试验基地(23.06°N,113.22°E)、广东广州市陆仕水产公司(23.31°N,113.14°E)3个地区4个养殖场的草鱼淡水养殖池塘,于蓝藻高发期的9-10月份,在蓝藻暴发

时采集的蓝藻暴发池塘的水样,并选择同一养殖场内的非蓝藻暴发池塘作为对照池塘。经过后期的筛选,在每个养殖场挑选出3口蓝藻暴发池塘及3口对照池塘。

蓝藻暴发池塘的判别,首先通过观察池塘水面上浮的颗粒状聚集的藻席加以选择,然后根据后期的镜检确定水体中含有大量成团的微囊藻并结合叶绿素 a(*Chl. a*)含量<sup>[14]</sup>加以确定。

对照池塘的选择,首先选择水面无藻席的池塘,然后结合后期镜检确认水体无成团的微囊藻及 *Chl. a* 含量<sup>[14]</sup>加以确定。

表 1 采样养殖池塘基本参数

Tab. 1 The basic parameters of sampled ponds

地点 location	编号 number	温度/°C temperature	溶解氧/(mg/L) DO	pH
遵义市(金承)	B1(蓝藻暴发池塘)	29.53 ± 0.46	10.90 ± 0.66	8.05 ± 0.06
	C1(对照池塘)	29.03 ± 0.06	6.93 ± 3.20	7.65 ± 0.37
红河州(西坝)	B2(蓝藻暴发池塘)	22.00 ± 0.39	4.02 ± 1.19	7.54 ± 0.31
	C2(对照池塘)	22.40 ± 0.39	5.43 ± 2.63	7.54 ± 0.07
广州市(珠江所)	B3(蓝藻暴发池塘)	26.90 ± 0.91	5.96 ± 4.02	7.92 ± 0.60
	C3(对照池塘)	27.63 ± 0.15	7.65 ± 2.68	8.09 ± 0.56
广州市(陆仕)	B4(蓝藻暴发池塘)	28.55 ± 0.42	6.16 ± 1.19	8.08 ± 0.12
	C4(对照池塘)	28.38 ± 0.52	6.62 ± 1.56	7.89 ± 0.08

#### 1.1.2 样品采集方法

采样时使用有机玻璃采水器,水样取自水面下 0.5 m 处。水样用 5 点采样法采集混合后装入 500 mL 灭菌广口瓶中,在溢流状态下旋紧瓶盖使取样瓶内尽量不含空气。水样采集后冰袋保存,运回实验室,24 h 内测定理化及生物指标,并提取水样总 DNA。取 1.5 mL 水样装入 2 mL 离心管用鲁哥试剂固定,用于后期镜检。

### 1.2 理化指标测定

测定水温、溶解氧(DO)、pH、*Chl. a*、微囊藻毒素 a(MC-LR)、氨态氮(NH<sub>4</sub>-N)、硝酸态氮(NO<sub>3</sub>-N)、亚硝酸态氮(NO<sub>2</sub>-N)、可溶性磷酸盐(PO<sub>4</sub>-P)、总氮(TN)和总磷(TP)等指标。其中水温(T)、溶解氧(DO)和 pH 使用便携式多参数水质分析仪(YSI Professional Plus,美国)现场测定;*Chl. a* 的测定采用反复冻融丙酮萃取法<sup>[15]</sup>;MC-LR 使用微囊藻毒素 ELISA 试剂盒(Beacon,美国)测定<sup>[16]</sup>;NH<sub>4</sub>-N、NO<sub>3</sub>-N、NO<sub>2</sub>-N、PO<sub>4</sub>-P 采用 merckPharo100 多参数水质分析仪(德国)测定;TN、TP 送广州市生态环境与土壤研究所分析测试中心测定,其中 TN 的测定采用碱性过硫酸钾

消解紫外分光光度法(HJ636—2012)、TP 的测定采用钼酸铵分光光度法(GB11893—1989)。

### 1.3 水体总 DNA 的提取

真空抽滤 100 mL 水样于 0.2 μm 的滤膜上,剪成 4 瓣后置于 50 mL 灭菌离心管中,用 OMEGA 水样提取试剂盒按照说明书提取水体总 DNA,并使用 1% 琼脂糖凝胶 120 V、20 min 电泳检测产物质量。水样总 DNA 于 -40 °C 冰箱保存。

### 1.4 16S rDNA 的 V3 可变区 PCR 扩增

将同一养殖场的蓝藻暴发池塘与对照池塘的平行样品细菌总 DNA 分别混合,采用通用引物 GC-338F(5'-CGCCC GCCGC GCGCG GCGGG CGGGG CGGGG GCACG GGGGG ACTCC TACGG GAGGC AGCAG-3')和 534R(5'-ATTAC CGCGG CTGCT GG-3')<sup>[17-18]</sup>对总细菌的 16S rDNA 的 V3 可变区进行扩增。采用 touchdown-PCR 扩增程序:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 30 s,65 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 1 min,之后每个循环退火温度降低 0.5 °C;20 个循环后,在 55 °C 的退火温度下再进行 15 个循环,最终 72 °C 延伸 10 min。PCR 产

物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检验扩增产物,其余用于 DGGE 电泳分析。通用引物由 Invitrogen(上海)公司合成。

### 1.5 PCR 扩增产物变性梯度凝胶电泳(DGGE)及序列分析

用 DGGE 将 PCR 扩增产物进行分离,采用的变性胶梯度为 42% ~ 48%,聚丙烯酰胺凝胶的浓度为 8%。电泳温度控制在 60 °C,用 200 V 电压预电泳 10 min,接着在 110 V 条件下电泳 12 h。电泳结束后,在室温条件下用稀释 10 000 倍的 Genefinder(至善生物,厦门)核酸染料摇床上染色 30 min。用凝胶成像系统(Carestream, USA)观察记录 DGGE 图谱。

