

三峡库区中段水体微生物群落结构与 环境因子相关性研究

秦宇 郑望 张曦 蒋成勇¹

(重庆交通大学 水利水运工程教育部重点实验室, 重庆 400074)

【摘要】: 为研究三峡库区中段水体微生物多样性的变化以及群落结构与环境理化性质的相关性, 以三峡库区涪陵、忠县、万州为研究区域, 分别于 2018 年高水位期(1、3 月)和低水位期(5、7、9 月)进行采样分析, 结合水质分析及 16SrRNA 高通量测序分析, 对中段水体 3 个点位的微生物多样性进行研究, 并对不同时期的微生物群落结构与环境因子进行相关分析。结果发现:三峡库区中段水体微生物多样性表现为库区中段上游涪陵高于中下游忠县和万州。经群落组成分析得出, 库区中段水体微生物的优势菌门无差异, 主要优势菌群为 *Proteobacteria* (80.50%~21.51%)、*Actinobacteria* (32.60%~9.98%)、*Bacteroidetes* (6.89%~3.50%)、*Cyanobacteria* (9.65%~0.08%) 等。微生物群落结构组成存在显著的时间变化性, *Actinobacteria*、*Firmicutes*、*Planctomycetes* 与 *Cyanobacteria* 等菌门的相对丰度在库区高水位期高于低水位期, 而最优势菌门 *Proteobacteria* 的相对丰度在高水位期低于低水位期。冗余分析表明总氮、溶解氧、水位是影响三峡水库中段水体微生物群落结构的主要环境因子。

【关键词】: 微生物多样性 环境因子 冗余分析 三峡库区 群落结构

【中图分类号】: X52 **【文献标识码】:** A **【文章编号】:** 1004-8227(2021)05-1184-10

三峡水库自 2010 年稳定运行以来, 每年 10 月下旬蓄水至 175m 设计水位, 其干流回水末端直达重庆, 长江沿岸支流河口以上形成了长达数千米的回水区^[1]。与世界上其他水库遵循的夏涨冬落蓄水方式不同, 三峡水库采取夏落冬涨的反季节蓄水方式^[2]。由于大坝拦截作用, 三峡库区河流的水文条件发生了巨大变化^[3], 对水库长江干流及支流水生态系统、水生生物群落产生了显著影响^[4]。

微生物是生态系统中的分解者, 在生态环境的物质循环、能量流通过程中充当着极其重要的角色^[5]。微生物自身的组成和结构会造成其群落代谢功能的差异, 这种差异将会对环境生态系统产生不同的作用^[6]。目前对水体微生物的研究越来越受到国内外学者的关注, 水体微生物与淡水生态系统的功能作用以及人类的身体健康息息相关^[7], 三峡库区是一种特殊的淡水水库生态系统, 研究该区域的微生物多样性及群落组成可以进一步了解水库环境变化对水体微生物的影响以及水库微生物发挥的生物地球化学循环作用^[8]。但是现有关三峡库区的研究多集中于三峡库区水体理化性质的研究^[9], 而很少对微生物结构和功能多样性方面进行研究。而且考虑到河流水体和沉积物中微生物群落的变化越来越受到人类活动影响^[10], 因此, 对三峡库区微生物群落结构变化的研究有利于对库区水质进行更准确的评估。本文以重庆涪陵、忠县、万州为研究区域, 通过分析区域内微生物多样性的变化特征以及微生物群落组成和环境因子之间的相关性, 评估三峡库区中段水体水生态系统微生物多样性以及环境因子的影响, 从而为研究三峡库区水陆环境的变化提供理论依据。

¹**作者简介:** 秦宇(1981~), 女, 副教授, 主要研究方向为水生态治理。E-mail:qinyu54001163.com

基金项目: 国家自然科学基金项目(51609026); 重庆市教委科学技术研究项目(KJ1500506); 重庆市基础科学与前沿技术研究项目(cstc2017jcyjAX0280); 重庆市研究生科研创新基金项目(CYS19246)

1 材料与amp;方法

1.1 研究区域概况

本研究三峡库区中段水体三个采样点分别位于重庆境内的涪陵(FL)、忠县(ZX)、万州(WZ)。涪陵区(N29° 48' 00" , E107° 27' 00")位于重庆市中部、三峡库区腹地,处长江、乌江交汇处,该河段长约 86km,多年平均流量约为 1.12 万 m³/s。忠县(N30° 24' 57.63" , E108° 12' 40.86")位于长江上游地区、重庆市中部,该河段长约 88km,多年平均流量约为 1.24 万 m³/s,属典型的丘陵地貌,其消落带岸线长、面积大,消落带原生植被已被破坏,水土流失、土层侵蚀崩塌现象严重^[11]。万州区(N30° 46' 26.66" , E108° 24' 46.74")位于长江上游地区、重庆东北部,处三峡库区腹心,该河段长约 84.3km,多年平均流量约为 1.37 万 m³/s。采样点分布位置如图 1 所示。



