

文章编号: 1000-5862(2016)02-0194-06

# 鄱阳湖流域底泥微生物对环境变量的响应

赵思颖<sup>1,2</sup>, 倪才英<sup>1\*</sup>, 符文昌<sup>1</sup>, 王金凤<sup>2</sup>

(1. 江西师范大学鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室, 地理与环境学院, 江西 南昌 330022;

2. 江西师范大学江西省亚热带植物资源保护与利用重点实验室, 生命科学学院, 江西 南昌 330022)

**摘要:** 以鄱阳湖流域4个支流共6个地点(信江XS1、信江下水湾XS3、饶河RS、饶河内湖RHS、修水SS、赣江GS)的底泥样品为研究对象,利用16S rRNA基因扩增技术探究底泥微生物对环境变量的响应。结果显示:6个采样点的底泥样品的微生物群落结构大致分为4类;底泥的pH值、TOC、TN、TP和重金属含量对微生物群落结构及微生物多样性存在着显著的影响。4条河流底泥微生物多样性指数顺序为赣江>信江>修水>饶河,同时发现饶河的Cu、Zn含量在4条河流中最高,这说明高Cu、Zn会对微生物多样性产生负面的影响;河流与其所对应湖区底泥样品中微生物多样性指数比较发现:饶河>饶河内湖,信江下水湾>信江,这种结果顺序的不一致主要是由底泥中营养物质含量不同和某些重金属元素胁迫导致的。

**关键词:** 底泥; 微生物; 16S rRNA; 重金属; 鄱阳湖流域

**中图分类号:** X 552; Q 114 **文献标志码:** A **DOI:** 10.16357/j.cnki.issn1000-5862.2016.02.17

## 0 引言

鄱阳湖是中国的第一大季节性淡水湖泊,位于江西省北部、长江南岸,汇集来源于赣江、修水、饶河、信江、抚河等水经九江市湖口县城注入长江。作为长江干流重要的调蓄性湖泊,在中国长江流域中发挥着巨大的调蓄洪水和保护生物多样性等特殊的生态功能,因此鄱阳湖流域被称为“重要的国际湿地”,是世界自然基金会划定的全球重要生态区之一,对维系区域和国家生态安全具有重要作用。近年来,随着经济的发展,不合理的工农业活动以及气候的变化引起了该流域水环境<sup>[1]</sup>、河流底泥理化性质、重金属含量和微生物多样性等一系列的变化。

现有文献资料表明,有关鄱阳湖流域微生物的研究,主要集中于德兴铜矿及鄱阳湖湿地2个地方。如郑璐等<sup>[2]</sup>应用16S rRNA基因的PCR克隆技术检测了德兴铜矿酸性矿坑水水样与底泥中微生物群落多样性及其群落结构变化;谢学辉等<sup>[3]</sup>研究了德兴铜矿尾矿重金属污染对土壤中微生物多样性的影响。微生物作为底泥中最活跃的生物组成部分,对底泥质量反应最为直接也最敏感。河流底泥在水环境中发挥着重要的作用,各种污染物在水中集聚,因此

河流底泥是河流环境变化的“检测仪”<sup>[3]</sup>,底泥的状况不仅直接影响到水体中浮游生物的生长,同时也影响着底泥中微生物的群落结构、多样性指数等<sup>[4-5]</sup>。郭朝晖等<sup>[6]</sup>发现微生物多样性会随着重金属污染的时间长短而发生变化,且不同微生物对不同重金属的敏感性不同。长期重金属污染会严重影响土壤微生物的数量和活性,从而改变微生物的群落结构影响土壤生态系统机能<sup>[7]</sup>。本文通过对鄱阳湖枯水期6个样点底泥样品的理化性质(pH值、TOC、TN、TP)、重金属含量与微生物群落结构及多样性关系分析,以期为该流域水环境的变化研究提供基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 采样点的选取

