



## 大型浅水湖泊鄱阳湖湿地微生物的研究现状

刘亚军<sup>1</sup> 刘欣<sup>1</sup> 牟晓真<sup>\*1,2</sup> 吴兰<sup>\*1</sup>

1 南昌大学 江西 南昌 330031

2 Department of Biological Science, Kent State University, Kent, Ohio 44242, USA

**摘要:** 鄱阳湖是我国第一大淡水湖泊, 同时也是一个典型的季节性通江浅水湖泊, 独特的水文特征和多样的湿地景观类型形成了复杂多样的微生物群落。本文综述了鄱阳湖水文节律、营养盐及重金属含量对湖泊微生物群落组成的影响, 以及水位高程和湿地围垦对鄱阳湖湿地土壤微生物分布特征的影响, 同时还探讨了未来湖泊湿地微生物的研究方向和鄱阳湖所拥有的独特研究条件, 以期为未来湖泊微生物研究提供重要参考。

**关键词:** 鄱阳湖, 微生物, 水文节律, 重金属, 高程, 围垦

## Research status of microorganisms in a large, shallow lake Poyang Lake wetland

LIU Ya-Jun<sup>1</sup> LIU Xin<sup>1</sup> MOU Xiao-Zhen<sup>\*1,2</sup> WU Lan<sup>\*1</sup>

1 Nanchang University, Nanchang, Jiangxi 330031, China

2 Department of Biological Science, Kent State University, Kent, Ohio 44242, USA

**Abstract:** Poyang Lake, the largest freshwater lake in China, is a typical seasonal shallow lake. Its unique hydrological characteristics and various wetland landscape types make the microbial communities complex and diverse. This paper summarized the current research status of the microbes in Poyang Lake on: (1) effects of hydrological rhythm, nutrients and heavy metal contents on the composition of microbial community in Poyang Lake; (2) effects of water level elevation and wetland reclamation on soil microbial distribution in Poyang Lake wetland. Meanwhile, the future research direction of microorganism in lake wetland and the unique conditions of Poyang Lake are also discussed, providing an important reference for studying lake microorganisms in the future.

**Keywords:** Poyang Lake, Microorganism, Hydrological rhythm, Heavy metal, Elevation, Reclamation

**Foundation items:** National Natural Science Foundation of China (31971470); Natural Science Foundation of Jiangxi Province (20192ACB20021)

**\*Corresponding authors:** E-mail: MOU Xiao-Zhen: xzmou@ncu.edu.cn; WU Lan: wl690902@hotmail.com

**Received:** 21-01-2019; **Accepted:** 10-05-2019; **Published online:** 16-05-2019

**基金项目:** 国家自然科学基金(31971470); 江西省自然科学基金(20192ACB20021)

**\*通信作者:** E-mail: 牟晓真: xzmou@ncu.edu.cn; 吴兰: wl690902@hotmail.com

**收稿日期:** 2019-01-21; **接受日期:** 2019-05-10; **网络首发日期:** 2019-05-16

鄱阳湖(28°22'-29°45'N, 115°47'-116°45'E)是我国第一大淡水湖泊,为过水性、季节性大型浅水湖泊,地处长江中下游南岸,水系流域面积16.22万 km<sup>2</sup>,占长江流域面积的9%左右,流域内赣、抚、信、饶、修五大河流从南、东、西三个方向向鄱阳湖汇集,使得鄱阳湖成为我国南方重要的生态屏障<sup>[1]</sup>。鄱阳湖水下地势较为平坦(74.91%的湖底坡度不大于0.5°)<sup>[2]</sup>,年内水位落差巨大(水位变幅为9.59-15.36 m),特殊的地形和水文环境造就了丰富多样的湖泊湿地类型,为湿地生物提供了多样的生境,使其成为我国生物资源最丰富的地区之一,是湿地植物、底栖动物、鱼类和众多珍稀鸟类的繁育场所。

近年来,由于全球气候变化和人为活动的影响,鄱阳湖生态保护面临着严重的挑战。极端天气的频繁发生,导致湖泊枯水期延长、水位偏低、沼泽面积不断扩大,使其成为我国萎缩速率最快的湖泊,威胁到了湿地生态系统的稳定性<sup>[3]</sup>。另外,随着鄱阳湖流域经济的不断发展,地表径流和五河流入的工业废水、农业肥水和生活污水,致使湖泊面临着严重的氮、磷和重金属(铜、锌)污染的风险<sup>[4-5]</sup>。此外,鄱阳湖是长江中下游湖泊围垦的典型区域,自1949-1999年的50年间,围垦面积多达1466.9 km<sup>2</sup><sup>[6]</sup>,将湿地转变为耕地,使得土壤碳氮含量升高的同时,也降低了土壤碳库的稳定性<sup>[7]</sup>。

