



研究报告

鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落空间分布

黄小兰^{*1} 简正军² 叶长盛¹ 贾伟³

1 东华理工大学地球科学学院 江西 南昌 330013

2 江西师范大学地理与环境学院 江西 南昌 330022

3 山东碧沃丰生态环境有限公司 山东 泰安 271000

摘要:【背景】界面微生物群落组成研究日益成为微生态系统的研究热点之一。【目的】探究鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落空间分布。【方法】选取鄱阳湖河湖交错带的典型采样点 11 个, 现场采集水样, 进行理化指标分析。运用扩增子测序获得了上述样品的 16S rRNA 基因序列数据。根据多样性指数和丰富度指数计算比较 11 个采样点样品的微生物群落多样性和丰富度。根据 β 多样性距离矩阵, 利用相似度树状图对细菌群落进行聚类分析, 研究鄱阳湖河湖交错带微生物分布差异。基于冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)研究理化因子与微生物群落分布之间的关系。【结果】鄱阳湖河湖交错带水体为中性或微酸性水质、总氮含量在 V 类标准以上、总磷含量在 II、III、IV 类标准间波动。鄱阳湖河湖交错带水体细菌优势种组成大体相似, 只是其相对丰度有所区别, 其中门级微生物群落优势类群为: 变形菌门(*Proteobacteria*, 36.18%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 22.18%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.06%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 8.87%)和蓝细菌门(*Cyanobacteria*, 4.43%)。水体中变形菌门以 γ -变形菌为优势菌群, 以 β -变形菌为次优势菌群; 属分类水平上, 相对丰度最高的是放线菌门(*Actinobacteria*)的其他属类(11.4%)。乐安河(R9 采样点)与鄱阳湖长江交汇处(H11 采样点)的细菌 α 多样性指数较高, 万家桥(N2 采样点)、赣江鄱阳湖交汇处(W6 采样点)和瑶湖(Y10 采样点)的 α 多样性指数最低。从细菌群落组成看: 鄱阳湖大湖池保护区(W7 采样点)、乐安河(R9 采样点)和鄱阳湖长江交汇处(H11 采样点)群落组成相似, 其余 8 个采样点群落组成相似。pH 值($P=0.735\ 2$)、总氮($P=0.761\ 4$)和总磷($P=0.612\ 8$)是影响微生物群落分布的主要环境因子。【结论】鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落空间分布差异较为明显, 其空间地理差异叠加人类活动的扰动, 影响了植被、水文、富营养化程度等, 从而导致水体理化指标的差异, 进而影响细菌群落的组成, 水体理化指标相似的区域细菌群落组成也相似。水体富营养化严重的区域细菌多样性低。该研究有助于深层次了解鄱阳湖河湖交错的生态系统结构和功能, 可为鄱阳湖水环境治理和生态保护提供相应的技术支持, 对维持鄱阳湖生态平衡有着重要的意义。

关键词: 鄱阳湖, 河湖交错带, 枯水期, 细菌群落, 空间分布

Foundation items: National Natural Science Foundation of China (42061041, 41561002); Doctoral Research Fund of East China University of Technology (DHBK2019404)

***Corresponding author:** E-mail: huangxiaolanlan@163.com

Received: 24-08-2020; **Accepted:** 24-09-2020; **Published online:** 09-12-2020

基金项目: 国家自然科学基金(42061041, 41561002); 东华理工大学博士科研启动基金(DHBK2019404)

***通信作者:** E-mail: huangxiaolanlan@163.com

收稿日期: 2020-08-24; **接受日期:** 2020-09-24; **网络首发日期:** 2020-12-09

Spatial distribution of bacterial community in river-lake ecotone of Poyang lake during dry season

HUANG Xiaolan^{*1} JIAN Zhengjun² YE Changsheng¹ JIA Wei³

1 School of Geosciences, East China University of Technology, Nanchang, Jiangxi 330013, China

2 School of Geography and Environment, Jiangxi Normal University, Nanchang, Jiangxi 330022, China

3 Shandong Bio-Form Ecological Environment Co. Ltd., Tai'an, Shandong 271000, China

Abstract: [Background] The microbial community composition at the interface has become one of the research hotspots in the field of microecosystem. [Objective] The objective of the study is to explore the spatial distribution of bacterial community river-lake ecotone of Poyang lake during dry season. [Methods] Eleven typical sampling points in the Poyang lake river-lake ecotone were selected to collect water samples for analyzing physical and chemical indicators. The 16S rRNA gene sequence data of the above samples were obtained by PCR. The diversity and richness of microbial communities were calculated and compared of 11 sampling sites. According to the Beta diversity distance matrix, the similarity tree diagram was used to cluster the samples to explore the microbial distribution in the Poyang lake river-lake ecotone. The relationship between physical and chemical factors and microbial community distribution was studied based on redundancy analysis (RDA). [Results] The Poyang lake river-lake ecotone water was slightly acidic, and TN content exceeded standard V, and the content of TP fluctuated between the standards of II, III and IV. The composition of dominant species of bacteria in the interlaced zone of Poyang lake is roughly similar except the difference of relative abundance. Microbial community structure at phylum level was *Proteobacteria* (36.18%), *Firmicutes* (22.18%), *Bacteroidetes* (17.06%) and *Actinobacteria* (8.87%). The *Proteobacteria* in the water was dominated by γ -*Proteobacteria*, and the β -*Proteobacteria* was the sub-dominant flora. At the genus level, other genera of *Actinobacteria* had the highest relative abundance (11.4%). The microbial diversity index (Ace, Chao1, Shannon and Simpson) of Le'an River (R9) and confluence zone of Poyang lake and Yangtze river (H11) was higher than others, Wanjia bridge (N2), confluence zone of Poyang lake and Ganjiang river (W6) and Yaohu lake (Y10) microorganisms has the lowest diversity index. The composition of microbial community was divided into two categories. The composition of Poyang lake Dahuchi reserve (W7), Le'an river (R9) and confluence zone of Poyang lake and Yangtze river (H11) were similar, and the composition of the other 8 samples was similar. The main environmental factors affecting the distribution of microbial communities were pH ($P=0.735\ 2$), TN ($P=0.761\ 4$) and TP ($P=0.612\ 8$). [Conclusion] The spatial distribution of bacterial communities in the river-lake ecotone of Poyang Lake in the dry season was obviously different. The spatial and geographical differences superimposed on the disturbance of human activities affected vegetation, hydrology, eutrophication degree, etc., thus causing differences in physical and chemical indicators of water, and then affecting the composition of bacterial communities, the composition of bacterial community was similar in areas with similar physical and chemical indexes. The bacterial diversity was low in the area with serious eutrophication. The study is helpful to understand the structure and function of Poyang lake ecosystem, provide technical support for water environment management and ecological protection of Poyang lake, and of great significance to maintain the ecological balance of Poyang lake.