图 1 三峡库区中段水体采样点分布

1.2 样地设置和样品采集

采样点位均处于三峡水库中的变动回水区,在汛后三峡水库蓄水至 175m 正常蓄水位时(11~5 月),该区段水面开阔,水深增加,流速较缓,但在汛期水库水位降低至 145m 水位时(5~11 月),该区段又恢复到天然河道状态。本研究分别于 2018 年 1、3 月(高水位期,163~173m)和 5、7、9 月(低水位期,151~156m)进行野外取样调查,水位来自长江水利委员会水文局的监测数据,选取坡度较缓、坡向一致、接受光照强度大致相同的区域,并避免田埂、沟边以及堆肥料地等特殊地理位置,利用采水器在采样点处采集水深 30m 左右的中层水体水样。

水样分为两部分,其中一部分水样经由 0.22 μm 聚醚砜滤膜(水系 PES)抽滤后冰冻寄送至上海美吉生物医药科技有限公司用作于微生物多样性分析,而另一部分水样则低温保存在采样器内的顶空瓶中用于其他理化性质的测定。

1.3 环境理化性质的测定

采用 YSI 63 型 pH 仪(YSI, USA)对 pH 值现场测定;采用 YSI ProODO 溶解氧仪(YSI, USA)对溶解氧(Dissolved oxygen, DO)浓度现场测定。其余理化指标测定方法参见《水和废水监测分析方法》(第四版)^[12]:采用纳氏试剂光度法测定氨氮(Ammonium nitrogen, NH₄⁺-N);采用紫外分光光度法测定硝态氮(Nitrate nitrogen, NO₃⁻-N);采用碱性过硫酸钾消解法测定总氮(Total nitrogen, TN);总有机碳(Total organic carbon, TOC)浓度采用总有机碳分析仪(Shimadzu TOC-VCN, Japan)测定。

1.4 样品 DNA 提取及高通量测序

水中采集得到的所有样品通过 0.22 μm 聚醚砜滤膜(水系 PES)进行真空抽滤,把微生物富集到滤膜上,将滤膜在 -80°C 条件下送往上海美吉生物医药科技有限公司进行后续生物测序。在生物公司内使用 MPbio FastDNA 试剂盒提取 DNA 方法提取基因组 DNA,以样品 DNA 为模板,采用引物 515F/806R 对细菌的 16SrRNA 基因的 V4 高变区片段进行扩增,引物序列^[13]为 barcode-GT-515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')与 barcode-806R (5'-GGACTAVHVG GTTCTAAT-3')。PCR 反应参数如下:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30s,52 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1.5min,共 35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10min。PCR 扩增产物用 2%的琼脂糖凝胶电泳进行检测。利用生物公司的 MiSeqPE300 测序仪(Illumina Inc,USA)完成高通量测序。

1.5 数据分析方法

原始数据在 Excel2016 中进行标准化处理。利用 SPSS 软件对不同采样点位的环境因子进行单因素方差分析(One-way ANOVA),显著性水平设置为 $P<0.05$ ^[14]。采用软件 Mothur 计算各样品的群落多样性指数^[15],运用 T 检验(Student's ttest)对微生物多样性指数进行组间差异显著性检验,运用非度量多维尺度分析(NMDS)基于 OTU 水平研究微生物群落组成的相似性或差异性,运用克氏秩和检验(Kruskal-Wallis H test)比较一个变量多组样本组中的数据分布是否存在显著性差异。结合微生物群落与环境因子应用 CANOCO 软件完成冗余分析(RDA)^[16]。用 Origin2018 软件制图。

2 结果与分析

2.1 环境因子分析

影响水体理化性质的因素有很多,其中包括了动物、植物、微生物等生物因素和温度、气候、地貌等非生物因素,水环境理化性质的变化对微生物的类型和功能会产生或大或小的影响^[17]。对不同采样点位的环境因子进行单因素方差分析后发现不同空间位置的环境因子差异未达到显著性水平($P>0.05$)。TOC 反映有机质的总量^[18],涪陵的 TOC 均值较大于忠县和万州,涪陵与万州波动不大,忠县变化明显,总体波动范围介于 0.287~2.609mg/L 之间。实验测得 3 个采样点的 TN 浓度均值基本一致,总体波动范围在 0.45~4.81mg/L 之间; NO_3^- -N 浓度 3 个点位差异不大,万州波动较大,总体波动范围在 0.45~0.76mg/L 之间; NH_4^+ -N 浓度均值在忠县略高于涪陵和万州,忠县的变化幅度相对于其余两点也更为明显,总体波动范围在 0.026~0.451mg/L 之间。pH 总体变化范围在 7.78~8.33 之间,整体呈现出水质为中性偏弱碱,且冬季略微高于夏季。3 个采样点 DO 浓度均值基本一致,但在时间变化上呈现出高水位期高于低水位期,总体波动范围在 6.04~10.16mg/L 之间。