目前有关鄱阳湖的地形、水文、植被的调查研究已相当完善<sup>[8]</sup>,而微生物作为湖泊湿地生态系统的重要组成部分,驱动着湖泊湿地的营养元素循环及重金属等污染物的迁移转化,同时,湿地土壤微生物的群落组成和功能也会受到元素含量、水分条件和湖泊湿地管理方式的显著影响<sup>[9-10]</sup>。基于此,本文根据近年来与鄱阳湖湿地微生物相关的研究成果,从湖泊微生物对水文节律、营养盐和重金属的响应,以及湿地土壤微生物对水位高程和围垦的响应两个方面综述鄱阳湖湿地微生物的研究现状,以期为我国未来湖泊湿地保护和研究提供理论依据。

## 1 湖泊微生物对水文节律和人为污染的响应

### 1.1 浮游细菌

众多研究发现,鄱阳湖浮游细菌群落与世界其他淡水湖泊类似,以变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和放线菌门(*Actinobacteria*)最为丰富,此外,相较于其他淡水湖泊,鄱阳湖水体中还生存者大量的厚壁菌门(*Firmicutes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)等<sup>[11-13]</sup>。

湖泊浮游细菌显著受到鄱阳湖水文节律的影响。研究发现,浮游细菌的多样性随着水文节律显著变化,细菌丰度和多样性在丰水期呈现出从北至南逐渐增多的趋势,随着水文情势的改变,至9月份时北部湖区浮游细菌的丰富度高于南主湖区<sup>[14]</sup>。Kong和张志红等在南部湖区浮游细菌群落的研究中发现<sup>[15-16]</sup>,退水期(10月)相对于涨水期(4月)和枯水期(1月)季节差异最为显著,退水期的放线菌(*acI*、*acTH1*和*acTH2*)和拟杆菌较为丰富,而β-变形菌纲和伯克氏菌(*Burkholderiales*)丰度较低。其中,*acI*是一种能够利用阳光和富含碳氮的有机质作为能量来源的菌属<sup>[17]</sup>,而伯克氏菌能够降解微囊藻素以及芳香族化合物<sup>[18]</sup>。此外,张志红等还发现参与氮循环的一些菌群在不同水文期间的变化尤为明显,如丰水期(7月)的氨化细菌和亚硝化细菌丰度显著高于枯水期(1月),但反硝化细菌在枯水期丰度较高<sup>[16]</sup>。可能由于鄱阳湖丰水期正值夏季,水温较高,有利于微生物的生长代谢,而夏季正值鄱阳湖浮游植物大量繁殖<sup>[19]</sup>,促使水体溶解氧增加,从而抑制了反硝化细菌的生长。

鄱阳湖浮游细菌具有显著的空间异质性。这主要是由于上游河流众多,所携带的营养元素及重金属等污染物不同造成的(图1)。研究发现:饶河(包括上游乐安河、昌江)和修河河口区域水体浮游细菌群落的多样性和丰度高于其他河口,主要是由于该地氮磷以及重金属污染最为严重,水体pH较低,以及较高的总氮和氨态氮浓度。但值得注意的是,

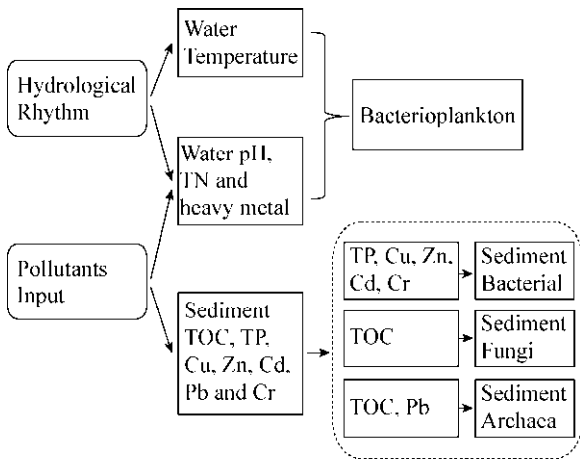


图 1 鄱阳湖湖泊环境对微生物的影响概况图  
**Figure 1 The effects of lake environment on microbes in Poyang Lake**

注: TOC: 总有机碳; TP: 总磷; Cu: 铜; Zn: 锌; Cd: 镉; Pb: 铅; Cr: 铬.

Note: TOC: Total organic carbon; TP: Total phosphorus; Cu: Copper; Zn: Zinc; Cd: Cadmium; Pb: Lead; Cr: Chromium.

受磷污染较为严重的信江河口区域并未表现出较高的细菌丰富度<sup>[13]</sup>。此外, 入湖河口是微生物群落变化的敏感区域, 影响河口区域浮游细菌群落结构差异的原因, 除了受水体酸碱度和氮含量的显著影响, 还受到重金属污染的影响, 其中变形菌对重金属污染的耐受力较强, 而放线菌的生长代谢受

汞、锌和镉的严重抑制<sup>[20]</sup>。

浮游细菌所呈现的时空差异性, 正好反映了水体中环境因子时空差异。通过梳理近年来鄱阳湖浮游细菌的研究成果发现, 伴随着水文节律和污染水体流入的影响, 湖泊浮游细菌群落结构变化较为复杂, 主要是受到水体温度、pH、氮以及重金属含量变化的影响(图 2)。