Keywords: Poyang lake, river-lake ecotone, dry season, microbial community, spatial distribution

细菌是有机化合物的主要分解者,可以调节水体环境,实现水质净化,细菌群落组成受环境因子的影响,也响应环境变化调整结构,研究界面微生物的资源分布、群落特征对于维护生态系统的平衡

与健康发展有着重要的意义。随着分子微生物学及相关基因组技术的逐渐成熟,使人们更加了解微生物的微观世界,细菌群落组成与环境因子的相互影响研究正成为热门研究之一,但大多数研究都集中

在海洋、湖泊或河流等单一类型的水生生态系统。如巴丹吉林沙漠湖^[1]、赣江南昌段^[2]、集雨窖^[3]等。与单一的河流或湖泊生态系统相比,河湖交错带环境复杂多样^[4],河湖交错带界面水体存在着大量可降解有机物的细菌,对植物残体的降解等具有重要作用,保证了河湖交错带生态系统中物质和能量循环的正常进行,河湖交错带是极其重要的水质净化区和污染缓冲带^[5]。汪祖茂等^[6]对贡湖湾河湖交错带进行底泥和水体理化因子的采样调查,对比研究发现贡湖湾水陆交错带退圩还湖后,随着植被自然恢复时间的延长,水体中磷的含量在逐步降低,而未淹水区和淹水区底泥中总磷的浓度均呈增加的变化趋势。吴林川等^[7]以广西省桂林市潜经村漓江水陆交错带为研究区域,对硝态氮淋失规律进行了模拟研究,发现轻度淹没带对硝态氮的截流效果最佳。但是针对河湖交错带水体理化分析与微生物空间分布差异的研究却很少。

鄱阳湖是长江中下游流域标志性的大型通江湖泊,其中的微生物极易受到水环境的影响,其水环境效应在鄱阳湖生态系统中发挥着重要的作用。目前,针对鄱阳湖流域的水环境研究主要集中于氮、磷的时空分布^[8]、非点源污染负荷^[9]、土地利用方式对水质的影响^[10]和重金属的分布^[11]等方面,而针对鄱阳湖水体微生物方面的研究则主要有:吴兰等^[12]对鄱阳湖水体细菌群落组成及遗传多样性的研究;寇文伯等^[13]以松门山为例对鄱阳湖水体微生物群落组成进行了探讨,所涉及区域均限于鄱阳湖湖区。然而,鄱阳湖属“洪水一片,枯水一线”的季节性变化湖泊,其微生物群落组成也随之变化明显^[14],枯水期阶段径流量较小,不利于水体污染物的稀释、扩散和降解,可反映群落分布与水体理化性质间的关系^[15]。因此,本文在前人研究的基础上,针对鄱阳湖河湖交错带的不同空间进行水体采样分析,通过实测理化指标与分子生物学方法,研究鄱阳湖河湖交错带枯水期水体理化性质与微生物群落分布的相互影响,以期对界面微生态系统的健康发展、鄱阳湖流域水资源利

用、水环境整治等提供基础资料和科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

鄱阳湖位于长江中下游地区的江西省,亚热带季风性湿润气候,流域内上承赣江、抚河、信江、饶河、修河五大水系,下由湖口向北注入长江,其复杂的水情关系形成了独特的河湖交错带生态系统。本研究选择鄱阳湖与饶河、瑶湖及赣江交错处设置 11 个采样点在枯水期采样,前者为鄱阳湖主湖区(N1、N2、N3、N4)及入汇河口 W5 (赣江修河交汇处),W6 (赣江鄱阳湖交汇处),W7 (鄱阳湖大湖池保护区),R9 (乐安河入湖处),H11 (鄱阳湖长江交汇处),主要受农业活动影响;后者为处于城市边缘的湖泊(瑶湖 Y10)和河流(赣江下游 G8),主要受城市居民生活污染。这些采样点既代表不同的污染源,也可代表不同的江河入湖处,据此探讨不同空间环境变化下微生物的分布差异。

1.2 主要试剂和仪器

E.Z.N.A.[®] DNA Kit, 安诺伦(北京)生物科技有限公司;蛋白胨、琼脂粉,广东环凯微生物科技有限公司。双稳定恒压恒流电泳仪,北京六一生物科技有限公司;全温振荡培养箱,哈尔滨东联电子技术开发有限公司;PCR 仪,山东莱恩德智能科技有限公司;高速冷冻离心机,爱来宝(济南)医疗科技有限公司;分光光度计,南京菲勒仪器有限公司。

1.3 方法

1.3.1 样品采集

在枯水期(2018 年 12 月–2019 年 1 月)采集典型样点表层水(表 1),每个样点用无菌聚乙烯瓶按微生物采样标准取水样 2 L,实验室经 0.85 μm 和 0.45 μm 滤膜两级过滤后将 0.45 μm 滤膜放入消毒后的冷冻存管中,–80 $^{\circ}\text{C}$ 以下冻存。现场用 pH 和水温探头测定水样 pH 值与水温,总氮(Total Nitrogen, TN)与总磷(Total Phosphorus, TP)的测定分别使用凯氏定氮法和钼酸铵分光光度法^[16]。

表 1 采集地点及水样理化值
Table 1 Sampling location and the physicochemical value of water samples

样品编号 Sample No.	总氮 TN (mg/L)	总磷 TP (mg/L)	温度 Temperature (°C)	pH	纬度(°N) Latitude	经度(°E) Longitude	位置 Position
N1	2.23	0.105	12	6.45	28.541 26	116.191 52	矶山 Jishan
N2	3.17	0.105	13	6.63	28.562 43	116.211 47	万家桥 Wanjia bridge
N3	2.57	0.044	11	6.79	28.544 67	116.164 81	常湖 Changhu lake
N4	2.82	0.116	13	6.92	28.542 50	116.152 90	南矶大桥 Nanji Bridge
W5	2.75	0.074	13	7.03	29.112 23	116.005 04	赣江修河交汇处 Confluence zone of Ganjiang and Xiuhe
W6	3.02	0.082	12	6.53	29.111 23	116.005 39	赣江鄱阳湖交汇处 Confluence zone of Poyang lake and Ganjiang river
W7	3.65	0.090	11	6.62	29.054 63	115.570 77	鄱阳湖大湖池保护区 Poyang lake Dahuchi reserve
G8	3.22	0.101	12	6.74	28.434 42	115.591 11	赣江下游 Lower reaches of Ganjiang river
R9	3.82	0.200	11	6.68	28.581 41	116.414 19	乐安河 Le'an river
Y10	4.42	0.218	10	6.87	28.403 98	116.022 23	瑶湖 Yaohu lake
H11	2.92	0.203	9	7.05	29.443 15	116.124 28	鄱阳湖长江交汇处 Confluence zone of Poyang lake and Yangtze river