### 1.6 目的条带割胶回收与克隆测序

将目的条带割胶回收,使用不带 GC 夹子的引物 388F/534R 对目的片段进行扩增,然后将 PCR 产物进行割胶纯化与克隆。纯化后的 PCR 产物与载体 pMD19-T(TaKaRa,大连)16 °C 水浴 3 h 进行连接,后加入 *E. coli* DH5 $\alpha$  感受态细胞热激转化,利用氨苄青霉素(100 mg/mL)抗性选取阳性转化子并确认阳性克隆体后,送 Invitrogen(上海)公司测序。

### 1.7 数据分析

利用 Excel 进行数据处理;使用 SPSS 16.0 for windows 软件分析显著性差异及回归分析,理化数据用平均值  $\pm$  标准差( $\bar{X} \pm SD$ )表示, $P < 0.05$ 为差异显著。用 Quantity One 4.5 软件分析样品电泳条带的数目和亮度,获取 DGGE 图谱的数字化信息,用 PRIMER 5.0 的 SIMPER(Similarity Percentage Analysis)功能,通过条带的 peak 值来分析蓝藻暴发池塘与对照组之间的差异,细菌群落结构的相似性通过 Dice 相似系数来比较,完成非加权配对算术平均法聚类(UPGMA)。生物多样性指数采用条带数( $S$ )、Margalef 丰富度指数( $D$ )、Pielou 均匀度指数( $J'$ )、Shannon 多样性指数( $H'$ )和 Simpson 优势度指数( $1-\lambda$ )表示。各指数的计算公式分别为:

$$D = (S - 1) / \ln N \quad (1)$$

$$H' = - \sum [(n_i/N) \ln (n_i/N)] \quad (2)$$

$$J' = H' / \ln S \quad (3)$$

$$1 - \lambda = \sum \{n_i(n_i - 1) / N(N - 1)\} \quad (4)$$

式中: $S$ 为条带数; $n_i$ 第  $i$  个条带的光密度值; $N$ 为某一泳道所有条带的光密度值之和。冗余分析(redundancy analysis, RDA)判断环境因子与细菌群落的显著相关性关系,所用数据均经过  $\lg(x + 1)$  转换, RDA 分析所使用软件为 CANOCO for windows 4.5。

## 2 结果与分析

### 2.1 基于 DGGE 图谱的细菌群落多样性分析

对不同地区的蓝藻暴发池塘与对照池塘的 DNA 样品进行细菌 16S rDNA V3 区片段的 PCR 扩增,继而构建细菌群落 DGGE 图谱,见图 1a。将 DGGE 图谱条带信息数字化并进行多样性指数计算,结果见表 2。条带数( $S$ )为 17 ~ 22,多样性指数( $H'$ )为 2.76 ~ 3.02,丰富度指数( $D$ )为 2.11 ~ 2.67,均匀度( $J'$ )为 0.945 ~ 0.977,优势度指数( $1-\lambda$ )为 0.924 ~ 0.948。用方差分析(one way ANOVA)检验,这些指数在蓝藻暴发池塘与对照组池塘间的差异均不显著( $P > 0.05$ )。说明蓝藻暴发池塘与对照池塘的细菌群落多样性差异不大。

### 2.2 基于 DGGE 图谱的聚类分析

依据 DGGE 指纹谱带的丰度对养殖水体细菌群落结构进行基于 Dice 系数的 UPGMA 聚类分析(图 1b)。在相似性 0.39 处分化为两条主枝干,蓝藻暴发池塘(B1、B2、B3、B4)聚为一支,对照池塘(C1、C2、C3、C4)聚为另一支,表明两种池塘样品细菌群落结构间存在明显差异,而且每组内相似性都在 50% 以上。

### 2.3 DGGE 图谱特异条带分析

对 DGGE 图谱条带的数字化结果,用 SIMPER 分析蓝藻暴发池塘与对照池塘之间的差异,条带累积贡献率超过 50% 的条带见表 3。由图 1a 和表 3 可知,蓝藻暴发池塘(B 组)的特异条带有两条,条带 15、20;对照池塘(C 组)的特异条带为条带 24、25;蓝藻暴发池塘的条带 21 明显亮于对照池塘;而对照池塘的条带 17、32 则比蓝藻暴发池塘亮。

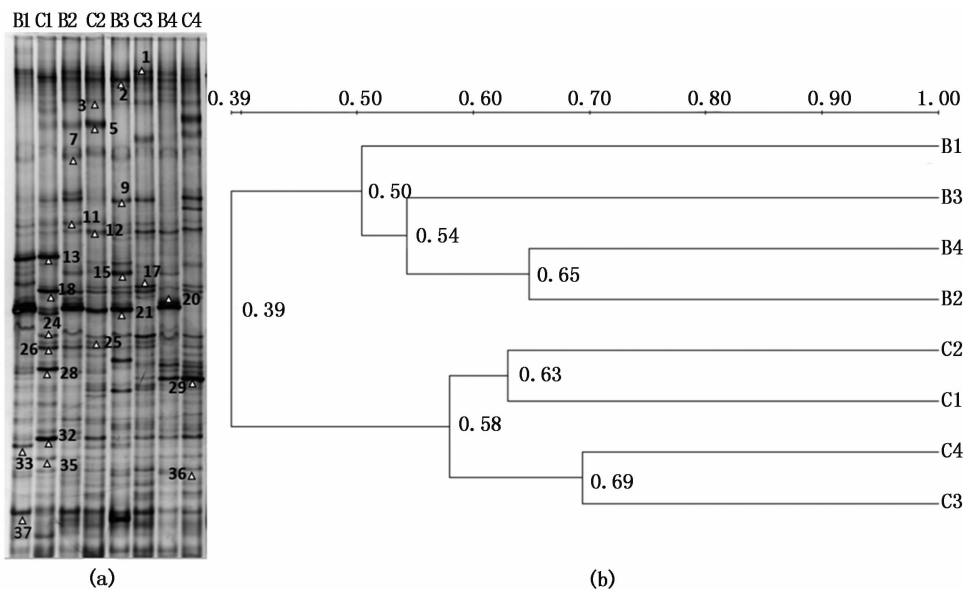


图1 养殖池塘水体细菌群落结构 DGGE 指纹图谱及聚类分析 (UPGMA)