### 1.2 底栖微生物

大量研究发现鄱阳湖沉积物中主要菌群有变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌、绿弯菌门、硝化螺旋菌门和疣微菌门等<sup>[21-25]</sup>。此外在湖区内还发现了丰富的粘球菌目(*Myxococcales*)脱硫菌(*Desulfuromonadales*)、鞘菌目(*Sphingobacteriales*)和硝化螺菌目(*Nitrospirales*)以及参与铁转化的 *Gallionellales*<sup>[26]</sup>, 这在一定程度上反映了鄱阳湖沉积物细菌的代谢功能多样性。

鄱阳湖沉积物中细菌的群落组成主要受不同生境类型地化因子的影响(图 1), 受水文的影响较小<sup>[27]</sup>。圣平和 Yu 等利用 PCR-DGGE 技术对 5 个河口底泥中细菌多样性的研究中发现, 饶河、信江和赣江的基因型最为丰富、多样性最高, 而在营养成分最低的抚河底泥中条带数最少, 分析发现沉

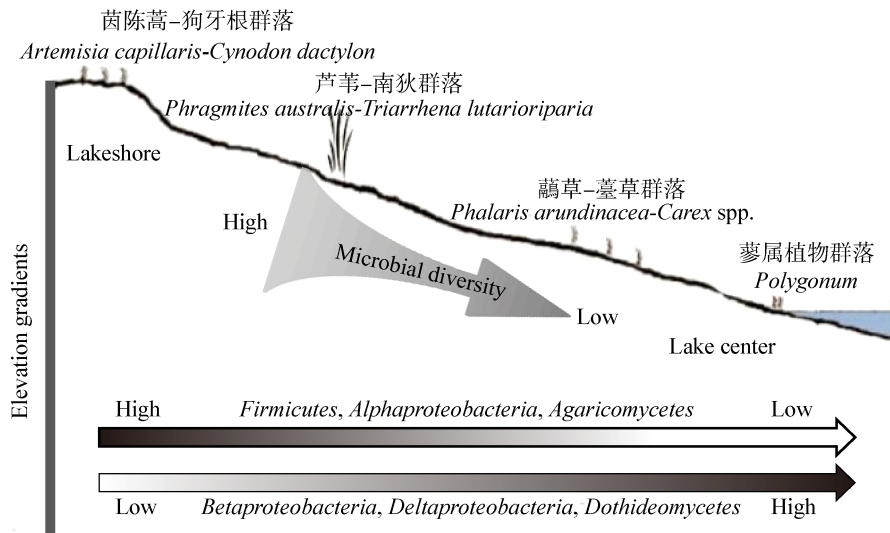


图 2 鄱阳湖洲滩湿地高程示意图  
**Figure 2 Elevation map of the littoral wetland in Poyang Lake**

积物中总磷、铜、铬和镉含量是影响鄱阳湖河口底栖细菌群落的关键因素<sup>[21,25]</sup>。Kou 和 Sheng 等通过对湖泊沉积物 16S rRNA 基因进行高通量测序分析也得到了类似的结论,发现氮磷营养盐含量越高、重金属富集得越多,底栖细菌群落多样性越高<sup>[23,28]</sup>。而通过对鄱阳湖底栖微生物和重金属相关性的分析发现,不同重金属元素对同种菌属的影响有着显著差异,部分拟杆菌和变形菌与锌的含量呈显著正相关,但与铬含量成负相关<sup>[29]</sup>。

沉积物中营养盐和重金属的富集不仅会影响细菌群落的多样性,同时还会显著影响细菌群落的组成和沉积物的生态功能。对入湖河口地区的研究发现,在污染较为严重的赣江、饶河、信江入湖河口处,酸杆菌门、硝化螺旋菌门和芽单胞菌(*Gemmatimonadetes*)的丰度较高;而在低营养盐的抚河和修河河口,放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门则具有较高的丰度<sup>[24-25,28]</sup>。此外,在磷污染较为严重的信江入湖河口区域发现了大量与磷积累有关的不动杆菌(*Acinetobacter*),在赣江入湖河口处发现了大量与反硝化有关的紫色杆菌(*Janthinobacterium*)<sup>[28]</sup>。除了河口地区,鄱阳湖主湖区内底栖微生物的群落组成和生物活性也受到人为干扰的显著影响。研究发现,受旅游扰动的东部湖区内含有较高丰度的 $\alpha$ -变形菌和硝化螺旋菌<sup>[24]</sup>;水产养殖区则存在着积极参与碳循环的 $\delta$ -变形菌<sup>[30]</sup>;而饶河口湖区由于受工业废水污染严重,沉积物中磷和重金属的富集导致疣微菌门和厚壁菌门丰度较高,细菌群落结构多样性增加,但沉积物对碳源的代谢利用能力较低<sup>[31]</sup>。

这些研究表明,由于人为干扰的影响,氮磷营养盐和重金属元素在沉积物中的富集对底栖微生物的群落组成和生物活性产生了显著影响(图 1)。其中以总磷为代表的有机质和以铜、锌、铬和镉等重金属的影响最为突出,表明鄱阳湖虽然是一个淡水通江湖泊,换水周期较短,但受人为干扰影响,营养盐和和重金属元素在鄱阳湖沉积物中的大量富集,对底栖微生物的群落结构和功能产生了较大