为了研究鄱阳湖流域主要入湖河流底泥的理化性质、重金属含量与微生物群落结构及微生物多样性之间的关系,同时为了更好地研究入河口和湖区底泥的理化性质、重金属含量与微生物群落结构及微生物多样性之间的关系,根据文献,选择重金属污染和营养盐高低不同的4条河流(信江、饶河、赣江、修水),在河口共布设6个采样点,于2013年11

收稿日期: 2015-12-24

基金项目: 国家自然科学基金(41061037),鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室(江西师范大学)主任基金(ZK2013007, ZK2013001)和鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室(江西师范大学)开放基金(PK2012006)资助项目。

通信作者: 倪才英(1968-),女,江西鹰潭人,教授,博士,主要从事湿地保护与资源可持续利用的研究。

月至 2014 年 3 月(即鄱阳湖流域枯水期)进行底泥采集,采样时用 GPS 定位仪定位,在 1:50 000 地形图上用 ArcGIS 软件对采样点进行绘制,见图 1。

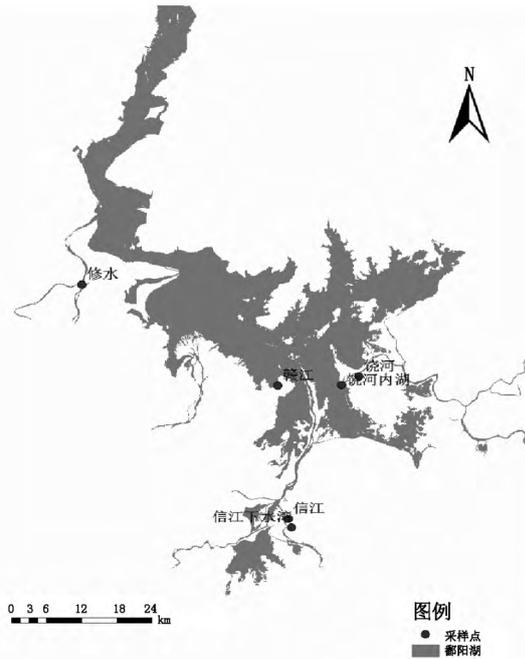


图 1 鄱阳湖流域河流底泥的采样点布局

## 1.2 底泥样品的采集及预处理

1.2.1 测 DNA 样品采集与预处理 先用 10% 的杀菌剂对不锈钢采样器(采泥器两瓣的张口面积为  $0.05 \text{ m}^2$ )进行灭菌处理,然后开始作业,每次采样都要对采样器进行灭菌,于每条河流入湖口处采集表层底泥(0~10 cm)样品,每样点在 50 m 方圆范围内重复 3 次采样。每次采完底泥后将采泥器的水排掉,用在室内已灭过菌的竹勺将采样器中的底泥取出放入小的离心管中,依次编号,放于储存箱中冰封保存,然后带回实验室。取 250 g 新鲜土样放于冰箱中将温度调至  $-80 \text{ }^\circ\text{C}$  保存,用于测定底泥样品中的 DNA,其他待测指标用的样品保存于  $4 \text{ }^\circ\text{C}$  以下。

1.2.2 测重金属样品采集及预处理 底泥样品的采集方法同本文 1.2.1 节。采得底泥样品经自然风干、去除杂质和草根、混合均匀后,过 2 mm 的尼龙筛网以去除杂质再用烘箱设置温度为  $60 \text{ }^\circ\text{C}$  烘干,然后使用玛瑙研钵研磨并过 100 目、200 目尼龙筛网,依次编号,装入自封袋内密封保存。

用分析天平称取底泥样品  $0.5000 \text{ g}$  置于洁净的三角烧瓶中,用高氯酸、浓硝酸、氢氟酸消化处理,用于测定底泥样品中的理化性质和重金属含量。

## 1.3 底泥样品相关性状测定方法

1.3.1 底泥微生物多样性指数的测定 采用土壤 DNA 提取试剂盒(MoBio Laboratories, Carlsbad, CA, USA)提取底泥基因组 DNA,用 NanoDrop 测定 DNA 浓度<sup>[8-9]</sup>,