根据《地表水环境质量标准》(GB3838-2002)对采样点位的 TN、 NH_4^+ -N、DO 进行评价。氮的含量能够反映湖泊受到的污染程度以及其营养程度^[19],由数据得出 3 个点位在高水位期间 1 和 3 月 TN 浓度均值超过地表 V 类水标准,低水位期间 5 月和 7 月 TN 浓度达到 III 类水标准,9 月达到 II 类水标准;3 个点位的 NH_4^+ -N 浓度除了 9 月的万州达到 II 类水标准之外,均为 III 类水标准。溶解氧浓度的差异会造成微生物群落结构不同^[20],采样点的 DO 浓度在 1、3 和 9 月达到 I 类水标准,在 5、7 月达到 II 类水标准。总体而言,三峡水库中段水体水质较好,但是高水期间 TN 污染较严重。

2.2 微生物多样性分析

所有样点的水样通过高通量测序后共得到有效序列 443790 条,各样品的有效序列在 29586 条左右,对所得序列在 97%的相似水平下进行 OTU 划分,共获得 3660 条 OTU。各采样点的覆盖度在 98.0%~99.5%之间,表明测序量基本包含样品中的物种。对采集水样的微生物多样性指数进行 T 检验(Student's ttest)显著性分析,结果如图 2 所示。由 Shannon 指数可知,涪陵与其余两点位达到显著差异水平($P<0.05$),涪陵的微生物多样性最高,其次是万州,忠县相对较低。3 个点位的 Chao 指数中涪陵和万州的差异具有显著性($P<0.05$),涪陵的 Chao 指数与其余点位相比较,说明该点具有丰富的微生物群落结构。而 Shannoneven

指数反映群落均匀度，涪陵与万州的微生物均匀度差异达到显著水平($P<0.05$)，涪陵的均匀度指数也高于其余两点，说明涪陵各物种的丰度差异小。通过微生物多样性指数变化可以发现位于库区中段上游涪陵的微生物多样性指数均高于位于库区中段中下游的忠县和万州，表明涪陵的水体环境相较于忠县和万州更适宜微生物生长，微生物群落多样性更加丰富。此外各采样点的微生物多样性指数均在高水位期 3 月时达到最低值，结合环境因子分析发现 3 月 3 个点位 TN 污染较为严重，推测 TN 是影响微生物多样性变化的重要环境因子之一。