1.3.2 DNA 提取及高通量测序

使用 E.Z.N.A.[®] DNA Kit 提取各个样点采集的水样样品的微生物基因组 DNA，采用 1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的 DNA。使用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') PCR 扩增 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区。PCR 反应体系：Premix Taq Enzyme 25 μL；引物 338F 和 806R (10 μmol/L)各 1 μL，模板 DNA 2-3 μL，ddH₂O 补足 50 μL。PCR 反应条件：94 °C 4 min；94 °C 45 s，52-55 °C 45 s，72 °C 1 min，循环 30 次；72 °C 10 min。PCR 产物由上海美吉生物医药科技有限公司进行测序。

1.3.3 统计方法

利用 Mothur V1.43.0 软件对样品的原始 DNA 序列进行质控过滤，去除嵌合体，将序列相似度≥97%的序列归类为同一分类操作单元(Operational Taxonomic Unit, OTU)；基于 R 软件计算 Ace、Chao1、

Shannon、Simpson 指数来研究细菌群落的多样性和物种丰富度；利用 Excel 软件分析门、属分类水平上的微生物群落组成；使用 QIIME 软件进行层次聚类分析和 Canoco 软件的冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)研究环境因子与微生物群落间的关系。

2 结果与分析

2.1 理化指标分析

鄱阳湖河湖交错带枯水期采样点水质理化指标测定结果如表 1 所示，水温在 9-13 °C 之间，水体 pH 值在 6.45-7.05 之间，水质以中性微酸为主，仅有两河河口交汇处的赣江修河交汇处(W5)和鄱阳湖长江交汇处(H11)为中性弱碱性。各样点中 TN 含量介于 2.23-4.42 mg/L 的范围之间，其中瑶湖(Y10)最高，鄱阳湖主湖区的矶山点最低。各样点中 TP 含量介于 0.044-0.203 mg/L 的范围之间，瑶湖含量最高，而鄱阳湖主湖区中的常湖(N3)含量最低，

根据《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002)^[17], 水样点的 TN 含量超出国家 V 类标准(≤ 2.0 mg/L), TP 的含量在 II 类-IV 类标准(≤ 0.1 mg/L, ≤ 0.2 mg/L, ≤ 0.3 mg/L)之间波动。根据江西省环境监测中心站^[18]近 10 年对鄱阳湖环湖河流 10 个断面 TN、TP 浓度变化的监测数据, TN 的含量呈上升趋势, TP 的含量在 II 类-III 类之间波动, 与本研究检测到的数据反映情况基本一致。其中瑶湖(Y10)因地处南昌市区, 居民生活污水排入瑶湖, 使其成为水体 TN 与 TP 含量较高的区域。

2.2 微生物多样性分析

所有样品测序结果共得到 351 830 条 Tags, 平均序列长度为 445.49 bp, 文库的覆盖率(Coverage)范围均在 99.7%以上, 样品结果可以代表鄱阳湖河湖交错带水体细菌群落的真实情况。拼接的 Tags 经过优化后, 在 0.97 相似度^[19-20]下将其聚类为用于物种分类的 OTU, 11 个样品共产生 3 618 个 OTU。在 0.97 的相似度下, 得到了每个样品的 OTU 个数。其中 R9 (442)、H11 (410)、W7 (381)的 OTU 数量较多, N2 (232)、W6 (249)、Y10 (319)较少。Ace 指数和 Chao1 指数反映样品中群落的丰富度, Chao1 指数或 Ace 指数越大, 说明群落丰富度越高。表 2 中 Ace 指数最高的样点为 W5, 其次为 R9、H11、G8、W7; Chao1 指数最高的样点为 R9, 其次为 H11、W5, W7。2 个指数算法不同, 但所表现出的样品中群落丰富度的趋势相似。Shannon 指数与 Simpson 指数均反映 α 多样性的指数, Shannon 值越大, 说明微生物多样性越高; Simpson 指数值越大, 说明微生物多样性分布更均匀。根据表 2 数据, Chao1 指数和 Ace 指数都是 R9 (509, 503)和 H11 (470, 472)较高, N2 (353, 424)、W6 (320, 340)和 Y10 (414, 403)较低, 这说明 R9、H11 的细菌丰富度相对较高, N2、W6 和 Y10 的细菌丰富度较低。而 R9 和 H11 的 Simpson 指数最低, N2、W6 和 Y10 的 Simpson 指数最高, 结果均反映交汇口处的细菌群落较为丰富, 而鄱阳湖湖区、瑶湖及赣江丰富度相对较小, 体现出空间分布差异。

表 2 细菌群落的多样性和丰富度

Table 2 Diversity and richness of bacterial community

Sample name	Ace index	Chao1 index	Shannon index	Simpson index
N1	364	355	3.28	0.121 6
N2	424	353	2.12	0.224 7
N3	357	361	2.91	0.145 6
N4	402	400	2.39	0.213 9
W5	509	454	2.45	0.198 4
W6	340	320	2.19	0.224 1
W7	430	435	3.94	0.066 9
G8	440	430	2.67	0.180 3
R9	503	509	3.92	0.067 5
Y10	403	414	2.69	0.165 9
H11	472	470	3.89	0.064 7

2.3 细菌群落组成

按 OTU 占比 5%以上的同类微生物确定为优势种群^[4]。根据测序结果绘制鄱阳湖河湖交错带 11 个样本在门分类水平上的微生物物种相对丰度柱状图, 从图 1 可以看出, 鄱阳湖河湖交错带水体微生物群落在门分类水平上优势物种的组成大致相同, 由变形菌门(*Proteobacteria*, 36.18%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 22.18%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.06%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 8.87%)和蓝细菌门(*Cyanobacteria*, 4.43%)等几大主要优势物种组成, 只是各采样点的细菌相对丰富度有所区别。

将检测结果与团队成员的前期研究^[14]进行比较, 前期研究同样以鄱阳湖与饶河交错处、瑶湖与赣江交错处为主, 共设置了 12 个采样点, 按采样点位置可分为鄱阳湖主湖区(hx13)、入汇河口(hx11)、瑶湖(hu1)和赣江(he2), 与本文设置的采样点大体上一致。前期研究^[14]表明各采样点以变形菌门(*Proteobacteria*, 43.74%)为主要优势微生物, 其次是拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.61%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 14.02%)、酸杆菌门(*Acidobacteria*, 6.09%)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*, 5.64%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 1.16%)。在微生物属水平上则以 HgcI_clade、红球菌属(*Rhodococcus*)、*Candidatus* *Planktophil*、红育菌属(*Rhodoferrax*)、黄质菌属