检测后送到北京华大基因检测中心深圳分部进行 16 S rRNA 靶基因测序<sup>[10-11]</sup>,测序深度为 11 作为后续研究,PCR 所用引物为覆盖 16 S rRNA 基因 V4 区域的细菌通用引物 515F ( $5\text{-GTGYCAGCMGCCGCGGTA-3}$ )和 806 R ( $5\text{-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3}$ ),PCR 产物长度为 253 bp,覆盖率为 98.7%~99.1%。

1.3.2 底泥化学性质的测定 将本文 1.2.2 节处理后的底泥样品过 100 目尼龙筛网,用电位法测 pH 值<sup>[12]</sup>;采用重铬酸钾外加热法测定 TOC;采用  $\text{H}_2\text{SO}_4\text{-CuSO}_4\text{-Se}$  催化消煮后,用凯氏定氮法测定 TN;采用碱熔-钼酸盐比色法测定 TP;电感耦合等离子体质谱法测定底泥样品中的重金属含量。

## 1.4 数据处理

序列数据:通过 QIIME 平台,利用 Uchime 去除嵌合体序列<sup>[10-11]</sup>,以 16 S rRNA 基因序列 97% 相似度作为分类操作单元(operational taxonomic units, OTUs)的参考标准,从而以基于 97% 序列相似性计算生物多样性指数<sup>[13-17]</sup>。

微生物群落结构统计分析:采用主坐标分析方法,通过 QIIME 软件采用 Unifrac 距离矩阵值方法分析样品之间的微生物群落结构差异。采用 SPSS 19.0 软件方差分析(ANOVA)作相关性状在样品间的差异显著性检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同采样点底泥微生物群落结构的差异

通过对底泥样品 16 S rRNA 基因测序,经数据前处理,共检测到鄱阳湖入湖河流底泥微生物的 OTU 约 18 921~32 161 个,其中变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、拟杆菌(*Bacteroidetes*)、绿湾菌门(*Chloroflexi*)含量相对较高。

另外还检测到一些平均相对丰度大于 0.5% 的特殊门类,如浮霉菌门(*Planctomycetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)等微生物群落,各采样点微生物群落结构分布如图 2 所示。

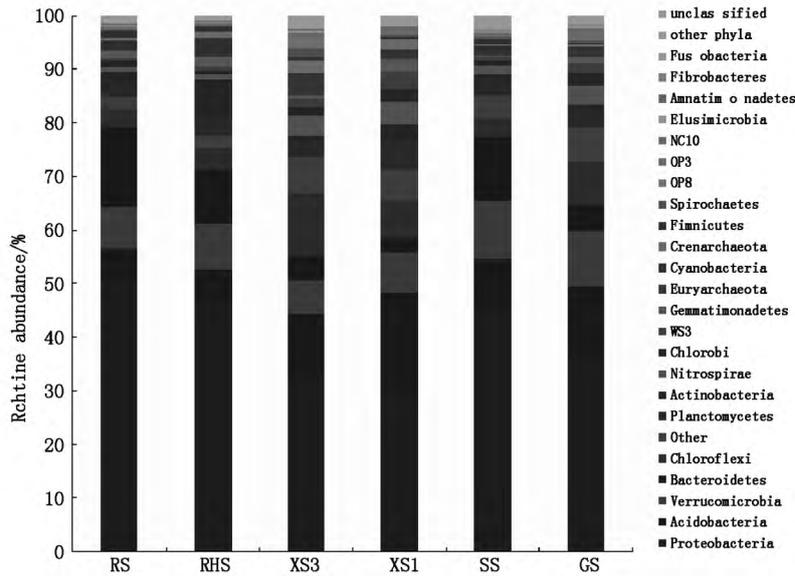
通过主坐标分析结果见图 3,图 3 中的 PC1 和 PC2 轴解释 57.48% 和 22.64% 的微生物群落差异。图 3 中的样品点大致聚类成 4 个 cluster:

Cluster I 由 SS 构成; Cluster II 由 RS 和 RHS 构成; Cluster III 由 XS1 构成; Cluster IV 由 GS 和 XS3 构成。

2.1.1 鄱阳湖入湖底泥的理化性质对其微生物群落结构差异的影响 底泥有机质主要是由生物遗体及其转化、降解的有机化合物组成,是底泥微生物所

需能量的重要来源,一般情况下土壤中有机质含量越高微生物活动也越活跃,其含量的多少直接影响

到微生物的丰度及其多样性指数的大小<sup>[18-20]</sup>.