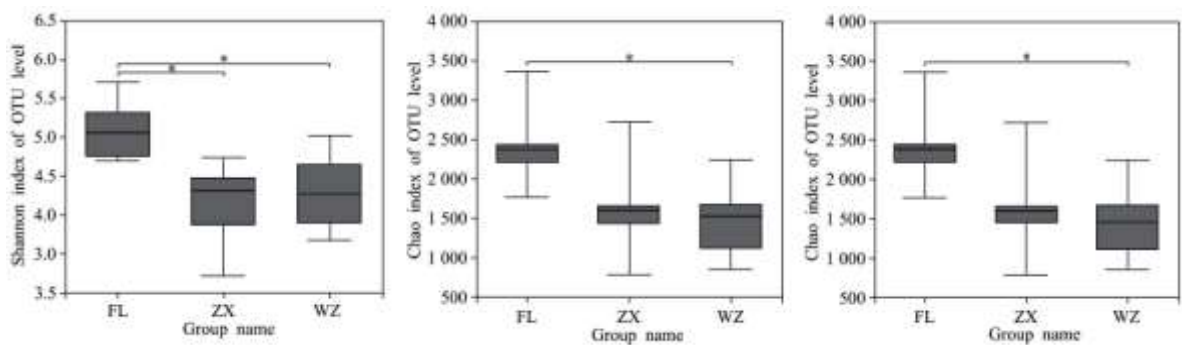


图 2 微生物多样性指数变化

注：“*”表示不同组间微生物多样性指数差异达到显著性水平($P<0.05$)。

2.3 微生物群落结构分析

2.3.1 微生物群落结构比较

对三峡库区中段水体 3 个采样点位的水体微生物群落进行 NMDS 分析(OTUs 水平)，结果如图 3 所示，可以看出在不同时期 3 个采样点微生物群落之间的相似性情况，从而获得三峡库区中段水体微生物群落结构的变化情况。NMDS 分析图中，所有样品被分为两组，其中一组为分布于图右侧的 5、7、9 月，另一组为分布在图左侧的 1、3 月。在第一组中基本呈现出地区间较为类似的情况，如 5 月万州与忠县样品为一组，7 月涪陵与万州样品为一组，9 月涪陵与忠县样品为一组，并且 5 月涪陵样品与其余样品距离最远，说明 5 月涪陵样品中的物种组成结构与其他样本都存在一定的差异，考虑到 7 与 9 月在夏秋季节，此时正好是重庆的汛期，三峡水库处于低水位运行，采样区域恢复天然河道状态，河流水温较高，水流比较湍急，群落结构类似，而 5 月三峡水库刚进入泄水期，处于高水位到低水位的过渡期，水量较大，导致处于库区中段上游的涪陵与其余采样点存在差异。在第二组中样品呈现出时间相似性的情况，1 与 3 月各分一组，处于冬季与春季，此时库区内为高水位运行，河流水温较低，流速缓慢，使得 1 与 3 月水库中微生物群落结构类似。由此可见三峡水库中段水体的微生物群落结构主要是根据时间的差异而分为不同的组类，与采样点位置的差异相比，时间变化对三峡水库中段水体中微生物群落结构的影响更为显著。

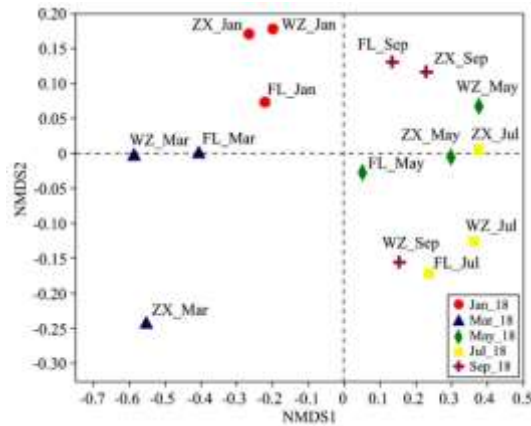


图 3 微生物群落结构非度量多维尺度分析

2.3.2 微生物群落结构组成

基于主坐标分析结果，发现不同时段的微生物群落构成差别较大，为方便微生物群落结构的对比分析，按照时间线来绘制群落构成图。分析结果显示，采样点微生物群落主要由变形菌门(Proteobacteria, 80.50%~21.51%)、放线菌门(Actinobacteria, 32.60%~9.98%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 6.89%~3.50%)、蓝细菌门(Cyanobacteria, 9.65%~0.08%)、厚壁菌门(Firmicutes, 16.74%~0.15%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 11.16%~0.40%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 2.00%~0.09%)、酸杆菌门(Acidobacteria, 1.21%~0.28%)、装甲菌门(Armatimonadetes, 1.93%~0.03%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 2.00%~0.00%)、栖热菌门(Deinococcus-Thermus, 1.31%~0.03%)构成，其中最优势菌门均为 Proteobacteria 和 Actinobacteria，较优势菌门均为 Bacteroidetes 和 Cyanobacteria。由图可见，3 个采样点位水样中优势菌门也具有显著的时间变化，低水位期间 5、7 和 9 月采集水样中的优势菌门主要有 Proteobacteria、Actinobacteria、Bacteroidetes，而在高水位期间，1 月采集水样中的优势菌门主要有 Proteobacteria、Actinobacteria、Cyanobacteria，3 月是最为特殊的一个月，地区差异性最为明显，其中涪陵的优势菌门主要为 Actinobacteria、Proteobacteria、Cyanobacteria，忠县的优势菌门主要为 Firmicutes、Proteobacteria、Actinobacteria，万州的优势菌门主要为 Planctomycetes、Actinobacteria、Proteobacteria。不同时期微生物群落结构存在较大差异，主要原因可能是高水位期及低水位期时水量的差异，对微生物群落结构影响较大。