Fig. 1 DGGE profiles and UPGMA clustering of 16S rDNA genes from the pond water

表2 不同样品的细菌多样性指数

Tab. 2 Shannon-wiener index, Margalef index, Pielou index and Simpson index of different bacterial community

泳道 lane	S	H'	D	J'	1-λ
B1	18	2.734	2.238	0.946	0.925
C1	18	2.812	2.203	0.973	0.935
B2	21	2.935	2.573	0.964	0.942
C2	20	2.849	2.451	0.951	0.933
B3	21	2.918	2.558	0.958	0.938
C3	20	2.904	2.471	0.969	0.941
B4	17	2.763	2.116	0.975	0.933
C4	22	3.020	2.676	0.977	0.948

表3 蓝藻池塘与对照池塘主要差异性条带及其贡献率

Tab. 3 The main difference banding and its contribution between cyanobacterial blooming pond and control pond

条带号 band name	蓝藻暴发池塘 cyanobacterial blooming pond	对照池塘 control pond	贡献率/% contribution rate	累计贡献率/% accumulative contribution rate
band21	16.15	2.41	6.32	6.32
band7	10.93	0	5.06	11.38
band 23	10.89	0	5.04	16.42
band 24	0	10.82	4.99	21.4
band 15	10.31	0	4.74	26.15
band 22	0	9.34	4.38	30.53
band 20	9.24	0	4.28	34.81
band 32	2.22	10.98	4	38.81
band 17	2.71	10.59	3.82	42.63
band 9	5.97	9.94	3.29	45.91
band 2	8.42	14.5	2.9	48.81
band 6	0	6.35	2.88	51.69
band 25	0	5.85	2.75	54.44

## 2.4 DGGE 图谱切胶条带及序列测定结果

将养殖水体细菌 DGGE 图谱可分辨的 22 条特征条带通过切胶、克隆、测序后,得到 31 条大小在 169 ~ 197 bp 之间的序列,将所得序列提交到 GenBank 数据库,采用 BLAST 程序进行序列比对,结果见表 4。所获得的序列与数据库中序列的最大相似性在 96% ~ 100% 之间,其中有 14 条序列与数据库中的序列相似性为 100%,有 10 条序列为未培养细菌。养殖池塘水体菌群主要归属为蓝细菌门 (Cyanobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 5 个门。

蓝藻暴发池塘样品的优势菌为蓝细菌门的微囊藻属 (*Microcystis* sp.), 特有细菌为拟杆菌门的屈挠杆菌属 (Uncultured *Flexibacter* sp.); 对照池塘的优势菌为蓝细菌门的聚球藻属 (*Synechococcus* sp.)、 $\alpha$ -变形菌纲的甲基杆菌属 (*Methylobacterium* sp.) 和红环菌科的 *Dechloromonas* sp.; 而蓝藻门的鱼腥藻属 (*Anabaena* sp.)、 $\alpha$ -变形菌纲的鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas* sp.)、 $\beta$ -变形菌纲伯克氏菌科的甲基杆菌属 (*Methylobacterium* sp.)、Uncultured *Polynucleobacter* sp.、红杆菌属 (Uncultured *Rhodobacter* sp.) 和生丝微菌属 (*Hyphomicrobium* sp.) 是各个池塘所共有的菌群。

表 4 养殖池塘水体细菌 DGGE 条带测序结果

Tab. 4 Blast results of bacterial 16S rDNA partial sequences of pond water with the database from GenBank

条带号 band name	序列长度 sequence size	GenBank 最相似性序列 (编号) closest relative found in the GenBank database (accession number)	分类地位 classification status	相似性/% similarity
Band 1	177	Uncultured <i>Arthrobacter</i> sp. (KJ624618.1)	放线菌门 (Actinobacteria)	96
Band 3	174	<i>Microcystis</i> sp. (AB936780.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	99
Band 5	169	Uncultured <i>Ilumatobacter</i> sp. (KF287761.1)	放线菌门 (Actinobacteria)	98
Band 6	171	<i>Pseudanabaena</i> sp. (AB936779.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 9	172	Uncultured <i>Rhodobacter</i> sp. (JQ701661.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	99
Band 12 - 1	196	Polynucleobacterdifficilis strain AM-8B5 (NR_125546.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	100
Band 12 - 2	175	<i>Anabaena</i> sp. (GU197656.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 13	174	<i>Microcystis</i> sp. (CP011304.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	97
Band 15	174	<i>Prochlorothri</i> sp. (HQ316169.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	98
Band 17	174	<i>Synechococcus</i> sp. (CP006269.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 18	196	Uncultured <i>Polynucleobacter</i> sp. (KC006264.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	98
Band 20 - 1	192	Uncultured <i>Flexibacter</i> sp. (FN668188.2)	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	100
Band 20 - 2	174	<i>Microcystis</i> sp. (CP011304.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 21	174	<i>Microcystis</i> sp. (CP011304.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 24 - 1	179	Uncultured <i>Polynucleobacter</i> sp. (KC006264.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	99
Band 24 - 2	175	<i>Oscillatoria</i> sp. (GQ351575.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 25	196	Uncultured <i>Polynucleobacter</i> sp. (JN866355.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	100
Band 26 - 1	175	<i>Planktothrix</i> sp. (GQ351566.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	99
Band 26 - 2	169	Uncultured <i>Ilumatobacter</i> sp. (JQ291011.1)	放线菌门 (Actinobacteria)	98
Band 28	175	<i>Oscillatoria</i> sp. (GQ351575.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	100
Band 29	174	<i>Microcystis</i> sp. (AB936776.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	98
Band 32 - 1	197	<i>Dechloromonas</i> sp. (AB795533.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	97
Band 32 - 2	172	<i>Methylobacterium</i> sp. (JN558793.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	98
Band 32 - 3	197	Uncultured <i>Limnohabitans</i> sp. (JX512330.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	98
Band 33	192	<i>Flavobacterium</i> sp. (NR109522.1)	拟杆菌门 (Bacteroidetes)	100
Band 35 - 1	172	<i>Sphingomonas</i> sp. (AY081166.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	97
Band 35 - 2	172	<i>Methylobacterium</i> sp. (FJ919621.1)	形菌门 (Proteobacteria)	98
Band 36 - 1	172	Uncultured <i>Rhodobacter</i> sp. (HE648204.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	100
Band 36 - 2	172	<i>Hyphomicrobium</i> sp. (HM124367.1)	变形菌门 (Proteobacteria)	100
Band 37 - 1	189	Uncultured <i>Gemmatimonas</i> sp. (GU323622.1)	芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)	100
Band 37 - 2	174	<i>Lyngbya</i> sp. (HQ343414.1)	蓝藻门 (Cyanobacteria)	99