(*Flavobacterium*)、詹森菌属(*Janthinobacterium*)、*Limnohabitans*、*Polynucleobacter*、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)、Marine_group、食酸菌属(*Acidovorax*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、梭菌属(*Fusobacterium*)和聚球藻属(*Synechococcus*)等为优势菌。本研究也得出丰度占比最高的优势微生物种群是变形菌,但是厚壁菌的相对丰度却达到了 22.18%,成为第二大优势微生物种群。厚壁菌门与人类活动密切相关,在农业、工业等领域有着重要应用价值,包括降解土壤中难溶化合物、防治植物病虫害、处理工业废水等,也是各种工业酶及重要代谢产物的优良生产菌株^[21]。因此,厚壁菌比例增加的原因极大可能与近年来鄱阳湖河湖交错带人类活动扰动较大有关。

本次检测中放线菌与蓝细菌在 N1、N3、W7、G8、R9、Y10 和 H11 分布较多,在 N2、N4、W5 和 W6 分布较少。其中 W7 分布最多, N3 和 Y10 其次; W5 分布数量最少,仅占总体的 0.01%。蓝

细菌门的增加也反映出一定问题,在前期的研究结果中蓝细菌占比不足 1%,但此次采样结果却显示蓝细菌的丰度达到了 4.43%。其主要原因与水体中营养物质的变化有关, TN、TP 含量的上升使水体富营养化,导致蓝细菌的大量繁殖。

图 2 为细菌群落的属水平分类,主要由以下细菌属组成: HgcI_clade、*Cyanobacteria_norank*、CL500-29_marine_group、红球菌属(*Rhodococcus*)、*Candidatus_Planktophila*、*Sporichthyaceae_norank*、红育菌属(*Rhodoferrax*)、黄质菌属(*Flavobacterium*)、詹森菌属(*Janthinobacterium*)、*Comamonadaceae_unclassified*、*Limnohabitans*、*Polynucleobacter*、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)、Marine_group、食酸菌属(*Acidovorax*)、*Albidiferax*和聚球藻属(*Synechococcus*)等。其中相对丰度最大的细菌属仍为放线菌门下的 HgcI_clade,归类于其他属,约占所有细菌属的 11.4%,而且在位于 N3 的常湖样点中相对丰度最高,达到 23.5%,

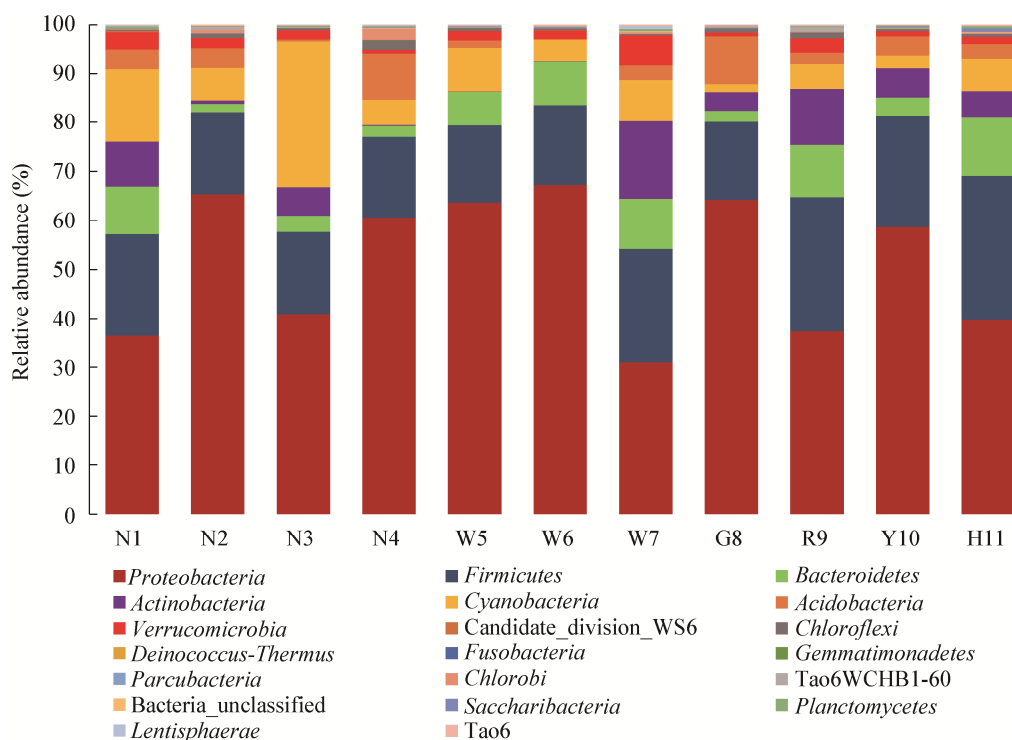


图 1 门级微生物群落结构

Figure 1 Microbial community structure at phylum level

是该采样点最具优势的细菌类群,这主要是因为常湖在洪水期为湖却在枯水期为湿地,所以枯水期的细菌群落与土壤微生物性质更为接近;*Cyanobacteria_norank* 为相对丰度第二大的细菌属(9.4%),在瑶湖样点 Y10 中相对丰度最高,达到 24.9%,是该采样点最具优势的细菌类群,但位于鄱阳湖长江交汇处的 H11,其 *Cyanobacteria_norank* 相对丰度仅为 0.75%,即瑶湖样点中 *Cyanobacteria_norank* 的细菌数量是其

33.2 倍^[22], *Cyanobacteria_norank* 在氮、磷丰富的水中生长繁殖旺盛,可作为水体富营养化的指示生物^[2]。此外,在本次检测结果中鄱阳湖河湖交错带水体变形菌门中以 γ -变形菌占据优势菌群(57.60%),仅在 W7、R9 和 H11 这 3 处样点以 β -变形菌为优势菌群,但 γ -变形菌仍为次优势菌群,远远高于同样点的 α -变形菌,而 α -变形菌除矾山样点(N1)外其余样点所占比例均低于 20%,其余变形菌属所占比例较少。