影响,严重威胁到了湖泊的生态安全。

鄱阳湖沉积物中,不仅生存着大量的底栖细菌,还生存着大量的真菌和古菌生物<sup>[32]</sup>,它们在湖泊物化循环中同样扮演着重要角色。王鹏等<sup>[33]</sup>在鄱阳湖各入湖河口沉积物的研究中发现,主要真菌菌群是子囊菌门(*Ascomycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)。其中壶菌门在赣江河口沉积物中丰度最高,陆生真菌担子菌门在抚河河口沉积物中具有较高的丰度;此外,沉积物中真菌的分布特征主要受有机碳含量的影响,并且真菌多样性并不受其他环境因子的显著影响,表明真菌具有较强的环境适应性,受氮磷营养盐和重金属污染的影响较小。

此外, Ma 等利用构建古菌 16S rRNA 基因克隆文库的方法研究发现,鄱阳湖沉积物中生存着大量的古菌,分属于广古菌门(*Euryarchaeota*)、泉古菌门(*Crenarchaeota*)和难以培养的奇古菌门(*Thaumarchaeota*),其中泉古菌门在修河入湖口和抚河入湖口最为丰富,广古菌门在主湖区丰度较高<sup>[34]</sup>。而通过分析发现,影响鄱阳湖古菌分布的主要地化因子是有机碳和铅,而铜作为重要的污染物,虽然在鄱阳湖沉积物中有大量富集,但对古菌的影响相对较小<sup>[29]</sup>。Sheng 等利用末端限制性片段长度多态性技术(T-RFLP)对鄱阳湖氨氧化古菌和细菌的研究中也得到了类似的结论,古菌对环境因子的敏感度要低于细菌<sup>[28]</sup>。然而目前有关鄱阳湖底栖真菌和古菌的研究相对较少,未来需要进一步对底栖真菌、古菌与地化因子之间的关系进行深入研究。

## 2 湿地土壤微生物对水位高程和围垦的响应

### 2.1 水位高程对自然洲滩湿地土壤微生物的影响

鄱阳湖因其季节性、高变幅的水位波动,形成了大面积的洲滩湿地。从常年淹水的区域到远离湖心的位置,在不同的水位高程上分布着大量的湿生植物(图 2)。近年来,由于各种因素的影响,使得鄱阳湖湖泊面积不断萎缩,植被带向湖心逐渐下

移, 湿地景观变化剧烈, 而这种变化势必会影响湖泊湿地土壤微生物的群落组成和生态功能。

李金前和王鹏等分别对蚌湖洲滩湿地土壤细菌的研究中发现, 位于各高程土壤优势菌群为变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门、硝化螺旋菌门和厚壁菌门<sup>[35-36]</sup>。其中, 厚壁菌门和  $\alpha$ -变形菌在远离湖心的洲滩湿地土壤中最为丰富, 而  $\beta$ -变形菌、 $\delta$ -变形菌和硝化螺旋菌门多分布在邻近湖心的湿地土壤中, 土壤细菌群落结构沿水位高程逐渐变化, 水分条件和空间距离越相近, 细菌群落组成越相近<sup>[37]</sup>。同样地, 对蚌湖洲滩湿地土壤真菌的研究发现, 主要菌群为子囊菌门和担子菌门, 其中以粪壳菌纲(*Sordariomycetes*)、伞菌纲(*Agaricomycetes*)和座囊菌纲(*Dothideomycetes*)最为丰富, 其中伞菌纲多分布在远离湖心的洲滩湿地土壤中, 而座囊菌纲在邻近湖心的洲滩中最为丰富; 与细菌类似, 真菌群落结构沿水位高程逐渐演替, 水位高程越接近, 真菌群落组成越相似<sup>[35,38]</sup>。

张广帅等通过分析不同水位高程下土壤微生物磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid, PLFA), 发现从湖岸到湖心, 微生物总 PLFA、细菌 PLFA 和放线菌 PLFA 逐渐升高, 而真菌 PLFA 比重逐渐降低, 同时发现越靠近湖心, 土壤微生物的环境压力越大, 群落多样性越低<sup>[39]</sup>。而造成鄱阳湖洲滩湿地微生物群落组成差异的原因是多方面的, 包括不同水文梯度(如土壤水分含量和海拔高度)、湿地植被等<sup>[38-40]</sup>。湿地土壤所处的水分条件不仅会影响微生物的群落组成, 还会改变土壤活性, 最终导致土壤环境发生改变<sup>[41]</sup>。此外, 研究还发现不同水位高程的土壤微生物活性有着显著差异, 越靠近湖心位置, 土壤微生物对碳源的代谢能力越弱, 并且相邻的湿地土壤微生物碳源代谢功能更为相近<sup>[42]</sup>。