## 2.5 水体样品理化指标结果分析

由表 5 可知,蓝藻暴发池塘水体的可溶性磷酸盐( $\text{PO}_4\text{-P}$ )、叶绿素 a(*Chl. a*) 均极显著高于对照池塘( $P < 0.01$ ); 硝酸态氮( $\text{NO}_3\text{-N}$ )、亚硝酸态氮( $\text{NO}_2\text{-N}$ ) 在蓝藻暴发池塘与对照池塘的水体间

差异均不显著。一般来说,*Chl. a* 可以作为衡量蓝藻暴发程度的指标<sup>[14]</sup>, 由线性回归分析可以得出,*Chl. a* 与  $\text{PO}_4\text{-P}$  存在正相关关系( $R^2 = 0.869$ ,  $P < 0.01$ )。

表 5 养殖水质参数

Tab.5 Water quality parameters of the aquaculture water

参数 parameter	养殖场 farm	蓝藻暴发塘 bloom	对照塘 control	参数 parameter	养殖场 farm	蓝藻暴发塘 bloom	对照塘 control
$\text{NH}_4\text{-N}$ /(mg/L)	遵义市(金承)	0.52 ± 0.12	0.69 ± 0.37	$\text{NO}_2\text{-N}$ /(mg/L)	遵义市(金承)	0.032 ± 0.007	0.044 ± 0.010
	红河州(西坝)	0.51 ± 0.17*	0.12 ± 0.03		红河州(西坝)	0.038 ± 0.007	0.047 ± 0.016
	广州市(珠江所)	0.14 ± 0.03	0.29 ± 0.20		广州市(珠江所)	0.011 ± 0.003	0.013 ± 0.004
	广州市(陆仕)	0.48 ± 0.39	0.73 ± 0.39		广州市(陆仕)	0.023 ± 0.008	0.034 ± 0.020
$\text{NO}_3\text{-N}$ /(mg/L)	遵义市(金承)	0.97 ± 0.21	1.35 ± 0.42	$\text{PO}_4\text{-P}$ /(mg/L)	遵义市(金承)	0.158 ± 0.041**	0.028 ± 0.018
	红河州(西坝)	0.23 ± 0.14	0.53 ± 0.25		红河州(西坝)	0.155 ± 0.045**	0.028 ± 0.018
	广州市(珠江所)	0.39 ± 0.10	0.38 ± 0.07		广州市(珠江所)	0.195 ± 0.031**	0.069 ± 0.015
	广州市(陆仕)	0.26 ± 0.12	0.18 ± 0.04		广州市(陆仕)	0.341 ± 0.059**	0.089 ± 0.015
TN /(mg/L)	遵义市(金承)	4.48 ± 1.15	4.35 ± 1.22	<i>Chl. a</i> /(μg/L)	遵义市(金承)	305.1 ± 55.5**	60.8 ± 11.2
	红河州(西坝)	8.84 ± 2.53*	2.32 ± 0.71		红河州(西坝)	572.0 ± 55.5**	77.5 ± 22.7
	广州市(珠江所)	6.86 ± 2.16	3.90 ± 0.07		广州市(珠江所)	529.7 ± 65.2**	58.0 ± 18.4
	广州市(陆仕)	6.54 ± 2.76	4.33 ± 1.88		广州市(陆仕)	421.2 ± 64.5**	61.3 ± 16.5
TP /(mg/L)	遵义市(金承)	0.67 ± 0.12*	0.46 ± 0.32	MC-LR /(ng/L)	遵义市(金承)	0.33 ± 0.11	0.26 ± 0.09
	红河州(西坝)	0.64 ± 0.58	0.07 ± 0.01		红河州(西坝)	0.13 ± 0.01	0.26 ± 0.15
	广州市(珠江所)	0.82 ± 0.44	0.3 ± 0.12		广州市(珠江所)	0.60 ± 0.13*	0.14 ± 0.06
	广州市(陆仕)	0.76 ± 0.17*	0.31 ± 0.16		广州市(陆仕)	0.74 ± 0.35*	0.02 ± 0.00

注: \* 表示同行差异显著( $P < 0.05$ ); \*\* 表示同行差异极显著( $P < 0.01$ )。

Note: \* indicates there was a significant difference in the same line ( $P < 0.05$ ); And \*\* indicates the difference was extremely significant ( $P < 0.01$ ).