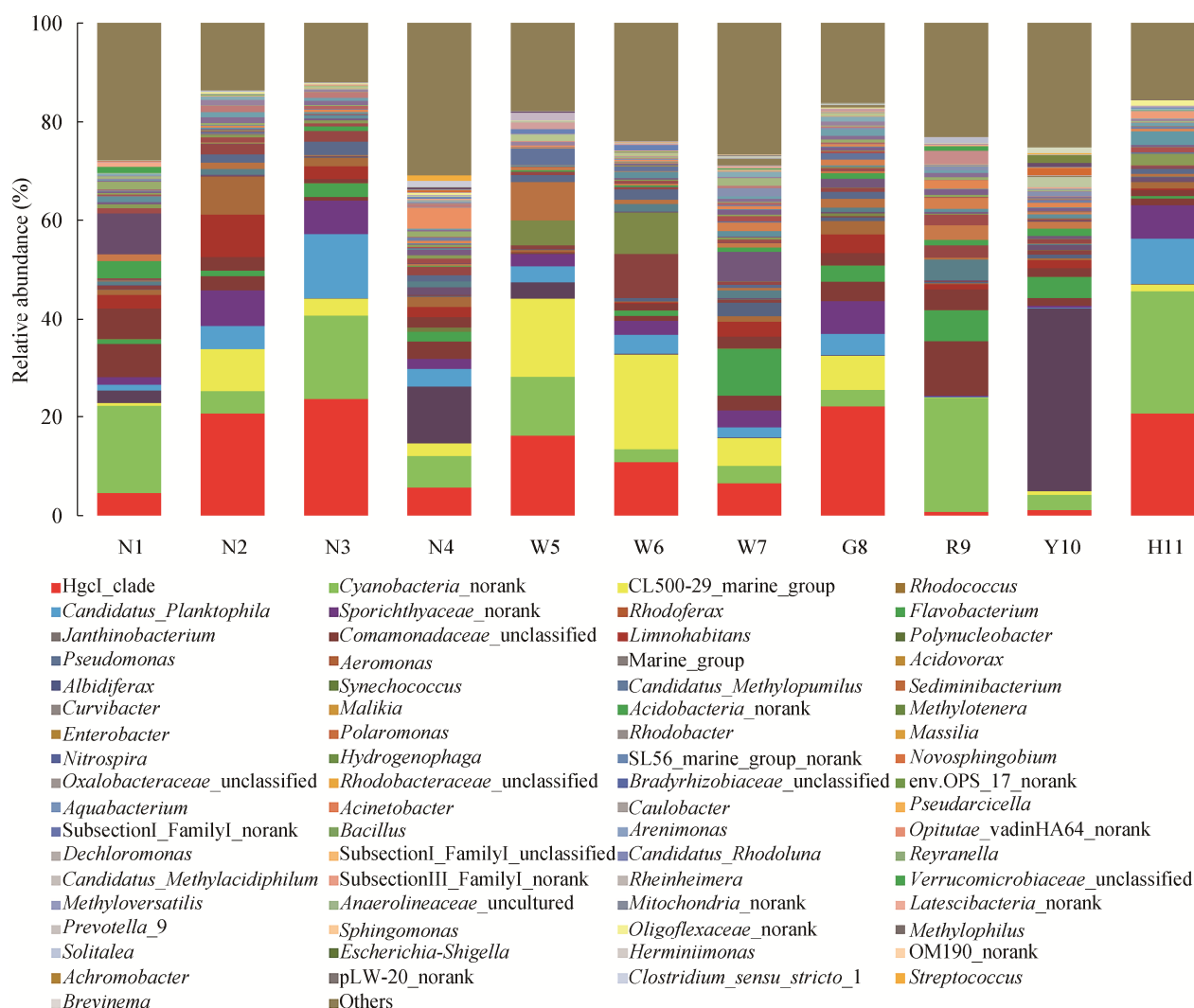


图 2 属级微生物群落结构

Figure 2 Microbial community structure at genus level

2.3.1 β 多样性

通过 QIIME 软件计算 β 多样性距离矩阵, 根据 β 多样性距离矩阵进行层次聚类 (Hierarchical Clustering) 分析, 使用非加权组平均法 (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean, UPGMA) 构建树状结构^[23], 用于比较样品间的物种群落差异。通过对样品分析结果的聚类, 将具有 β 多样性相似的样品聚类在一起, 反映了样品间的相似性。从图 3 可以看出, 根据细菌群落组成为两大部分, 可以看出样点间聚类关系并不以地理位置为主导。同为河口交汇处, 鄱阳湖大湖池保护区 (W7) 与乐安河 (R9) 关系接近, 并与鄱阳湖长江交汇处水样 (H11) 有一定关联, 而这 3 者的共同点包括 OTU 数量相对其他样点较多, 厚壁菌门占各自样点比重较小, 而且变形菌门中以 β -变形菌为优势菌群。瑶湖 (Y10) 与鄱阳湖区的常湖 (N3) 的聚类关系密切, 这两者的细菌群落组成中厚壁菌门的比例相近, 但常湖水中拟杆菌门的比例高于瑶湖水, 而瑶湖水体中蓝细菌门的比例高于常湖水; 万家桥 (N2) 与赣江鄱阳湖交汇处 (W6) 聚类关系密切, 两者共同点包括 OTU 数量相对其他样点较少, 且微生物群落主要以厚壁菌门和变形菌门为主, 而主湖区的矾山水样 (N1) 在层次聚类中呈单独一支, 其物种群落与其他样点差异较大。

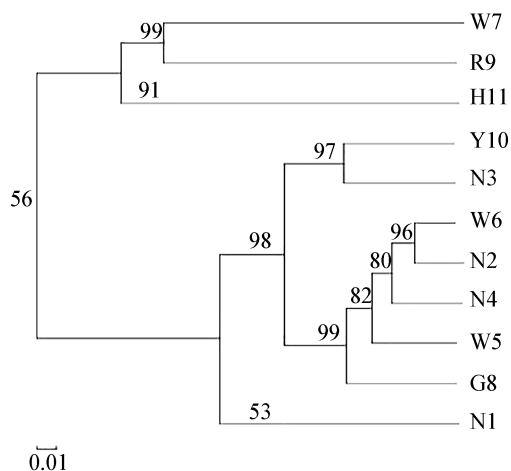


图 3 细菌群落聚类分析

Figure 3 Cluster analysis of bacterial community

2.3.2 冗余分析

湖泊微生物群落结构与环境因子之间存在着密切的联系, 本文选取了 TN、TP、水温 (T) 与 pH 值作为环境变量, OTU 数据作为物种变量, 先利用 Canoco 4.5 软件对物种丰度相对较高的细菌门与环境因子之间进行 Detrended Correspondence Analysis (DCA) 判断, 结果显示第 1 轴梯度值为 0.313, 第 2 轴为 0.293, 第 3 轴为 0.250, 第 4 轴为 0.116, 4 个轴中梯度最大值为 0.313 (<3.0), 因此, 用冗余分析 (RDA) 表示物种与环境因子之间的关系, 在 RDA 分析结果中, 环境因子箭头连线的长短代表该环境因子对物种数据的解释量, 箭头越长解释量越大, 箭头连线之间的夹角表示相关性, 锐角表示正相关、钝角表示负相关 (图 4)。从图 4 中可以看出, 变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 与 pH 值、总磷之间有较强的正相关性; 放线菌 (*Actinobacteria*)、蓝藻菌门 (*Cyanobacteria*) 和疣微菌门 (*Verrucomicrobia*) 等与 TN 呈正相关; 厚壁菌门 (*Firmicutes*) 与温度呈正相关。整体来看, pH 值 ($P=0.735\ 2$)、TN ($P=0.761\ 4$) 和 TP ($P=0.612\ 8$) 是影响鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落组成的主要环境因子, 温度 ($P=0.471\ 2$) 对其影响较小。