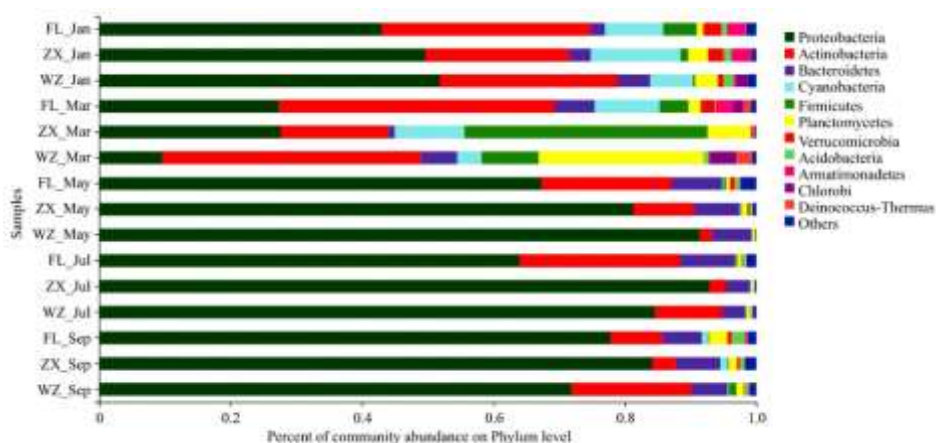


图 4 微生物群落构成柱状图

2.3.3 微生物群落结构相对丰度差异

通过 Kruskal-WallisHtest 同时对不同时间段细菌比例以及不同采样点细菌比例是否发生显著变化进行分析, 结果发现细菌门并没有因为采样点位的变化而出现显著的变化情况 ($P>0.05$), 但是受时间变化影响较为显著, 变化情况如图 5 所示。分析结果表明 Proteobacteria、Firmicutes、Cyanobacteria、Planctomycetes、Chloroflexi 随时间的变化而产生显著的变化 ($P<0.05$), Proteobacteria 在高水位期间相对丰度均低于低水位期间, 而 Cyanobacteria、Planctomycetes、Chloroflexi 则呈现出相反的规律。Proteobacteria 在 3 月出现最低值 (21.51%), 其次是 1 月 (48.11%), 其余月份丰度相似, 比例都在 60% 以上。Cyanobacteria 在 1 月出现最高值 (9.65%), 其次是 3 月 (8.08%), 但在 5~9 月丰度极少, 在 1% 以下。Firmicutes 的相对丰度在 3 月达到峰值 (16.74%), 其次是 1 月 (2.24%), 其余月份丰度均低于 1%。Planctomycetes 的变化情况与 Firmicutes 类似, 也是在 3 月有一次大爆发 (11.16%), 其次是 1 月 (2.47%) 和 9 月 (1.71%), 其余月份均在 1% 以下。Actinobacteria 在 3 月达到年度相对丰度的最高值 (32.60%), 而在 9 月丰度达到低谷 (9.98%)。3 月最为特殊, 其中 Actinobacteria、Firmicutes、Planctomycetes 与 Cyanobacteria 在 1~3 月的相对丰度基本大于其他月份。除了以上几大主要微生物类群, 其余微生物所占比例相对较低。