注: RS—饶河, RHS—饶河内湖, XS3—信江下水湾, XS1—信江, SS—修水, GS—赣江;下同。

图2 各采样点微生物群落结构分布图

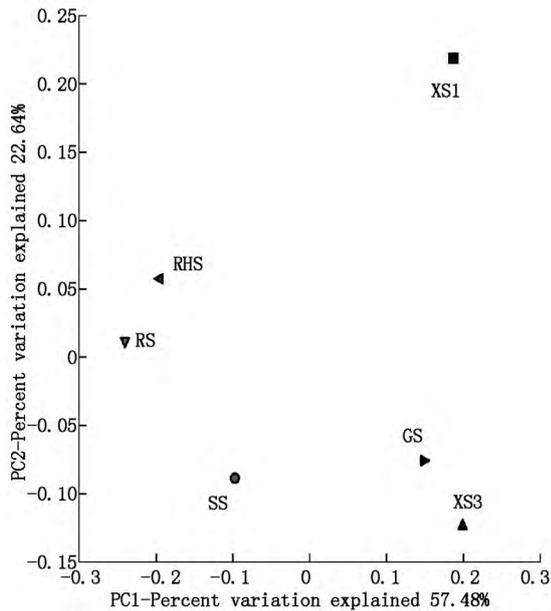


图3 河流底泥中微生物群落的主坐标分析(pCoA)

表1给出了该实验中测得不同采样点底泥中的pH值、TOC、TN和TP的差异性分析。结果显示:修水底泥样品的pH值与信江下水湾、赣江之间在统计学意义上存在着显著的差异,而其它3项指标之间差异在统计学意义上不显著,因此修水的微生物群落结构独自一类,信江下水湾和赣江归为一类;信江与其它底泥样品的TN和TP在统计学意义上存在着极显著差异,其微生物群落结构自为一类。饶河和饶河内湖的TP在统计学意义上存在着一定的差

异( $P < 0.05$ ),饶河TP含量( $1\ 030.4\ \text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ )高于饶河内湖( $824.4\ \text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ ),二者的理化性质差异性在统计学意义上不显著,二者的微生物群落结构归为一类。这说明了底泥的pH值、TOC、TN、TP含量对微生物群落结构存在着一定的影响。

2.1.2 鄱阳湖入湖底泥样品中重金属对其微生物群落结构差异的影响 河流底泥中的重金属具有毒性、持久性、隐蔽性、不可逆性、长期性和后果严重性等特征,是河流底泥中污染最严重的一类。

本文采用鄱阳湖实际地球化学背景值<sup>[21-22]</sup>作为参考标准,由表2可以看出各采样点的底泥样品都不同程度地受到了不同重金属元素的污染。通过对不同采样点底泥样品重金属含量做差异性分析,修水与其它5个底泥样品Zn元素在统计学意义上存在显著差异,独自为一类,这说明了某些重金属元素在微生物群落结构的形成过程中起到了关键作用。饶河和饶河内湖二者底泥样品中全量重金属元素各项指标差异在统计学意义上不显著,因此二者归为一类。信江底泥样品与其它5个底泥样品中重金属元素Zn、Cd、Cr、Mn在统计学意义上存在着显著差异,使其独为一类;信江下水湾和赣江二者底泥样品中全量重金属元素各项指标在统计学意义上存在一定的差异,但二者却归为一类,究其原因可能是二者的理化性质对其微生物群落结构的影响占主要因素。

通过该实验说明环境变量对微生物群落结构存

在有一定的影响,且理化性质和重金属对微生物群落的影响是共存的.