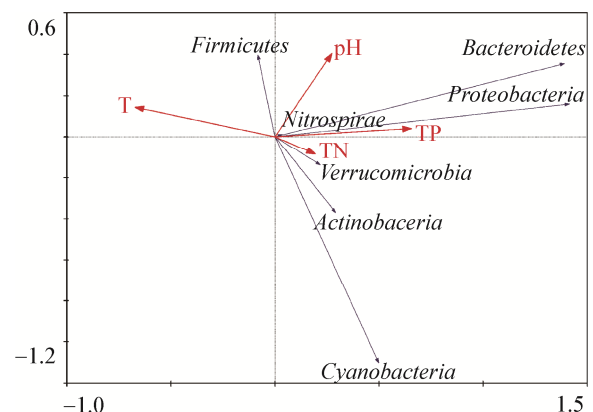


图 4 冗余分析

Figure 4 Redundancy analysis

3 讨论

本研究通过扩增子测序发现鄱阳湖河湖交错带枯水期水体具有丰富的微生物群落分布,优势微生物群落主要由变形菌门(*Proteobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和放线菌门(*Actinobacteria*)等几大主要优势物种构成。研究发现,在空间差异方面,W7、R9和H11这3个采样点之间的地理位置相隔较远(图1),W7位于赣江与鄱阳湖的交汇处,R9位于乐安河信江交汇处,H11位于鄱阳湖与长江的交汇处,这3个采样点水文条件与其他8个样本点相比更为相似,均位于不同河流与鄱阳湖交汇的下游地区,人类活动密集,水中TN和TP含量较高,所以群落组成相似且物种丰富度也高于其他8个样点。一方面体现了空间距离和理化性质不同会影响水体微生物群落组成,另一方面也显示理化指标对细菌群落组成分布的影响大于空间距离对细菌群落组成的影响。研究结果与国内许多学者的研究结果类似,例如:任丽娟等^[24]发现湖泊水体存在21种典型的淡水细菌门类,其主要门类是变形菌门、蓝细菌门、拟杆菌门、放线菌门和疣微菌门;刘兰英等^[25]发现福州左海湖细菌群落的最优势菌群是 γ -*Proteobacteria*,变形菌作为细菌中最大的主体,在河流、湖泊、河湖交错带区都是优势物种。位光山等^[26]发现河海交汇处和近陆处的微生物群落组成差异明显;谌志强等^[27]发现珠江下游具有相似的微生物群落组成和较高的生物多样性。

影响鄱阳湖河湖交错带枯水期水体微生物空间分布差异的主要水环境因子是pH值、TN和TP含量。水样在本次检测中水质呈中性微酸,相较于一般大型浅水湖泊^[28]而言,水体pH值偏低且TN、TP浓度较高,其原因可能与枯水期水位偏低有关。一方面河滩外露导致部分沉积物中的营养物质释放^[29-30]进入水体,加之低温和低水位也在一定程度上削减了微生物对水体的净化作用,在水体净化作用的削弱下,人类活动对鄱阳湖的干扰性可能会增

强,进而也会影响鄱阳湖河湖交错带水体微生物群落的变化。Xia等^[31]发现影响细菌群落特征的主要影响因子为pH值、DOC和含沙量。本文测定鄱阳湖河湖交错带枯水期水体pH值在6.45–7.05之间,而大多数细菌、藻类、原核生物的最适合pH值范围在6.5–7.6之间,本研究11个采样点的水体pH值也均在6.5–7.6之间。庞兴红等^[32]发现TN的含量与细菌丰度具有较好的正相关关系,不同湖区营养盐水平与浮游细菌群落多样性之间也存在显著的正相关关系。张志红等^[33]将鄱阳湖湖区作为研究对象,通过相关性分析认为温度和TN是湿季和干季水体中微生物分布差异的影响因素。吕明姬等^[34]通过16S rRNA基因末端限制性片段长度多态性分析滇池的细菌群落结构,结果显示:氨氮、TN和TP对浮游细菌的分布影响最大,其次是pH和温度。鄱阳湖河湖交错带TN和TP含量的上升,水中营养物质升高使某些类群的微生物如蓝细菌大量繁殖,数据表明鄱阳湖河湖交错带蓝细菌丰度较前期有了明显的上升。任南琪等^[35]认为大量生态位彼此交叉的种群处于优势时,一个类群数量的改变会由另一类群来弥补,生态系统才能更加稳定,更加有效地抵御外来干扰的冲击,即生物多样性高的生态系统更加稳定。位于江西省会城市南昌市的瑶湖(Y10)人类活动密集,水中TN和TP的含量极高,其中总氮的含量远超国家V类标准,水体富营养化较为严重,水体中蓝细菌大量繁殖压缩了其他细菌的生存空间,导致该地区细菌群落多样性较低。冯胜等^[36]的研究表明太湖富营养化湖区的微生物多样性也较低。Zhu等^[37]探讨整个太湖地区细菌群落的时空变化及其与驱动环境因子之间的关系,在太湖4个季节中均发现了以放线杆菌和扁平杆菌为主的优势菌群;结合环境因子分析发现,浮游植物、温度和氮是影响细菌群落演替的主要因素,不同季节的细菌群落形成因素不同。在生态系统中各种理化因子之间的关系复杂,影响微生物群落分布的不是单一因子,而是多个因子的共同影响。随着人类活动的增强如城市化扩张等都会导致水环境的复

杂变化, 进而引起微生物群落组成分布差异。

4 结论

(1) 鄱阳湖河湖交错带细菌群落组成在门分类水平主要为变形菌门(*Proteobacteria*, 36.18%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 22.18%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.06%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 8.87%)和蓝细菌门(*Cyanobacteria*, 4.43%)。变形菌门以 γ -变形菌为优势菌群, β -变形菌为次优势菌群; 属分类水平上, 相对丰度最高的是放线菌门(*Actinobacteria*)下的其他属, 约占全部细菌属比例的 11.4%, 其次, 蓝细菌门(*Cyanobacteria*)下的 *Cyanobacteria_norank* 为相对丰度第二大的细菌属(9.4%)。

(2) 鄱阳湖河湖交错带枯水期水体的细菌组成在空间上有明显差异, 大致可分为两类: 一类为鄱阳湖大湖池保护区(W7)、乐安河(R9)、鄱阳湖长江交汇处(H11), 这 3 处采样点的细菌群落组成相似; 另一类为文中其余 8 个采样点, 其细菌群落组成相似, 受水环境变化的影响, 样点间细菌群落组成并不完全按地理位置聚成一类, 而是与水体理化性质有较大的相关性, 而且理化性质相似区域的细菌群落组成也大致相似。受水文条件、TN 和 TP 含量及相关人类活动的影响, 河湖交汇口处的细菌多样性高于鄱阳湖主湖区、瑶湖及赣江。