总体而言, 自然湿地洲滩土壤微生物的群落结构和功能在不同水位高程呈现出一种规律性变化(图 2), 表明湖泊湿地退化、水位降低对土壤微生物的影响是渐进性的。

## 2.2 围垦和退耕对湿地土壤微生物的影响

鄱阳湖湖岸周边除了保存有大量的自然洲滩湿地, 还有围垦后作为农业用地的水稻田及退耕湿地。而这种土地利用方式的变化, 除直接改变地上植被的组成, 还会影响土壤内在的物化性质, 进而影响微生物的生态作用。与自然湿地相比, 湿地围垦后部分菌群的相对丰度出现了显著变化, 如在围垦湿地土壤中  $\delta$ -变形菌和硝化螺旋菌的丰度较低, 而疣微菌和  $\gamma$ -变形菌较为丰富<sup>[43]</sup>。此外, 研究发现, 自然湿地围垦后会显著降低土壤细菌群落的多样性, 而退耕还湖则会改善土壤细菌群落结构, 使其逐渐恢复到自然湿地的状况<sup>[44]</sup>。湿地围垦不仅会对土壤细菌群落结构产生影响, 对土壤真菌的影响也很大。余潮等利用变性梯度凝胶电泳(DGGE)方法对围垦湿地真菌微生物进行研究, 发现湿地围垦增加了真菌多样性<sup>[45]</sup>。然而黄莉利用同样的研究方法却发现湿地随着围垦时间的延长, 真菌的类群数逐渐降低<sup>[44]</sup>。总之, 目前有关鄱阳湖围垦湿地土壤真菌多样性的研究尚未得出统一的研究结果, 同时有关真菌群落组成的研究尚未见报道, 因而未来还需采用更可靠的研究方法进行相关探讨。

此外, 湿地围垦对土壤微生物活性也产生了显著影响, 随着围垦时间的延长, 土壤漆酶的活性出现了显著下降,  $\beta$ -葡萄糖苷酶、木聚糖酶、氨基葡萄糖苷酶、磷酸酶的活性则显著增强<sup>[44]</sup>。而在对土壤碳源利用能力的研究中发现, 围垦时间越长, 土壤功能活性越低, 尤其是糖类、羧酸类、氨基酸类碳源的代谢能力下降明显<sup>[43,46]</sup>。虽然湿地围垦对土壤功能活性的研究尚未得出统一的结论, 但对土壤酶活性和土壤碳源利用能力的研究均发现, 围垦湿地退耕后, 土壤功能活性相对于退耕前更接近于自然湿地, 表明围垦湿地退耕有利于恢复湿地的生态功能。研究人员通过对比湿地围垦土壤地化因子发现, 湿地围垦后, 由于人为耕种施撒肥料, 使得土壤碳、氮、磷等营养元素含量升

高,从而导致了土壤功能活性以及细菌和真菌群落结构的改变<sup>[44-46]</sup>。总而言之,湿地围垦能够显著改变土壤环境,进而显著影响微生物的群落结构和功能,而退耕有利于湿地恢复。

### 3 展望

鄱阳湖独特的水文特征和多样的湿地景观类型能够为相关研究提供理想的湖泊湿地模式样地。目前有关鄱阳湖湿地微生物的研究方法较为陈旧,主要采用以 PLFA 图谱分析法、Biolog 微量分析法为代表的生物化学方法和以 DGGE、T-RFLP、克隆文库、基因高通量测序等为代表的分子技术对湿地微生物进行研究;研究内容仍局限于湿地微生物和营养盐分布特征关系分析,有关鄱阳湖湿地微生物群落多样性的研究已经相当丰富,其分布规律及其形成机制逐渐为人们所认知,而有关微生物驱动湖泊主要元素循环的过程、机制及其环境调控机理的研究仍严重不足,这限制着人们对湖泊微生物群落的进一步认识。未来的研究面临着更多的选择和挑战:

(1) 在宏观尺度上,由于鄱阳湖的水下地形较缓,而季节性水位变化较大,形成多样的湿地亚类型,如深水域、潜水域、泥滩地、裸地、草本沼泽植被区和水生植被区等<sup>[47]</sup>。而湖泊水文环境和污染状况对不同的湿地类型有着不同的影响,未来需针对不同湿地类型科学地制定研究方案。结合地质学、生态学、物理、化学等学科构建湖泊微生物与动植物以及环境因子间的关系网,进一步提出或验证湖泊湿地微生物的生态学理论及假说,完善相关理论框架。

(2) 在微观尺度上,未来应积极应用宏基因组学、宏转录组学和宏蛋白组学等分子技术,深入分析在不同湖泊微环境中微生物做出的动态响应,明确微生物群落结构、代谢及功能间的关系,同时利用傅里叶变换核磁共振仪(Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometer, FT-ICR-MS)等精密仪器分析环境和微生物产物

中各有机组分之间的关联<sup>[48]</sup>,明确鄱阳湖不同覆盖类型下湿地微生物在物化循环中扮演的功能差异,建立鄱阳湖湿地微生物结构和代谢功能的基本框架。从微观分子(基因、转录子和有机化合物)层面深入并且多角度地揭示有机碳在鄱阳湖湿地的转化过程和调控机制,为进一步研究湿地系统的生态效应和服务功能、制定切实有效的湿地环境管理政策、减轻人类活动对湿地环境的损害和负面影响提供理论依据和技术支持。