表 1 采样点底泥 pH 值、TOC、TN 与 TP 差异性分析

类型	样本	pH 值	TOC/(mg · kg <sup>-1</sup> )	TN/(mg · g <sup>-1</sup> )	TP/(mg · g <sup>-1</sup> )
I	SS	7.15 ± 0.06a	15.38 ± 1.63a	0.049 ± 0.005 7a	712.7 ± 40.90b
	RS	6.25 ± 0.29c	9.47 ± 3.63b	0.037 ± 0.005 8b	1 030.4 ± 13.91a
II	RH	6.24 ± 0.22c	7.20 ± 0.81b	0.029 ± 0.010 4b	824.4 ± 28.65ab
	XS1	7.13 ± 0.38a	7.77 ± 2.54b	0.009 ± 0.005 3c	252.8 ± 102.25c
III	GS	6.35 ± 0.09bc	14.43 ± 0.47a	0.050 ± 0.005 5a	799.5 ± 47.74b
	XS3	6.65 ± 0.06b	13.73 ± 0.90a	0.051 ± 0.008 7a	709.6 ± 78.14b

注: 同一列内不同小写字母表示差异显著水平达 0.05; 下同.

表 2 采样点底泥重金属全量之间的差异性分析

mg · kg<sup>-1</sup>

类型	样本	Cu	Pb	Zn	Cd	Cr	Mn
I	SS	21.47 ± 3.84bc	10.39 ± 2.64b	114.00 ± 9.64c	1.03 ± 0.14bc	72.73 ± 7.68ab	982 ± 119bc
	RS	51.93 ± 10.02a	47.80 ± 9.35a	231.00 ± 35.68a	2.51 ± 0.39a	64.83 ± 11.77ab	982 ± 158bc
II	RHS	46.80 ± 9.65ab	46.20 ± 5.98a	220.00 ± 36.29a	2.55 ± 0.38a	68.57 ± 11.60ab	979 ± 143bc
III	XS1	31.03 ± 5.54abc	35.37 ± 5.49ab	63.93 ± 11.29d	0.68 ± 0.39c	41.33 ± 7.86c	646 ± 119d
	GS	15.40 ± 1.51c	34.82 ± 5.50ab	121.00 ± 5.03bc	1.12 ± 0.14bc	58.23 ± 3.19b	1 361 ± 41a
IV	XS3	43.14 ± 7.91abc	56.69 ± 9.51a	169.00 ± 23.30b	2.07 ± 0.38ab	63.50 ± 7.57ab	816 ± 43acd
背景值		4.75	12.50	45.75	0.75		
国家标准 I 类		≤35	≤35	≤100	≤0.2	≤90	
国家标准 II 类		≤50	≤250	≤200	≤0.3	≤250	

## 2.2 不同入湖河流底泥微生物多样性的差异及其影响因素分析

根据重金属污染程度和营养盐高低不同选择的 4 条入湖河流,由上文分析可以看出它们底泥的微生物群落结构存在着显著的差异.研究发现它们的微生物多样性也存在着显著的差异,见表 3.

表 3 不同河流底泥样品微生物多样性的差异性分析

样品编号	丰富度指数	可观测的物种数	多样性指数
GS	45 486 ± 8 123.61a	24 513 ± 1 948.77a	11.80 ± 0.15a
RS	31 186 ± 5 937.11b	18 726 ± 2 930.74ab	10.96 ± 0.11c
SS	40 922 ± 7 765.02ab	23 510 ± 3 505.70ab	11.47 ± 0.14b
XS1	34 575 ± 5 027.55ab	19 787 ± 3 456.45b	11.52 ± 0.12b

信江底泥中 TOC、TN、TP 含量虽然低于饶河,但其底泥中微生物的丰富度指数和生物多样性指数却较高.结合表 2 可以看出其底泥中重金属 Cu、Pb、Zn、Cr 含量都基本上达到了国家标准 I 类,饶河底泥中重金属 Cu、Pb、Zn、Cd 含量超标,且 Cu、Zn、Cd 含量超过了国家标准 II 类.4 条河流底泥样品中 Cd 含量都严重超标,都受到不同重金属的污染.其中饶河的 Cu、Zn 含量在 4 条河流中含量最高,微生物多样性指数最低.这说明 Cu、Zn 含量的增高会抑制微生物的多样性.因此由表 3 反映出来的这 4 条河流的微生物多样性的差异主要可能是受 TOC、TN、TP 含量及重金属污染程度造成的.该实验的结果与 E. Islam 等<sup>[17]</sup>认为重金属含量的升高和营养物质的减少,直接导致微生物多样性下降是一致的.