## 2.6 养殖池塘水体细菌群落与水环境因子的 RDA 分析

将 DGGE 指纹图谱中 37 条(图 1a, 特异条带的测序结果见表 4) 可识别的条带的位置和亮度分别类比于物种的种类和数量, 对 DGGE 图谱条带数字化结果进行去趋势对应分析 (detrended correspondence analysis, DCA)。结果显示最大梯度长度为 2.264, 小于 3, 即选用线性模型要好于单峰模型。因此, 本文选择线性模型冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 进行养殖池塘水体细菌群落与水环境因子的排序。通过对水环境因子的蒙特卡罗检验 (monte carlo permutation test) 表明,  $\text{PO}_4\text{-P}$  和  $\text{NO}_3\text{-N}$  与养殖池塘水体细菌群落具有显著的相关性 ( $P < 0.05$ ), 因此选择  $\text{PO}_4\text{-P}$  和  $\text{NO}_3\text{-N}$  两个环境因子研究其与细菌群落的关系。结果显示: 第一排序轴和第二排序轴的特征值分别为 34.2 和 15.8, 前两轴共解释了 50.1% 的

养殖水体细菌群落的变化特征, 而物种和环境因子相关系数分别为 0.982 和 0.969, 表明排序能够很好地反映养殖池塘水体细菌群落与水环境因子间的关系。

在只包含  $\text{PO}_4\text{-P}$  和  $\text{NO}_3\text{-N}$  两个环境因子的二维空间内, 不同养殖池塘及水体细菌群落的 RDA 排序图(图 3)。第一排序轴的主要影响因素是  $\text{PO}_4\text{-P}$ , 为负相关, 相关系数为 -0.876; 第二排序轴的主要影响因素是  $\text{NO}_3\text{-N}$ , 为正相关, 相关系数为 0.967。蓝藻暴发池塘的特异及优势条带 15 (*Prochlorothrix* sp.)、20 (Uncultured *Flexibacter* sp.)、21 (*Microcystis* sp.) 与  $\text{PO}_4\text{-P}$  呈正相关; 而对照池塘的特异及优势条带 17 (*Synechococcus* sp.)、24 (Uncultured *Polynucleobacter* sp.)、25 (Uncultured *Polynucleobacter* sp.)、32 (*Methylobacterium* sp.) 与  $\text{PO}_4\text{-P}$  呈负相关。

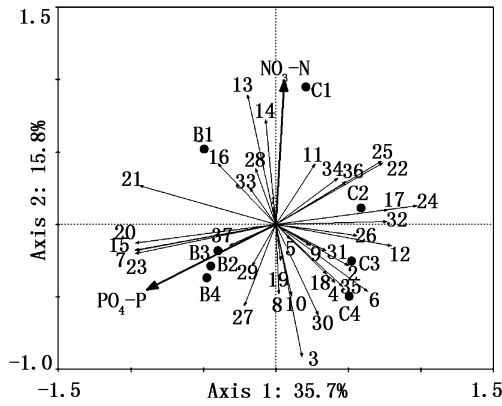


图2 养殖池塘水体细菌群落与水环境因子的 RDA 排序图

Fig.2 Redundancy analysis for bacteria and environmental factors in aquaculture pond water

图中箭头 1-37 代表类似于物种的 DGGE 指纹图谱中的条带,见图 1a;PO<sub>4</sub>-P. 可溶性磷酸盐;NO<sub>3</sub>-N. 硝态氮。

1 to 37 represent the DGGE fingerprint as shown in figure 1 which analogy in species; PO<sub>4</sub>-P. soluble phosphate; NO<sub>3</sub>-N. nitrate nitrogen.

### 3 讨论

有研究发现,PO<sub>4</sub>-P 是影响蓝藻丰度的主要因子<sup>[19]</sup>,高 PO<sub>4</sub>-P 浓度有利于使能够形成蓝藻水华的种类成为优势种<sup>[7]</sup>。在本次研究中,蓝藻暴发池塘的 PO<sub>4</sub>-P 含量显著高于对照池塘,且 PO<sub>4</sub>-P 与代表蓝藻暴发程度的 *Chl. a* 存在正相关关系。此结果与 XU 的研究结果相同,其在对玄武湖蓝藻暴发的研究中发现微囊藻 (*Microcystis*) 丰度与 PO<sub>4</sub>-P 浓度呈正相关<sup>[20]</sup>。此外,本研究发现 PO<sub>4</sub>-P 与蓝藻暴发池塘优势及特异细菌存在正相关关系。刘庆等在研究中曾发现,PO<sub>4</sub>-P 与附着细菌样品蓝藻种群结构动态变化具有显著的相关性<sup>[21]</sup>。因此,较高的 PO<sub>4</sub>-P 含量有利于 *Microcystis* 成为优势藻类,且与蓝藻暴发相关的细菌关系密切,有利于蓝藻的暴发。

一般来说,蓝藻的暴发总是和细菌的变化相关联。蓝藻的生物量会对水体的细菌群落结构产生很大的影响<sup>[8]</sup>,有许多细菌是蓝藻的附生菌<sup>[22]</sup>,蓝藻产生的藻毒素也会对某些细菌存在抑制作用<sup>[11]</sup>。本研究发现蓝藻暴发池塘的特定的菌群为屈挠杆菌 (*Flexibacter*)。已报道的 *Flexibacter* 均属于异养菌,不但分布广泛<sup>[23]</sup>,而且具有溶解藻类细胞特别是蓝藻细胞的能力:前苏