此外,鄱阳湖作为我国华南地区一个重要的生态屏障,不仅接收上游工业、生活的污水,同时由于湖区内生活着众多候鸟,其携带的禽流感病毒能够依靠水体迅速扩散,目前已从水体中分离得到了多种禽流感病毒<sup>[49]</sup>。此外,鄱阳湖面临着病原菌扩散和水华暴发的新威胁,而微生物能够加速微囊藻的降解,缓解环境压力<sup>[50]</sup>。微生物作为判断湿地生态系统健康与否的一个关键生物指标,未来应挖掘培养更多的功能菌和指示菌,做好水体污染和病原菌扩散的预警工作。

### REFERENCES

- [1] Xu Y, Zhong YX, Feng XH, et al. Ecological risk pattern of Poyang Lake basin based on land use[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(23): 7850-7857 (in Chinese)  
徐羽, 钟业喜, 冯兴华, 等. 鄱阳湖流域土地利用生态风险格局[J]. *生态学报*, 2016, 36(23): 7850-7857
- [2] Xu XH, Lei S, Wang XX, et al. Underwater topography analysis of Poyang Lake by DEM[J]. *Yangtze River*, 2014, 45(21): 30-32,61 (in Chinese)  
许小华, 雷声, 王小笑, 等. 基于 DEM 的鄱阳湖水下地形分析[J]. *人民长江*, 2014, 45(21): 30-32,61
- [3] Sun FD, Zhao YY, Gong P, et al. Monitoring dynamic changes of global land cover types: fluctuations of major lakes in China every 8 days during 2000-2010[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2014, 59(2): 171-189 (in Chinese)  
孙芳蒂, 赵圆圆, 宫鹏, 等. 动态地表覆盖类型遥感监测: 中国主要湖泊面积 2000-2010 年间逐旬时间尺度消长[J]. *科学通报*, 2014, 59(4/5): 397-411
- [4] Deng XZ, Zhao YH, Wu F, et al. Analysis of the trade-off between economic growth and the reduction of nitrogen and phosphorus emissions in the Poyang Lake Watershed, China[J]. *Ecological Modelling*, 2011, 222(2): 330-336
- [5] Yuan GL, Liu C, Chen L, et al. Inputting history of heavy metals into the inland lake recorded in sediment profiles: Poyang Lake in