由表 3 可以看出 4 条河流底泥中微生物的丰富度指数、可观测到的 OTU 数目存在显著差异 ( $P < 0.05$ ).4 条河流微生物多样性指数由高到低依次为:赣江 > 信江 > 修水 > 饶河.由表 1 可以看出赣江、修水底泥中有机质的含量显著高于信江和饶河.

## 2.3 河口与其所对应湖区底泥样品中微生物多样性的差异及其影响分析

河流入口与相对应湖区由于重金属和营养盐分沉降不同,底泥样品中微生物多样性存在着差异,分析结果见表 4.

表 4 河口与其对应湖区生物多样性分析

编号	丰富度指数	可观测到的物种数	多样性指数
RS	31 186	18 726	10.96
RHS	30 726	18 010	11.04
XS1	34 575	19 787	11.52
XS3	47 667	26 687	12.26

由表 4 知,枯水期底泥微生物的丰富度指数、可观测到的物种数饶河大于饶河内湖,但是多样性指数后者大于前者,原因有 2 个: 1) 这可能是因为饶

河底泥的 TOC、TN、TP 含量(见表 1) 高于饶河内湖, 因此底泥营养丰富微生物活跃数目较多; 2) 饶河的 Cu、Pb、Zn、Mn 含量(见表 2) 高于饶河内湖, 这说明了微生物的生长受到某些重金属元素的抑制。

信江与信江下水湾底泥微生物的各项特性指标后者都高于前者, 原因可能是由于信江下水湾底泥中的 TOC、TN、TP 含量(见表 1) 显著高于其河口。

因此不同河流与其所对应湖区底泥样品中微生物多样性的差异可能主要是由入河口和湖区底泥中营养成分不同及某些重金属元素胁迫导致的。

### 3 讨论

有研究表明<sup>[17]</sup>: 底泥中营养成分越高微生物活动也越活跃, 微生物多样性就越高; 李家宝等<sup>[11]</sup>认为 pH 值在适宜的范围内有利于原核微生物的生长。由上述分析结果显示该实验中 4 种微生物群落结构、多样性的差异可能是由于底泥样品中 pH 值及 TOC、TN、TP 含量的差别造成的, 且信江下水湾和赣江底泥的理化性质在微生物群落结构形成中占主导因素。

底泥中重金属和微生物共同蓄积时, 研究它们之间的关系及变化规律对于检测和生物修复水污染有着重要的理论和现实意义。有研究<sup>[23]</sup>表明, 湖底沉积物已经受到不同程度的重金属污染, 且污染存在地区差异, 鄱阳湖底泥中重金属积累较严重。除部分地区 Cd 低于背景值外, 各地区底泥 Zn、Cu、Pb、Cd 的含量均超过背景值(Zn 为  $45.75 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , Cu 为  $4.75 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , Pb 为  $12.50 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , Cd 为  $0.75 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) 其最大含量分别为背景值的 9.0、33.8、7.0、5.9 倍。张静霞、吴建军等<sup>[24-25]</sup>认为重金属会影响微生物群落结构和生物多样性, 且底泥中重金属对微生物具有抑制作用。陈素华等<sup>[26]</sup>在研究土壤重金属对微生物的数量与群落效应时, 发现重金属在低浓度下有促进作用, 当高浓度时有抑制作用。该实验中的 6 个底泥样品, 可能是由于重金属含量不同引起了微生物群落结构的差异, 且不同重金属元素对微生物的胁迫不同, 4 条河流中饶河的 Cu、Zn、Cd 含量超过了国家标准 II 类, 其微生物多样性指数最低, 不同河流与其所对应湖区底泥样品中微生物多样性的差异可能主要是由入河口和湖区底泥中营养成分及某些重金属元素胁迫导致的。由于河流底泥环境中的微生物群落结构复杂, 具有重要的代谢功能, 与水环境进行着频繁的代谢交换以及“共代谢”, 因此加强对微生物群落结构及多样性的研究, 对于阐明其与所处环境之间的关系具有重