(3) 影响微生物群落组成的环境因素众多, 不同的微生物种群对环境因子的响应有所差异, 总体上, pH 值($P=0.735\ 2$)、TN ($P=0.761\ 4$)和 TP ($P=0.612\ 8$)是影响鄱阳湖河湖交错带表层水体微生物群落组成的主要环境因子, 温度($P=0.471\ 2$)对其影响相对较小。

REFERENCES

- [1] Li L, Hao CB, Wang LH, Pei LX. Microbial diversity of salt lakes in Badain Jaran desert[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2015, 55(4): 412-424 (in Chinese)
李璐, 郝春博, 王丽华, 裴理鑫. 巴丹吉林沙漠盐湖微生物多样性[J]. *微生物学报*, 2015, 55(4): 412-424
- [2] Wang P, Chen B, Li CQ, Li Y. Bacterial communities in Nanchang section of the Ganjiang river in wet season[J]. *China Environmental Science*, 2016, 36(8): 2453-2462 (in Chinese)
王鹏, 陈波, 李传琼, 李燕. 赣江南昌段丰水期细菌群落特征[J]. *中国环境科学*, 2016, 36(8): 2453-2462
- [3] Yang H, Zhang GZ, Yang XN, Wu FP, Zhao W, Zhang HW, Zhang X. Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(4): 1704-1716 (in Chinese)
杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 武福平, 赵炜, 张洪伟, 张翔. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. *环境科学*, 2017, 38(4): 1704-1716
- [4] Huang XL, Hu BQ, Wang P, Chen XL, Xu B. Microbial diversity in lake-river ecotone of Poyang lake, China[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2016, 75(11): 965
- [5] Braga RM, Dourado MN, Araújo WL. Microbial interactions: ecology in a molecular perspective[J]. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2016, 47(1): 86-98
- [6] Wang ZM, Jiang LJ, Lu SY, Qu JT, Xu QJ, Hu XZ. Study of current situation of phosphorus pollution of land water ecotone in Gonghu Bay[J]. *Environmental Science and Technology*, 2013, 36(S2): 47-51 (in Chinese)
汪祖茂, 蒋丽佳, 卢少勇, 曲洁婷, 许秋瑾, 胡小贞. 贡湖湾水陆交错带中磷污染现状研究[J]. *环境科学与技术*, 2013, 36(S2): 47-51
- [7] Wu LC, Wang DM, Lu Y, Ren Y, Huang D. Simulation study on NO_3^- -N leaching law in aquatic-terrestrial ecotone of Lijiang river[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2016, 30(1): 20-25 (in Chinese)
吴林川, 王冬梅, 卢洋, 任远, 黄端. 漓江水陆交错带硝态氮淋失规律的模拟研究[J]. *水土保持学报*, 2016, 30(1): 20-25
- [8] Wang P, Chen DD, Chen B. The distribution characters and pollution sources of nitrogen and phosphorus nutrients in Ganjiang river[J]. *Journal of Jiangxi Normal University (Natural Science Edition)*, 2015, 39(4): 435-440 (in Chinese)
王鹏, 陈多多, 陈波. 赣江水体氮磷营养盐分布特征与污染来源[J]. *江西师范大学学报: 自然科学版*, 2015, 39(4): 435-440
- [9] Xu LK, Wang QJ, Xiang SL, Zou GL. On impact of non-point source pollution in Ganjiang downstream[J]. *Journal of East China Jiaotong University*, 2012, 29(1): 48-53 (in Chinese)
徐刘凯, 王全金, 向速林, 邹国林. 赣江下游地区各类非点源污染源的影响研究[J]. *华东交通大学学报*, 2012, 29(1): 48-53
- [10] Wang P, Qi SH, Yuan RQ. Investigation of the impacts of land use on inorganic nitrogen in the Ganjiang river[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, 35(3): 826-835 (in Chinese)

- Chinese)
王鹏, 齐述华, 袁瑞强. 赣江流域土地利用方式对无机氮的影响[J]. 环境科学学报, 2015, 35(3): 826-835
- [11] Zhang J, Huang XL, Zhang T, Guo QP. 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, 郭秋平. 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
- [12] Wu L, Ge G, Gong SJ, Zhu GF, Wan JB. Genetic diversity and composition of bacterial community in water of Poyang lake[J]. Research of Environmental Sciences, 2009, 22(10): 1145-1149 (in Chinese)
吴兰, 葛刚, 龚世杰, 朱国锋, 万金宝. 鄱阳湖水体细菌群落组成及遗传多样性[J]. 环境科学研究, 2009, 22(10): 1145-1149
- [13] Kou WB, Huang ZY, Zhang J, Liu QC, Liu FP, Liu YZ, Wu L. Bacterial community structure and composition in lake Poyang: a case study in the Songmenshan Region, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(23): 7608-7614 (in Chinese)
寇文伯, 黄正云, 张杰, 刘倩纯, 刘芳鹏, 刘以珍, 吴兰. 鄱阳湖湖泊细菌群落组成及结构: 以松门山为例[J]. 生态学报, 2015, 35(23): 7608-7614
- [14] Yue TX, Nixdorf E, Zhou CZ, Xu B, Zhao N, Fan ZW, Huang XL, Chen C, Kolditz O. Chinese Water Systems Volume 3: Poyang lake Basin[M]. Cham: Springer, 2019: 169-181
- [15] Chen ZJ, Ding CY, Zhu JY, Li B, Huang J, Du ZM, Wang Y, Li YY. Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou reservoir[J]. China Environmental Science, 2017, 37(1): 336-344 (in Chinese)
陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 李冰, 黄进, 杜宗明, 王亚, 李玉英. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. 中国环境科学, 2017, 37(1): 336-344
- [16] Guo QP. Study on microbial community structure in lake-river ecotone of Poyang lake[D]. Nanchang: Master's Thesis of Jiangxi Normal University, 2017 (in Chinese)
郭秋平. 鄱阳湖河湖交错带丰水期微生物群落特征研究[D]. 南昌: 江西师范大学硕士学位论文, 2017
- [17] Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China, General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China. GB 3838-2002 Environmental quality standards for surface water[S]. Beijing: China Environmental Science Press, 2002 (in Chinese)
国家环境保护总局, 国家质量监督检验检疫总局. GB 3838-2002 地表水环境质量标准[S]. 北京: 中国环境科学出版社, 2002
- [18] Hu ZS, Luo Y. Variation trend of total phosphorus and total nitrogen concentration in rivers around Poyang lake[J]. Jiangxi Chemical Industry, 2017(3): 101-102 (in Chinese)
胡正生, 罗勇. 鄱阳湖环湖河流总磷总氮浓度变化趋势分析[J]. 江西化工, 2017(3): 101-102
- [19] Edgar RC. Updating the 97% identity threshold for 16S ribosomal RNA OTUs[J]. Bioinformatics, 2018, 34(14): 2371-2375
- [20] Li J. Effects of *Bacillus subtilis* antimicrobial activity on growth performance and rumen environment in Holstein cows[D]. Tai'an: Master's Thesis of Shandong Agricultural University, 2019 (in Chinese)
李靖. 枯草芽孢杆菌对荷斯坦育成牛生长性能和瘤胃微生物区系的影响[D]. 泰安: 山东农业大学硕士学位论文, 2019
- [21] Song ZQ, Wang L, Liu XH, Liang F. Diversities of *Firmicutes* in four hot springs in Yunnan and Tibet[J]. Biotechnology, 2015, 25(5): 481-486, 436 (in Chinese)
宋兆齐, 王莉, 刘秀花, 梁峰. 云南和西藏四处热泉中的厚壁菌门多样性[J]. 生物技术, 2015, 25(5): 481-486, 436
- [22] Zhang T. Study on the characteristics of water microbial community in lake-river ecotone of Poyang lake[D]. Nanchang: Master's Thesis of Jiangxi Normal University, 2018 (in Chinese)
张婷. 鄱阳湖河湖交错带水体微生物群落特征研究[D]. 南昌: 江西师范大学硕士学位论文, 2018
- [23] Avershina E, Frisli T, Rudi K. *De novo* semi-alignment of 16S rRNA gene sequences for deep phylogenetic characterization of next generation sequencing data[J]. Microbes and Environments, 2013, 28(2): 211-216
- [24] Ren LJ, He D, Xing P, Wang YJ, Wu QL. Bacterial diversity and ecological function in lake water bodies[J]. Biodiversity Science, 2013, 21(4): 421-432 (in Chinese)
任丽娟, 何聘, 邢鹏, 王毓菁, 吴庆龙. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展[J]. 生物多样性, 2013, 21(4): 421-432
- [25] Liu LY, Lv X, Li W, Chen LH, Li YR, Lin BJ. Relationship between bacterial community and its environmental in Zuohai lake, China[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2015, 55(9): 1177-1189 (in Chinese)
刘兰英, 吕新, 李巍, 陈丽华, 李玥仁, 林碧娇. 福州左海湖细菌群落与环境的关系[J]. 微生物学报, 2015, 55(9): 1177-1189
- [26] Wei GS, Zhang JW, Li MC, Gao Z. The diversity and distribution pattern of bacterial community in the water of Yellow river estuary[J]. Biotechnology Bulletin, 2017, 33(10): 199-208 (in Chinese)
位光山, 张嘉伟, 李明聪, 高峥. 黄河入海口水体细菌群