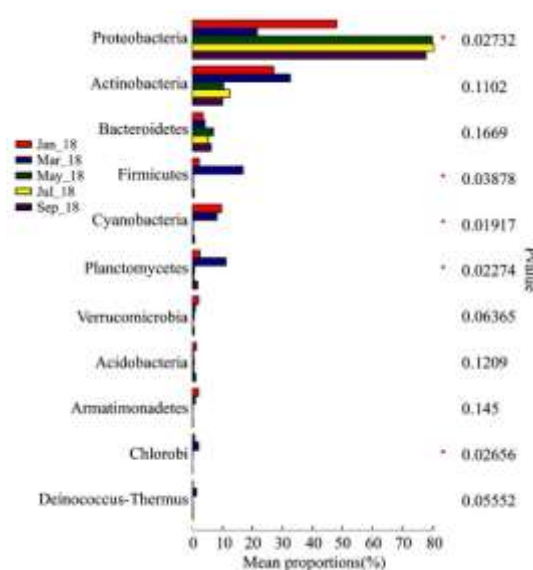


图 5 微生物相对丰度变化

注：“*”表示不同组间微生物所占比例差异达到显著性水平 ($P<0.05$)。

2.4 微生物群落结构与环境因子的相关性分析

经过 DCA(detrended correspondence analysis)分析, 物种分布的最大梯度长度为 1.580 (<3.0), 因此选择 RDA 对微生物群落结构与环境因子的相关性进行分析。依据前述结果, 时间变化对微生物群落结构影响更加突出, RDA 分析以时间为分类标准, 结果如图 6 所示。1、3 月样品分布相似, 均分布在第二、三象限, 主要受到总氮、溶解氧、总有机碳、水位、pH、硝态氮、氨氮的影响, 并且与总氮、水位呈正相关, 与氨氮呈负相关; 9 月样品均聚集在第一象限, 主要受到总氮、氨氮、水位的影响, 并且与总氮呈负相关, 与氨氮呈正相关; 7 月样品分布在第一、三象限, 主要受到总有机碳、总氮、水位、硝态氮、氨氮的影响; 5 月样品在图中分布较散, 第一、三、四象限均有分布, 说明 5 月样品中微生物的分布受到多种环境因子的共同作用影响。从中可知, 与菌群结构相关的环境因子很多, 而相关性最为显著的环境因子为总氮、溶解氧和水位 ($P<0.01$)。这些结果都进一步证实了三峡库区中段水体微生物群落结构的时间变化较为显著, 水位与各月份样品的显著相关性也表明三峡水库的反季节蓄水方式在一定程度上影响了微生物群落结构的变化。

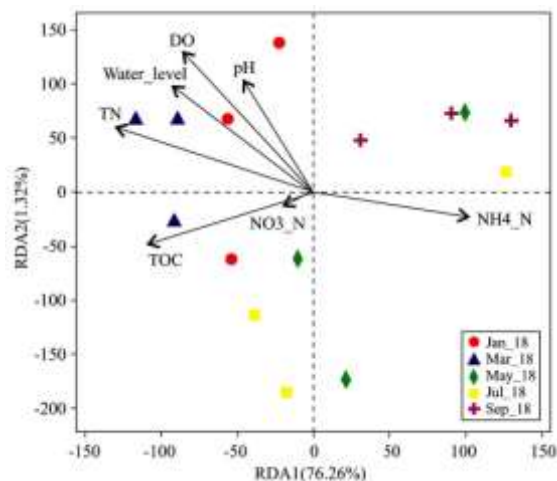


图 6 微生物群落与环境因子的 RDA 分析

3 讨论

微生物多样性指数是反映微生物群落结构特征的重要指标，本次研究结果显示，三峡水库中段水体涪陵的 Shannon 指数与其余两点位达到显著差异水平，涪陵的 Chao 指数和 Shannoneven 指数与万州的差异具有显著性，总体分析得出库区中段上游涪陵的微生物多样性高于中下游忠县和万州的结果。位于上游的涪陵点位与下游万州点位的微生物多样性指数均具有显著差异性，不同采样点的环境因子不尽相同，RDA 分析显示微生物群落受到多种环境因子的综合作用影响，库区中段采样点之间环境因子的差异导致水体微生物多样性在库区上下游之间出现差异性，这与朱婷婷对中国广东某水库微生物多样性与环境因子相关性分析后发现的结果类似，微生物群落受到环境因子的综合性影响^[21]。

微生物群落结构分析结果表明 3 个点位微生物的主要优势菌门差异不大，最优势菌门均为 Proteobacteria、Actinobacteria，较优势菌门均为 Bacteroidetes、Cyanobacteria。但是 3 个点位的微生物群落结构组成在不同时期时呈现较大波动，具有显著的时间变化特征，NMDS 分析结果显示，库区中段微生物群落主要按时间分化为两组，一组为高水位期间 1 和 3 月，而另一组为低水位期间 5、7 和 9 月。在高水位期间，Actinobacteria、Firmicutes、Planctomycetes 与 Cyanobacteria 居多，而在低水位时期，这些微生物的相对丰度减少，Proteobacteria 占据绝对优势地位。本研究的微生物物种组成与三峡水库^[22]、碧流河水库^[23]、左海湖^[24] 水体中微生物主要物种构成的研究结果相似，但是微生物的相对组成丰度则表现出差异。例如罗芳等^[22]在 2015 年 5 月对三峡水库微生物群落的研究中发现，Actinobacteria 的相对丰度 (44.39%) 高于 Proteobacteria (24.22%)，而在本研究中 5 月时 Actinobacteria 的相对丰度 (10.3%) 远低于 Proteobacteria (79.98%)；另外在对左海湖^[24]、太湖^[25] 的研究中发现 Cyanobacteria 作为优势菌种在大量生长，在太湖的相对丰度甚至能达到 62.6%，而在此次研究中，除高水位期间出现大爆发外 (9.65%)，其余月份的 Cyanobacteria 相对丰度在 1% 上下浮动，低水位时期存在于库区中段水体的 Cyanobacteria 占比较少。这说明采样时间和位置的不同，均会造成水体微生物的群落组成具有差异性，与吴晓冰等^[26]在长江干流区域的研究结论相似。