- China[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2011, 185(1): 336-345
- [6] Dou HS, Min Q. Impacts of reclamation on the flood regime in Poyang lake and countermeasures[J]. *Journal of Lake Sciences*, 1999, 11(1): 20-27 (in Chinese)  
窦鸿身, 闵騫. 围垦对鄱阳湖洪水位的影响及防治对策[J]. *湖泊科学*, 1999, 11(1): 20-27
- [7] Cai JY, Wu Q, Zhong XZ, et al. Soil organic carbon and total nitrogen in reclaimed paddy fields vary with reclamation duration in Poyang Lake region[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2016, 35(8): 2009-2013 (in Chinese)  
蔡家艳, 吴琴, 钟欣孜, 等. 鄱阳湖区不同围垦年限稻田土壤碳氮变化[J]. *生态学杂志*, 2016, 35(8): 2009-2013
- [8] Ji WT. *Poyang Lake — Topographic and Hydrographic Vegetation*[M]. Beijing: Science Press, 2017 (in Chinese)  
纪伟涛. 鄱阳湖——地形·水文·植被[M]. 北京: 科学出版社, 2017
- [9] Ou Y, Rousseau AN, Wang LX, et al. Identification of the alteration of riparian wetland on soil properties, enzyme activities and microbial communities following extreme flooding[J]. *Geoderma*, 2019, 337: 825-833
- [10] Moghimian N, Hosseini SM, Kooch Y, et al. Impacts of changes in land use/cover on soil microbial and enzyme activities[J]. *Catena*, 2017, 157: 407-414
- [11] Zhao DY, Cao XY, Huang R, et al. The heterogeneity of composition and assembly processes of the microbial community between different nutrient loading lake zones in Taihu Lake[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, 101(14): 5913-5923
- [12] Wang P, Chen B, Yuan RQ, et al. Characteristics of aquatic bacterial community and the influencing factors in an urban river[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 569/570: 382-389
- [13] Sheng P, Yu YZ, Tian XJ, et al. Bacterial diversities and compositions in seven different estuarine water columns of Poyang Lake[J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2016, 37(3): 606-612 (in Chinese)  
圣平, 于一尊, 田晓娟, 等. 鄱阳湖 7 个河口水体中细菌多样性和组成特征[J]. *农业现代化研究*, 2016, 37(3): 606-612
- [14] Qin X. Study on the microbial ecology of Poyang Lake based on next-generation sequencing[D]. Nanchang: Master's Thesis of Nanchang University, 2015 (in Chinese)  
秦焯. 基于高通量 DNA 测序的鄱阳湖微生物生态研究[D]. 南昌: 南昌大学硕士学位论文, 2015
- [15] Kong ZY, Kou WB, Ma YT, et al. Seasonal dynamics of the bacterioplankton community in a large, shallow, highly dynamic freshwater lake[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2018, 64(11): 786-797
- [16] Zhang ZH, Yu YZ, Huang JL, et al. Study on the amount of main physiological bacteria and its relation with environmental factors in Poyang Lake water[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, 24(6): 1037-1042 (in Chinese)  
张志红, 于一尊, 黄江丽, 等. 鄱阳湖湖区主要微生物生理群数量与环境因子关系研究[J]. *生态环境学报*, 2015, 24(6): 1037-1042
- [17] Ghylis TW, Garcia SL, Moya F, et al. Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the freshwater acI Actinobacteria lineage[J]. *The ISME Journal*, 2014, 8(12): 2503-2516
- [18] Pérez-Pantoja D, Donoso R, Agulló L, et al. Genomic analysis of the potential for aromatic compounds biodegradation in *Burkholderiales*[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(5): 1091-1117
- [19] Wu ZS, He H, Cai YJ, et al. Spatial distribution of chlorophyll *a* and its relationship with the environment during summer in Lake Poyang: a Yangtze-connected lake[J]. *Hydrobiologia*, 2014, 732(1): 61-70
- [20] Zhang J, Huang XL, Zhang T, et al. Effects of heavy metal pollution on microbial community and diversity in lake-river ecotone of Lake Poyang[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, 30(3): 640-649 (in Chinese)  
张建, 黄小兰, 张婷, 等. 鄱阳湖河湖交错带重金属污染对微生物群落与多样性的影响[J]. *湖泊科学*, 2018, 30(3): 640-649
- [21] Sheng P, Yu YZ, Wang DS, et al. Analysis of bacterial diversities in different estuarine sediments of Poyang Lake by PCR-DGGE[J]. *Jiangxi Science*, 2015, 33(3): 312-317,329 (in Chinese)  
圣平, 于一尊, 王东升, 等. 通过 PCR-DGGE 技术分析鄱阳湖不同河口底泥中微生物多样性[J]. *江西科学*, 2015, 33(3): 312-317,329
- [22] Wang P, Xiao HY, Zhang H, et al. Bacterial communities in the estuarine sediment of Poyang Lake[J]. *China Environmental Science*, 2018, 38(4): 1481-1489 (in Chinese)  
王鹏, 肖汉玉, 张华, 等. 鄱阳湖入湖河口沉积物细菌群落特征[J]. *中国环境科学*, 2018, 38(4): 1481-1489
- [23] Kou WB, Zhang J, Lu XX, et al. Identification of bacterial communities in sediments of Poyang Lake, the largest freshwater lake in China[J]. *SpringerPlus*, 2016, 5: 401
- [24] Jin X, Ma YT, Kong ZY, et al. The variation of sediment bacterial community in response to anthropogenic disturbances of Poyang Lake, China[J]. *Wetlands*, 2017. DOI: 10.1007/s13157-017-0909-1
- [25] Yu C, Zhang J, Wu L, et al. Effects of heavy metal and nutrients on benthic microbial communities in freshwater sediment of Poyang Lake (China)[J]. *Journal of Residuals Science and Technology*, 2015, 12(2): 105-111
- [26] Krepski ST, Hanson TE, Chan CS. Isolation and characterization of a novel biomineral stalk-forming iron-oxidizing bacterium from a circumneutral groundwater seep[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(7): 1671-1680
- [27] Jin X, Kou WB, Yu HT, et al. Environmental factors influencing the spatial distribution of sediment bacterial community structure and function in Poyang Lake[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2017, 30(4): 529-536 (in Chinese)  
金笑, 寇文伯, 于昊天, 等. 鄱阳湖不同区域沉积物细菌群落结构、功能变化及其与环境因子的关系[J]. *环境科学研究*, 2017, 30(4): 529-536
- [28] Sheng P, Yu YZ, Zhang GH, et al. Bacterial diversity and distribution in seven different estuarine sediments of Poyang Lake, China[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2016, 75(6): 479