- 落多样性及分布特征[J]. 生物技术通报, 2017, 33(10): 199-208
- [27] Shen ZQ, Wang XW, Jin M, Chen ZL, Qiu ZG, Wang JF, Zhang B, Li YQ, Yin J, Yang ZW, et al. Investigation and analysis on microbial indicators in Pearl river[J]. Journal of Environment and Health, 2012, 29(10): 913-916 (in Chinese)
- 湛志强, 王新为, 金敏, 陈照立, 邱志刚, 王景峰, 张斌, 李昀桥, 尹静, 杨忠委, 等. 珠江水域微生物的分布特征[J]. 环境与健康杂志, 2012, 29(10): 913-916
- [28] Qin BQ, Fan CX. Exploration of conceptual model of nutrient release from inner source in large shallow lake[J]. China Environmental Science, 2002, 22(2): 150-153 (in Chinese)
- 秦伯强, 范成新. 大型浅水湖泊内源营养盐释放的概念性模式探讨[J]. 中国环境科学, 2002, 22(2): 150-153
- [29] Liu QC, Hu W, Ge G, Xiong Y, Lai JH, Wu L. Contents of nutrients and heavy metals in the Poyang lake during dry season[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2012, 21(10): 1230-1235 (in Chinese)
- 刘倩纯, 胡维, 葛刚, 熊勇, 赖劲虎, 吴兰. 鄱阳湖枯水期水体营养浓度及重金属含量分布研究[J]. 长江流域资源与环境, 2012, 21(10): 1230-1235
- [30] Dai GF, Zhang W, Peng NY, Lou Q, Zhong JY. Study on distribution of N and P pollutants and risk of cyanobacteria bloom in Poyang lake and waters around the lake during drought periods[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2015, 24(5): 838-844 (in Chinese)
- 戴国飞, 张伟, 彭宁彦, 楼倩, 钟家有. 枯水期鄱阳湖及其滨湖水体氮磷等污染物分布与藻华风险研究[J]. 生态环境学报, 2015, 24(5): 838-844
- [31] Xia N, Xia XH, Liu T, Hu LJ, Zhu BT, Zhang XT, Dong JW. Characteristics of bacterial community in the water and surface sediment of the Yellow river, China, the largest turbid river in the world[J]. Journal of Soils and Sediments, 2014, 14(11): 1894-1904
- [32] Pang XH, Lü LY, Niu Y, Shen H, Yuan XG, Chen WJ, Chen J, Xie P. The spatial pattern of bacterioplankton community composition in Lake Taihu in summer[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2014, 38(2): 335-341 (in Chinese)
- 庞兴红, 吕丽媛, 牛远, 沈宏, 袁希功, 陈文捷, 陈隽, 谢平. 太湖夏季浮游细菌群落多样性的空间格局[J]. 水生生物学报, 2014, 38(2): 335-341
- [33] Zhang ZH, Yu YZ, Huang JL, Zhang GH, Tan YJ, Zheng GH, Tu ZX, Chen YW. 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, 张国华, 谭胤静, 郑国华, 涂祖新, 陈宇炜. 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
- [34] Lü MJ, Wang J, Fan Z, Huang Y. The spatial variations of bacterioplankton community composition in lake Dianchi and their relation to environmental factors[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2011, 31(2): 299-306 (in Chinese)
- 吕明姬, 汪杰, 范铮, 黄艺. 滇池浮游细菌群落组成的空间分布特征及其与环境因子的关系[J]. 环境科学学报, 2011, 31(2): 299-306
- [35] Ren NQ, Ma F, Yang JX, et al. Pollution Control Microbiology[M]. Harbin: Harbin Institute of Technology Press, 2002: 56-73 (in Chinese)
- 任南琪, 马方, 杨基先, 等. 污染控制微生物学[M]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学出版社, 2002: 56-73
- [36] Feng S, Qin BQ, Gao G. Response of bacterial communities to eutrophic water in lake Taihu[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2007, 27(11): 1823-1829 (in Chinese)
- 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
- [37] Zhu CM, Zhang JY, Nawaz MZ, Mahboob S, Al-Ghanim KA, Khan IA, Lu ZH, Chen T. Seasonal succession and spatial distribution of bacterial community structure in a eutrophic freshwater lake, lake Taihu[J]. Science of the Total Environment, 2019, 669: 29-40