对三峡库区采样点的环境因子分析后发现，三峡水库中段水体水质较好，但是 TN 污染较为严重，尤其是在高水位 1~3 月期间 TN 浓度均值超过地表 V 类水标准，结合微生物细菌门的相对丰度变化情况，发现高水位期间 Cyanobacteria、Firmicutes、Planctomycetes、Actinobacteria 的相对丰度也明显高于其余时间。Cyanobacteria 适宜生活在氮、磷元素丰富的水体中，生长量过多易导致水华和赤潮等现象发生^[27]，目前它已被看作水体富营养化的指示生物。Firmicutes 是一类能够在污水厌氧处理系统中起到重要作用的一类微生物^[28]，适宜在低温环境下生长，当水库中出现较多的 Firmicutes 时，说明河水已经受到较为严重的污染。以往的研究表明 Planctomycetes 能在厌氧条件下生成氮气，其生长与氮元素有关^[29]。Actinobacteria 为革兰氏阳性菌，能够吸收水体中的营养物质，达到净化水体的作用^[25]。由于高水位期间库区中段水体总氮浓度偏高，过量的氮使水体富营

养化,而这几类微生物都更容易生长在营养物质高的环境下,有处理废水的作用,可以推测出经历蓄水期后的1~3月水库营养物质富集,水体受污染较为严重,因此这几类废水指示微生物相对丰度显著增加,这也可以解释 Proteobacteria 在1~3月相对于5~9月所占比重显著减少。

冗余分析结果表明,三峡水库中段水体微生物群落组成受到 TN、NH₄-N、TOC、pH、DO、水位的影响,而且在不同时期环境因子对微生物群落组成的影响截然不同,其中 TN、DO、水位与菌群结构相关性最为显著,是三大主要的影响因子。大量研究也表明水体中的微生物群落结构与环境因子之间存在密切相关性。孙寓姣等^[30]对官厅水库微生物多样性研究结果表明,该环境的微生物群落结构受 DO 的影响较大,这可能是因为不同种类的微生物对好氧及厌氧条件的适宜生长程度不同,例如 Actinobacteria 绝大多数就适宜生长在好氧条件下,本研究中高水位期间 Actinobacteria 的相对丰度大于低水位期,这也从恰好从微生物的角度反映了 DO 浓度在高水位期高于低水位期。Liu 等^[31]对东江流域水体微生物群落多样性进行研究后发现总氮是影响微生物群落组成的主要环境因子。本次研究也发现不同时期下微生物群落结构与总氮和氨氮的相关性正好相反,在高水位运行期间与总氮呈正相关,与氨氮呈负相关,而在低水位运行期间与总氮呈负相关,与氨氮呈正相关,这与朱婷婷等^[21]的研究结果类似,微生物群落组成与各种形式的氮素具有显著相关性。而在这些基础上此次研究还发现微生物群落组成受到水位的影响,推测是三峡水库的反季节蓄水方式使不同水位期间水量差异大,流速不同,水体营养状况也有所差别^[32],导致了微生物群落组成的差异性,具体影响原因有待后续进一步的研究。

4 结论

(1)三峡库区中段水体微生物多样性在上游涪陵和下游万州之间存在显著差异,库区中段上游涪陵的微生物多样性高于中下游忠县和万州。

(2)库区中段水体微生物的主要优势菌门差异不明显,最优势菌门均为 Proteobacteria、Actinobacteria,较优势菌门均为 Bacteroidetes、Cyanobacteria,微生物群落结构组成存在显著的时期性变化,高水位期间三峡库区中段水体总氮污染严重,营养物质富集,导致 Actinobacteria、Firmicutes、Planctomycetes 与 Cyanobacteria 等废水指示微生物的相对丰度在高水位期高于低水位期,而最优势菌门 Proteobacteria 的相对丰度在高水位期低于低水位期。

(3)微生物与环境因子的 RDA 分析结果表明总氮、溶解氧、水位是影响三峡水库中段水体微生物群落结构的主要环境因子。

参考文献:

- [1]黄真理,李玉樑,陈永灿.三峡水库水质预测和环境容量计算[M].北京:中国水利水电出版社,2006:6-18.
- [2]WU J G. Ecology: Three-Gorges Dam: Experiment in habitat fragmentation? [J]. Science, 2003, 300 (5623): 1239-1240.
- [3]余伟钰,冯灿,杨渐,等.三峡库区水体中固氮微生物多样性及其影响因素[J].微生物学报,2019,59(6):1127-1142.
- [4]胡征宇,蔡庆华.三峡水库蓄水前后水生态系统动态的初步研究[J].水生生物学报,2006,30(1):1-6.
- [5]UNGER I M, GOYEN K W, KREMER R J, et al. Microbial community diversity in agroforestry and grass vegetative filter strips[J]. Agroforestry Systems, 2013, 87 (2): 395-402.
- [6]田雅楠,王红旗. Biolog 法在环境微生物功能多样性研究中的应用[J].环境科学与技术,2011,34(3):50-57.