联科学家曾经报道过屈挠杆菌亚种 (*Flexibacter* sp.) 具有溶解藻类营养细胞的能力<sup>[24]</sup>,我国学者李勤生从藻池中分离出来的一株屈挠杆菌 (*Flexibacter* sp.) 也可以溶解蓝藻营养细胞<sup>[23]</sup>。*Flexibacter* 属于噬纤维菌科 (Cytophagaceae), RASHIDAN 等发现噬纤维菌科 (Cytophagaceae) 的噬细胞菌属 (*Cytophaga*) 也具有裂解蓝藻细胞的能力,而且 *Cytophaga* 的丰度与蓝藻暴发及其发展紧密关联<sup>[25]</sup>。Cytophagaceae 属于拟杆菌门 (Bacteroidetes),我国学者在对湖泊与水库蓝藻暴发的研究中均发现, Bacteroidetes 是蓝藻暴发期的主要细菌菌群,且在蓝藻暴发的过程中有显著的变化:太湖梅梁湾水域在蓝藻暴发前期以 Bacteroidetes 为优势菌,而在蓝藻暴发末期其在水样中的比例很小<sup>[12]</sup>;太湖贡湖湾 Bacteroidetes 的黄杆菌科 (Flavobacteriaceae) 在蓝藻暴发前期大量出现,而在暴发时消失<sup>[8]</sup>;玄武湖蓝藻暴发期间 Proteobacteria、Firmicutes 和 Bacteroidetes 为主要优势菌群,而衰退期主要优势菌群仅为 Proteobacteria 和 Firmicutes<sup>[9]</sup>;洋河水库蓝藻暴发时, Bacteroidetes 在总细菌中的含量由蓝藻暴发前期(6月)的 6.6% 下降至暴发中期(8月)的 1.2%,又在暴发末期(10月)上升至 24%, Bacteroidetes 的 OUT 数也由蓝藻暴发前中期的 1 个增加到了暴发末期的 8 个<sup>[10]</sup>。因此, Bacteroidetes 与蓝藻暴发的关系密切,而蓝藻的暴发可能会引起可以裂解蓝藻的 *Flexibacter* 含量的增高。

本次研究的蓝藻暴发池塘中的优势藻类为 *Microcystis*, 而蓝藻暴发池塘的聚球藻 (*Synechococcus*) 的含量明显低于对照池塘。 *Synechococcus* 属于蓝细菌门 (Cyanobacteria), 是浮游生物群落的优势组分,是全球碳循环的主要参与者和初级生产力的贡献者<sup>[26]</sup>。一般来说 *Synechococcus* 比 *Microcystis* 具有生长优势。因为 *Synechococcus* (直径为 0.2 ~ 2 μm<sup>[27]</sup>) 个体略小于 *Microcystis* (直径为 2 ~ 7 μm<sup>[28]</sup>), 较小的细胞个体能更有效地获取和使用营养物质<sup>[27]</sup>; 另外 *Synechococcus* 可以进行生物固氮<sup>[27]</sup>, 而 *Microcystis* 属于非固氮蓝藻<sup>[22]</sup>, 这些特性让 *Synechococcus* 营养获取上比 *Microcystis* 更具有优势。但本次采集的养殖池塘富营养化严重,含氮的营养盐已不是影响其生长的限制因子。有学

者研究发现 *Microcystis* 产生的微囊藻毒素 (Microcystin, MC) 可以通过降低 *Synechococcus* 的光合活性来抑制 *Synechococcus* 的生长<sup>[29]</sup>。叶文瑾在对太湖水体蓝藻暴发的研究中发现 *Microcystis* 和 *Synechococcus* 存在此消彼长的动态关系<sup>[11]</sup>。因此,在蓝藻暴发池塘中可能是因为 *Microcystis* 的大量生长抑制了 *Synechococcus* 的生长。

蓝藻暴发池塘和对照池塘中共有的优势菌群为  $\alpha$ 、 $\beta$ -变形菌纲 ( $\alpha$ 、 $\beta$ -Proteobacteria)。 $\alpha$ -proteobacteria 包括大部分贫养型杆菌,多数类群是好氧菌;多数  $\beta$ -Proteobacteria 也是好氧菌,但其也可以在厌氧生境中利用有机物的降解产物<sup>[30]</sup>。多数  $\beta$ -Proteobacteria 具有降解污染物的能力,因此随营养浓度的升高  $\beta$ -Proteobacteria 的种群数量也会升高<sup>[31]</sup>。有文献表明,蓝藻暴发时, $\alpha$ 、 $\beta$ -Proteobacteria 是蓝藻的主要附生菌<sup>[22]</sup>。而且  $\alpha$ -Proteobacteria 中的鞘氨醇单胞菌 (*Sphingomonas*) 对于微囊藻毒素具有很强的降解能力<sup>[22,32]</sup>。

许多学者在对湖泊水库的研究中表明,蓝藻暴发会导致水体细菌多样性的降低<sup>[9,13,33]</sup>。但本研究发现,蓝藻暴发池塘与对照池塘的细菌多样性差别不大。可能是因为本次研究的养殖池塘水体富营养化比较严重,水体营养过剩会抑制某些对环境敏感的细菌的生长,降低水体细菌的多样性<sup>[15,34]</sup>。此外,水体的细菌多样性还与水面面积有很大的关系,RECHE 在研究位于西班牙内华达山脉上的 11 个高原湖泊中的细菌群落结构和多样性时发现,细菌多样性和湖泊的面积呈显著的正相关关系<sup>[35]</sup>。而养殖池塘相对于湖泊水库的面积要小得多,因此也有可能是养殖池塘的面积较小从而导致了细菌多样性本身较低,进而导致蓝藻暴发对养殖池塘细菌多样性的影响作用不明显。

#### 参考文献:

- [1] 温志良, 张爱军, 温琰茂. 集约化淡水养殖对水环境的影响[J]. 水利渔业, 2000, 20(4): 19-20.  
WEN Z L, ZHANG A J, WEN Y M. The influence of intensive freshwater aquaculture on water environment[J]. Reservoir Fisheries, 2000, 20(4): 19-20.
- [2] ZHONG F, GAO Y N, YU T, et al. The management of undesirable cyanobacteria blooms in channel catfish ponds

using a constructed wetland; contribution to the control of off-flavor occurrences [J]. Water Research, 2011, 45 (19): 6479-6488.