要的指导意义。在研究河流底泥微生物群落结构及多样性与其环境变量之间的关系时, 要综合考虑有机污染和重金属污染及底泥理化性质 3 方面因素。

### 4 结论

1) 实验的 6 个底泥样品, 微生物群落结构大致可以分为 4 类: 信江和修水各为一类, 赣江和信江下水湾属于一类, 饶河和饶河内湖归为一类;

2) 底泥中 pH 值及 TOC、TN、TP 含量的差异会引起微生物群落结构的差异, 且底泥中营养成分越高微生物活动也越活跃, 微生物多样性就越高;

3) 底泥样品中重金属含量不同会引起微生物群落结构的差异, 且不同重金属元素对微生物的胁迫不同, 4 条河流中饶河的 Cu、Zn、Cd 含量超过了国家标准 II 类, 其微生物多样性指数最低, 微生物多样性最低;

4) 不同河流与其所对应湖区底泥样品中微生物多样性的差异可能主要是由入河口和湖区底泥中营养成分及某些重金属元素胁迫导致的。

### 5 参考文献

- [1] 曹铭昌, 乐志芳, 雷军成, 等. 全球生物多样性评估方法及研究进展 [J]. 生态与农村环境学报, 2013, 29(1): 8-16.
- [2] 郑璐, 尹华群, 曹琳辉, 等. 德兴铜矿酸性矿坑水水样与底泥中微生物群落多样性及其群落结构变化 [J]. 生态学报, 2008, 28(10): 4841-4848.
- [3] 杨磊, 胥峥, 林逢凯, 等. 城市富营养化河道底泥中微生物的新陈代谢能力研究 [C]. 中国环境科学学会学术年会优秀论文集, 2006.
- [4] Luo Mingbiao, Li Hianqiang, Cao Weipeng, et al. Study of heavy metal speciation in branch sediments of Poyang Lake [J]. Environmental Sciences, 2008, 20(1): 161-166.
- [5] 蒋先军, 骆永明. 重金属污染土壤的微生物学评价 [J]. 土壤, 2000, 32(3): 130-134.
- [6] 郭朝晖, 廖柏寒. 模拟酸雨下 Cd、Cu、Zn 复合污染对土壤微生物量碳和酶活性的影响 [J]. 应用与环境生物学报, 2003, 9(4): 382-385.
- [7] Liu Yurong, Wang Jianjun, Zheng Yuanming, et al. Patterns of bacterial diversity along a long-term mercury-contaminated gradient in the paddy soils [J]. Microbial Ecology, 2014, 68(3): 575-583.
- [8] Rademacher A, Zakrzewski M, Schluter A, et al. Characterization of microbial biofilms in a thermophilic biogas system by high-throughput metagenome sequencing [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2012, 79(3): 785-799.