-
- [7]马丽丽. 淡水生态环境中的浮游微生物检测及群落结构变化研究[D]. 天津:南开大学, 2014.
- [8]YAN Q Y, BI Y H, DENG Y, et al. Impacts of the Three Gorges Dam on microbial structure and potential function[J]. Scientific Reports, 2015, 5:8605.
- [9]张馨月, 马沛明, 高千红, 等. 三峡大坝上下游水质时空变化特征[J]. 湖泊科学, 2019, 31(3):633-645.
- [10]袁瑞强, 牛漾聃, 王鹏, 等. 引黄对受水河段沉积物微生物群落的影响[J]. 环境科学学报, 2019, 39(2):499-508.
- [11]杨予静, 李昌晓, 丽娜·热玛赞. 基于 PSR 框架模型的三峡库区忠县汝溪河流域生态系统健康评价[J]. 长江流域资源与环境, 2013, 22(S1):66-74.
- [12]魏复盛. 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 4 版. 北京:中国环境科学出版社, 2002:236-284.
- [13]史静龙, 禹飞, 梁俊峰, 等. 流溪河生态公益林下土壤细菌多样性[J]. 微生物学通报, 2018, 45(11):2353-2363.
- [14]陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 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.
- [15]张磊, 沈婷婷, 高光, 等. 巢湖水体细菌群落结构及多样性研究[J]. 水生态学杂志, 2018, 39(6):52-57.
- [16]阴星望, 田伟, 丁一, 等. 丹江口库区表层沉积物细菌多样性及功能预测分析[J]. 湖泊科学, 2018, 30(4):1052-1063.
- [17]高慧琴, 刘凌, 方泽建. 夏季湖泊表层沉积物的理化性质与微生物多样性[J]. 河海大学学报(自然科学版), 2011, 39(4):361-366.
- [18]夏倩, 刘凌, 高慧琴, 等. 湖泊沉积物中细菌含量影响因子分析[J]. 河海大学学报(自然科学版), 2012, 40(3):275-280.
- [19]孟亚媛, 王圣瑞, 焦立新, 等. 滇池表层沉积物氮污染特征及其潜在矿化能力[J]. 环境科学, 2015, 36(2):471-480.
- [20]刘晓伟, 谢丹平, 李开明, 等. 溶解氧变化对底泥酶活性及微生物多样性的影响[J]. 环境科学与技术, 2013, 36(6):6-11.
- [21]朱婷婷, 田从魁. 水库底泥中微生物多样性及其与环境因子相关性分析[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2018, 54(3):625-632.
- [22]罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 等. 基于宏基因组学的三峡库区重庆主城段水体浮游微生物群落的组成和功能分析[J]. 三峡生态环境监测, 2019, 4(3):1-10.
- [23]王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. 环境科学, 2018, 39(8):3660-3669.
- [24]刘兰英, 吕新, 李巍, 等. 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.
- [25]王博雯. 湖泛对太湖细菌丰度及群落结构的影响[D]. 南京:南京师范大学, 2014.

-
- [26] 吴晓冰, 叶飞, 姜毅, 等. 长江干流浮游细菌群落结构及影响因素[J]. 长江流域资源与环境, 2019, 28(7):1652-1662.
- [27] 胡传林, 万成炎, 吴生桂, 等. 蓝藻水华的成因及其生态控制进展[J]. 长江流域资源与环境, 2010, 19(12):1471-1477.
- [28] 乔江涛, 郭荣波, 袁宪正, 等. 玉米秸秆厌氧降解复合菌系的微生物群落结构[J]. 环境科学, 2013, 34(4):1531-1539.
- [29] 李哲. 三峡水库运行初期小江回水区藻类生境变化与群落演替特征研究[D]. 重庆:重庆大学, 2009.
- [30] 孙寓姣, 陈程, 丁爱中, 等. 官厅水库水质特征及水体微生物多样性的响应[J]. 中国环境科学, 2015, 35(5):1547-1553.
- [31] LIU Z H, HUANG S B, SUN G P, et al. Phylogenetic diversity, composition and distribution of bacterioplankton community in the Dongjiang River, China. [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2012, 80(1):30-44.
- [32] 黄庆超, 刘广龙, 王雨春, 等. 不同水位运行下三峡库区干流水质变化特征[J]. 人民长江, 2015, 46(S1):132-136.