- [3] SEVRIN-REYSSAC J, PLETIKOSIC M. Cyanobacteria in fish ponds[J]. Aquaculture, 1990, 88(1): 1-20.
- [4] SCHRADER K K, DENNIS M E. Cyanobacteria and earthy/musty compounds found in commercial catfish (*Ictalurus punctatus*) ponds in the Mississippi Delta and Mississippi-Alabama Blackland Prairie[J]. Water Research, 2005, 39 (13): 2807-2814.
- [5] 张永生, 孔繁翔, 于洋, 等. 蓝藻伪空胞的特性及浮力调节机制[J]. 生态学报, 2010, 30(18): 5077-5090.  
ZHANG Y S, KONG F X, YU Y, et al. The characteristics and buoyancy regulations of cyanobacterial gas vesicles[J]. Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(18): 5077-5090.
- [6] 秦伯强, 杨柳燕, 陈非洲, 等. 湖泊富营养化发生机制与控制技术及其应用[J]. 科学通报, 2006, 51(16): 1857-1866.  
QIN B Q, YANG L Y, CHEN F Z, et al. Mechanism and control of lake eutrophication[J]. Chinese Science Bulletin, 2006, 51(19): 2401-2412.
- [7] 赵孟绪, 韩博平. 汤溪水库蓝藻水华发生的影响因子分析[J]. 生态学报, 2005, 25(7): 1554-1561.  
ZHAO M X, HAN B P. Analysis of factors affecting cyanobacteria bloom in a tropical reservoir (Tangxi Reservoir, China) [J]. Acta Ecologica Sinica, 2005, 25 (7): 1554-1561.
- [8] NIU Y, SHEN H, CHEN J, et al. Phytoplankton community succession shaping bacterioplankton community composition in Lake Taihu, China[J]. Water Research, 2011, 45(14): 4169-4182.
- [9] 郑小红, 肖琳, 任晶, 等. 玄武湖微囊藻水华暴发及衰退期细菌群落变化分析[J]. 环境科学, 2008, 29(10): 2956-2962.  
ZHENG X H, XIAO L, REN J, et al. Variation of bacterial community composition in the outbreak and decline of *Microcystis* spp. Bloom in Lake Xuanwu[J]. Environmental Science, 2008, 29(10): 2956-2962.
- [10] 陈威. 富营养化水体不同水华阶段细菌群落结构的变化[D]. 新乡: 河南师范大学, 2010.  
CHEN W. Variation of bacteria community structures in eutrophic water body during water bloom[D]. Xinxiang: Henan Normal University, 2010.
- [11] 叶文瑾. 太湖富营养化水体和底泥中微生物群落的分子生态学研究[D]. 上海: 上海交通大学, 2009.  
YE W J. Molecular ecology research on microbial community in the water and sediment of eutrophic Lake Taihu [D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University, 2009.
- [12] 奚万艳, 吴鑫, 叶文瑾, 等. 太湖梅梁湾水域蓝藻水华前与水华末期细菌群落结构的变化[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13(1): 97-103.  
XI W Y, WU X, YE W J, et al. Changes in bacterial



- community structure during preceding and degraded period of cyanobacterial bloom in a bay of the Taihu Lake[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2007, 13(1): 97-103.
- [13] 田川. 太湖浮游细菌分子生态学及溶藻细菌的研究[D]. 上海: 上海交通大学, 2012.  
TIAN C. Research on bacterioplankton diversity and the Algicidal bacteria in Lake Taihu[D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University, 2012.
- [14] CHEN M J, CHEN F Z, XING P, et al. Microbial eukaryotic community in response to *Microcystis* spp. bloom, as assessed by an enclosure experiment in Lake Taihu, China [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, 74(1): 19-31.
- [15] 翁笑艳, 林美爱, 严颖. 地表水浮游植物叶绿素 a 测定方法比较研究[J]. 中国环境监测, 2009, 25(3): 36-38, 76.  
WENG X Y, LIN M A, YAN Y. Comparison of determination of phytoplankton chlorophyll a by spectroscopic methods in freshwater [J]. Environmental Monitoring in China, 2009, 25(3): 36-38, 76.
- [16] 桂佳, 辛艳萍, 韩博平, 等. Beacon 公司微囊藻毒素检测试剂盒的性能评价[J]. 生态科学, 2009, 28(5): 428-432.  
GUI J, XIN Y P, HAN B P, et al. Performance evaluation of Beacon Microcystin Plate Kit[J]. Ecological Science, 2009, 28(5): 428-432.
- [17] TORSBIK V, DAAE F L, SANDAA R A, et al. Review article; novel techniques for analysing microbial diversity in natural and perturbed environments [J]. Journal of Biotechnology, 1998, 64(1): 53-62.
- [18] KENNEDY A C. Bacterial diversity in agroecosystems[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1999, 74(1/3): 65-76.
- [19] 胡韧, 顾继光, 聂祥, 等. 3 座南亚热带串联调水水库浮游植物群落的 CCA 分析[J]. 生态科学, 2008, 27(5): 315-319.  
HU R, GU J G, NIE X, et al. A comparison of phytoplankton assemblages in three subtropical pumped storage reservoirs based on CCA analysis [J]. Ecological Science, 2008, 27(5): 315-319.
- [20] XU Y, WANG G X, YANG W B, et al. Dynamics of the water bloom-forming *Microcystis* and its relationship with physicochemical factors in Lake Xuanwu (China) [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2010, 17(9): 1581-1590.
- [21] 刘庆, 郭亮, 邢鹏, 等. 富营养化浅水湖泊蓝藻的种群结构和多样性研究[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(3): 570-579.  
LIU Q, GUO L, XING P, et al. Cyanobacterial community composition and diversity in shallow lakes of different trophic status[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2012, 31(3): 570-579.
- [22] LI N, ZHANG L, LI F C, et al. Metagenome of microorganisms associated with the toxic Cyanobacteria *Microcystis aeruginosa* analyzed using the 454 sequencing platform [J]. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 2011, 29(3): 505-513.
- [23] 李勤生, 黎尚豪, 王大粗. 中华屈挠杆菌的分离和鉴定[J]. 微生物学报, 1984, 24(1): 7-13.  
LI Q S, LI S H, WANG D S. Isolation and characterization of *Flexibacter chinenses* sp. nov. [J]. Acta Microbiology Sinica, 1984, 24(1): 7-13.
- [24] 李勤生, 利群, 蔡庆华. 东湖屈挠杆菌的分离及其生物学特性研究[J]. 水生生物学报, 1990, 14(3): 216-223.  
LI Q S, LI Q, CAI Q H. Study on isolation and biological characters of *flexibacter* strains from Donghu lake [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 1990, 14(3): 216-223.
- [25] RASHIDAN K K, BIRD D F. Role of predatory bacteria in the termination of a cyanobacterial bloom [J]. Microbial Ecology, 2001, 41(2): 97-105.
- [26] 胡智泉, 刘永定. 微囊藻毒素在细长聚球藻中的积累及其毒性效应[J]. 中国环境科学, 2005, 25(1): 23-27.  
HU Z Q, LIU Y D. Accumulation of microcystin-RR in *Synechococcus elongatus* and its toxic effects [J]. China Environmental Science, 2005, 25(1): 23-27.
- [27] RAVEN J A. The twelfth tansley lecture. Small is beautiful; the picophytoplankton [J]. Functional Ecology, 1998, 12(4): 503-513.
- [28] KONDO R, YOSHIDA T, YUKI Y, et al. DNA-DNA reassociation among a bloom-forming cyanobacterial genus, *Microcystis* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2000, 50(2): 767-770.
- [29] 胡智泉, 刘永定, 肖波. 微囊藻毒素对几种淡水微藻的生长和光合活性的影响[J]. 生态环境, 2008, 17(3): 885-890.  
HU Z Q, LIU Y D, XIAO B. Effects of microcystin on the growth and photosynthetic activity of algae in freshwater [J]. Ecology and Environment, 2008, 17(3): 885-890.
- [30] ZENG J, YANG L Y, DU H W, et al. Bacterioplankton community structure in a eutrophic lake in relation to water chemistry [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2009, 25(5): 763-772.
- [31] 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[J]. 生物多样性, 2009, 17(5): 490-498.  
SUN X X, LIU H R, FENG F Y, et al. Diversity and phylogenetic analysis of planktonic bacteria in eutrophic zone of Lake Wuliangsu [J]. Biodiversity Science, 2009, 17(5): 490-498.
- [32] PARK H D, SASAKI Y, MARUYAMA T, et al. Degradation of the cyanobacterial hepatotoxin microcystin by a new bacterium isolated from a hypertrophic lake [J]. Environmental Toxicology, 2001, 16(4): 337-343.
- [33] 刘娅琴, 邹国燕, 宋祥甫, 等. 框式复合型生态浮床对富