- [29] Ni CY, Horton DJ, Rui JP, et al. High concentrations of bioavailable heavy metals impact freshwater sediment microbial communities[J]. *Annals of Microbiology*, 2016, 66(3): 1003-1012
- [30] Rodionov DA, Dubchak I, Arkin A, et al. Reconstruction of regulatory and metabolic pathways in metal-reducing  $\delta$ -proteobacteria[J]. *Genome Biology*, 2004, 5(11): R90
- [31] Wang AY, Chen J, Crowley DE. Changes in metabolic and structural diversity of a soil bacterial community in response to cadmium toxicity[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2004, 39(6): 452-456
- [32] Huang XL, Hu BQ, Wang P, et al. Microbial diversity in lake-river ecotone of Poyang Lake, China[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2016, 75(11): 965
- [33] Wang P, Xiao HY, Yuan RQ, et al. Fungal community in the estuarine sediment of Poyang Lake[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2018, 38(5): 1949-1956 (in Chinese)  
王鹏, 肖汉玉, 袁瑞强, 等. 鄱阳湖入湖河口沉积物真菌群落结构[J]. *环境科学学报*, 2018, 38(5): 1949-1956
- [34] Ma YT, Liu FP, Kong ZY, et al. The distribution pattern of sediment archaea community of the Poyang Lake, the largest freshwater lake in China[J]. *Archaea*, 2016, 2016: 9278929
- [35] Li JQ. Different water level elevation of Poyang Lake wetland soil microbial community structure and function change research — a case study in Banghu Lake[D]. Nanchang: Master's Thesis of Nanchang University, 2016 (in Chinese)  
李金前. 鄱阳湖湿地不同水位高程土壤微生物群落结构及功能变化研究——以蚌湖为例[D]. 南昌: 南昌大学硕士学位论文, 2016
- [36] Wang P, Chen B, Zhang H. High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(5): 1650-1658 (in Chinese)  
王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. *生态学报*, 2017, 37(5): 1650-1658
- [37] Jin Q. Characteristics of soil microbial community in the Poyang Lake wetland and its response to environmental change[D]. Nanchang: Master's Thesis of Jiangxi Normal University, 2017 (in Chinese)  
金奇. 鄱阳湖典型湿地土壤微生物群落特征及对环境变化的响应研究[D]. 南昌: 江西师范大学硕士学位论文, 2017
- [38] Ma YT, Li JQ, Wu J, et al. Bacterial and fungal community composition and functional activity associated with lake wetland water level gradients[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 760
- [39] Zhang GS, Yu XB, Zhang QJ, et al. Variation in the distribution of soil microbial community structure along ground water level gradients in the Poyang Lake Wetland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(11): 3825-3837 (in Chinese)  
张广帅, 于秀波, 张全军, 等. 鄱阳湖湿地土壤微生物群落结构沿地下水位梯度分异特征[J]. *生态学报*, 2018, 38(11): 3825-3837
- [40] Fu H, Lou Q, Dai TT, et al. Hydrological gradients and functional diversity of plants drive ecosystem processes in Poyang Lake wetland[J]. *Ecohydrology*, 2018, 11(4): e1950
- [41] Liu YJ, Cai RF, Li YJ, et al. Functional response of wetland soil microbial carbon source metabolic activity to different water conditions — a case of Lake Poyang[J]. *Soils*, 2018, 50(4): 705-711 (in Chinese)  
刘亚军, 蔡润发, 李贻璟, 等. 湿地土壤微生物碳源代谢活性对不同水分条件的动态响应——以鄱阳湖为例[J]. *土壤*, 2018, 50(4): 705-711
- [42] Li JQ, Wang J, Liu YJ, et al. Effect of water level elevation on soil microbial metabolic function of wetlands — a case study of Bang Lake[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2017, 26(5): 730-737 (in Chinese)  
李金前, 王吉, 刘亚军, 等. 水位高程变化对湿地土壤微生物代谢功能的影响研究——以蚌湖为例[J]. *长江流域资源与环境*, 2017, 26(5): 730-737
- [43] Huang LL, Kou WB, Wu L, et al. Microbial composition and activity of natural, restored, and reclaimed wetland soils: a case study of Poyang Lake Basin, China[J]. *Wetlands*, 2018. DOI: 10.1007/s13157-018-1020-y
- [44] Huang L. The responses of microbe to the different reclamation periods and land-use patterns of Poyang Lake wetland[D]. Nanchang: Master's Thesis of Jiangxi Normal University, 2013 (in Chinese)  
黄莉. 微生物对鄱阳湖湿地不同围垦时间及土地利用类型的响应[D]. 南昌: 江西师范大学硕士学位论文, 2013
- [45] Yu C, Zhang J, Hu W, et al. Soil fungal diversity after reclamation in the river and beach of Poyang Lake[J]. *Wetland Science*, 2015, 13(3): 291-298 (in Chinese)  
余潮, 张杰, 胡维, 等. 鄱阳湖水域和洲滩围垦后土壤的真菌多样性[J]. *湿地科学*, 2015, 13(3): 291-298
- [46] Zhang J, Hu W, Liu YZ, et al. Response of soil microbial functional diversity to different land-use types in wetland of Poyang Lake, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(4): 965-971 (in Chinese)  
张杰, 胡维, 刘以珍, 等. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2015, 35(4): 965-971
- [47] You HL, Fan HX, Xu LG, et al. Effects of water regime on spring wetland landscape evolution in Poyang Lake between 2000 and 2010[J]. *Water*, 2017, 9(7): 467
- [48] Poretsky RS, Sun SL, Mou XZ, et al. Transporter genes expressed by coastal bacterioplankton in response to dissolved organic carbon[J]. *Environmental Microbiology*, 2010, 12(3): 616-627
- [49] Sun SY, Yang CH, Shi L, et al. Investigation on avian influenza infection of poultry and wild migratory birds in Poyang Lake area[J]. *Jiangxi Journal of Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2016(4): 17-19 (in Chinese)  
孙思扬, 杨春华, 石磊, 等. 鄱阳湖区家禽及野生候鸟禽流感感染情况的调查[J]. *江西畜牧兽医杂志*, 2016(4): 17-19
- [50] Krishnan A, Zhang YQ, Mou XZ. Isolation and characterization of microcystin-degrading bacteria from Lake Erie[J]. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2018, 101(5): 617-623