- [9] 李博. 生态学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2000.
- [10] Westerholm M, Roos S, Schnurer A. Syntrophaceticus schinkii gen. nov. sp. nov. an anaerobic syntrophic acetate-oxidizing bacterium isolated from a mesophilic anaerobic filter [J]. FEMS Microbiology Letters 2010, 309(1): 100-104.
- [11] 李家宝, 芮俊鹏, 张时恒, 等. 原核微生物菌群的空间分异增强秸秆-猪粪混合发酵效率 [J]. 化工学报, 2014, 65(5): 1792-1799.
- [12] 南京农业大学. 土壤农业化学分析 [M]. 2 版. 北京: 中国农业出版社, 1990.
- [13] 陶勇, 芮俊鹏, 李家宝, 等. 浓香型白酒窖泥中细菌和古菌的组成与多样性 [J]. 化工学报, 2014, 65(5): 1800-1807.
- [14] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. Bioinformatics 2011, 27(16): 2194-2200.
- [15] 芮俊鹏, 李吉进, 李家宝, 等. 猪粪原料沼气工程系统中的原核微生物群落结构 [J]. 化工学报, 2014, 65(5): 1868-1875.
- [16] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST [J]. Bioinformatics 2010, 26(19): 2460-2461.
- [17] Islam E, Paul D, Sar P. Microbial diversity in uranium deposits from Jaduguda and Bagjata uranium mines, India as revealed by Clone Library and Denaturing Gradient Gel electrophoresis [J]. Analyses Geomicrobiology Journal, 2014, 31(10): 862-874.
- [18] 谢学辉, 范凤霞, 袁学武, 等. 德兴铜矿尾矿重金属污染对土壤中微生物多样性的影响 [J]. 微生物学通报, 2012, 39(5): 624-637.
- [19] 张萍华, 申秀英, 许晓路, 等. 对白术土壤微生物及酶活性的影响 [J]. 土壤通报, 2005, 36(2): 227-229.
- [20] 陈灵芝, 马克平. 生物多样性科学: 原理与实践 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2001.
- [21] 弓晓峰, 陈春丽, 周文斌, 等. 鄱阳湖底泥中重金属污染现状评价 [J]. 环境科学, 2006, 27(4): 732-736.
- [22] 鄱阳湖研究编委会. 鄱阳湖研究 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1988.
- [23] 李鸣, 刘琪璟. 鄱阳湖水体和底泥重金属污染特征与评价 [J]. 南昌大学学报: 理学版, 2010, 34(5): 486-489.
- [24] 张静霞. 湘江株洲段典型重金属污染区底泥微生物群落结构多样性及其生物浸出的研究 [D]. 长沙: 中南大学, 2011.
- [25] 吴建军, 蒋艳梅, 吴喻萍, 等. 重金属复合污染对水稻土微生物生物量和群落结构的影响 [J]. 土壤学报, 2008, 45(6): 1102-1109.
- [26] 陈素华, 孙铁珩, 周启星, 等. 微生物与重金属间的相互作用及其应用研究 [J]. 应用生态学报, 2002, 13(2): 64-65.

## The Microbial Response to Environmental Parameters of the Sediment in Poyang Lake Basin

ZHAO Siying<sup>1,2</sup>, NI Caiying<sup>1\*</sup>, FU Wenchang<sup>1</sup>, WANG Jinfeng<sup>2</sup>

(1. Key Laboratory of Lake Poyang Wetland and Watershed Research, Ministry of Education, Jiangxi Normal University, Nanchang Jiangxi 330022, China;

2. Key Laboratory of Protection and Utilization of Subtropical Plant Resources of Jiangxi Province, Jiangxi Normal University, College of Life Science, Nanchang Jiangxi 330022, China)

**Abstract:** Based on six sites in different tributaries of Poyang lake basin sediment samples, this study makes an attempt to investigate sediment microbial response to environment variables through 16S rRNA gene amplification technique was used to study the microbial community and diversity in different sediment samples. Results showed that 6 samples (Xinjiang XS1, Xinjiang water bay XS3, Raohe RS, Raohe lake RHS, Xiushui SS, Ganjiang GS) of sediment can be divided into four categories. Analysis found that pH and TOC, TN, TP, heavy metal content of the sediment exists significant influence on microbial community structure and microbial diversity, which causes the difference of the microbial community structure and diversity. Further analysis shows that the microbial diversity index of four rivers sediment, Ganjiang > Xinjiang > Xiushui > Raohe, addition, Cu and Zn content of Raohe is the highest in the four rivers, illustrates the rises with the content of Cu and Zn increasing, which would have a negative impact on microbial diversity; the difference of microbial diversity index between different river and its corresponding lake sediment samples, Raohe > Raohe lake, Xinjiang water bay > Xinjiang, the difference is mainly caused by the difference content of nutrient in the sediment and some heavy metals stress.

**Key words:** sediment; microbes; heavy metals; 16S rRNA; Poyang Lake basin

(责任编辑: 刘显亮)