- 营养水体浮游植物群落结构的影响[J]. 水生生物学报, 2010, 34(1): 196–203.
- LIU Y Q, ZOU G Y, SONG X P, et al. Effect of a new ecological floating bed system (EFBS) on phytoplankton community in Eutrophicated water[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2010, 34(1): 196–203.
- [34] 冯胜, 秦伯强, 高光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应[J]. 环境科学学报, 2007, 27(11): 1823–1829.
- FENG S, QIN B Q, GAO G. Response of bacterial communities to eutrophic water in Lake Taihu [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2007, 27(11): 1823–1829.
- [35] RECHE I, PULIDO-VILLENA E, MORALES-BAQUERO R, et al. Does ecosystem size determine aquatic bacterial richness[J]. Ecology, 2005, 86(7): 1715–1722.

## Characteristics of bacterial community of the grass carp pond when cyanobacterial blooming occurred

LI Jiansong<sup>1,2</sup>, WANG Guangjun<sup>1</sup>, GONG Wangbao<sup>1</sup>, XIE Jun<sup>1</sup>, YU Deguang<sup>1</sup>, YU Ermeng<sup>1</sup>, WEI Nan<sup>1</sup>, XIA Yun<sup>1</sup>

(1. Pearl River Fishery Research Institute, Chinese Academy of Fisheries Sciences, Guangzhou 510380, Guangdong, China;  
2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

**Abstract:** In order to reveal the characteristics of bacterial community in the cyanobacterial blooming pond, the water samples in the cyanobacterial blooming ponds and the control ponds were collected from four aquaculture farms located in Guangdong, Yunnan and Guizhou Provinces, respectively. Both the physicochemical factors and biological indicators were analyzed. By applying polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) technique, the differences in bacterial community structure in these water bodies were found. The bacterial community diversity in aquaculture water were analyzed according to the abundance of PCR-DGGE fingerprint bands, and conducted an unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) cluster analysis on the bacterial community structure in the water body. The results indicated that the PO<sub>4</sub>-P content was significantly higher in cyanobacterial blooming pond than that in the control pond ( $P < 0.01$ ). Linear regression analysis revealed a positive correlation between PO<sub>4</sub>-P and the content of chlorophyll a (*Chl. a*), which represents the degree of cyanobacterial blooming ( $R^2 = 0.869$ ,  $P < 0.01$ ). The analysis of physicochemical factors in combination with the redundancy analysis (RDA) in bacterial community indicated a close relationship between PO<sub>4</sub>-P and bacterial community in aquaculture water. While no significant difference in bacterial community diversity was seen between cyanobacterial blooming pond and control pond ( $P > 0.05$ ), significant differences in bacterial community structure between the two ponds existed. Further sequencing analysis revealed that the characteristic bacteria in the cyanobacterial blooming pond was *Flexibacter*, which might play a role in algal pyrolysis. The *Synechococcus* content was significantly lower in the cyanobacterial blooming pond than that in the control pond. This reduced *Synechococcus* content might be related to the inhibition of *Synechococcus* growth by the substantial blooming of *Microcystis*.

**Key words:** cyanobacterial blooming pond; bacterial community; PCR-DGGE; PO<sub>4</sub>-P