

文章编号: 1000-5862(2019)05-0501-07

赣江下游河湖交错带微生物群落分布及其影响因素分析

黄小兰^{1,2}, 贾伟², 叶长盛¹, 简正军², 张 建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. 浙江省义乌市上溪中学 浙江 义乌 322006)

摘要: 目前关于细菌多样性及其与环境因子相互作用的研究大部分集中在滨海地区、海洋和湖泊, 针对某一流域内冬季和夏季微生物分布差异的研究较少。通过选择赣江下游河湖交错带典型样点作采样分析, 运用 Miseq 高通量测序技术分析手段, 研究了赣江河湖交错带的典型水样点的群落分布特征。结果表明: 赣江下游河湖交错带冬季共有 6 个优势微生物类群, 分别是变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia); 夏季共有变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、蓝藻菌门、疣微菌门、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteria) 7 个优势微生物类群。冬季和夏季最大的优势微生物类群都是变形菌门, 其次为拟杆菌门。多样性指数表明夏季微生物群落丰富度和多样性高于冬季。采用 Canoco 软件做物种数量与环境因子之间的冗余分析, 结果表明: 影响冬季和夏季微生物分布特征的主要理化因子为总氮(T_N)、总磷(T_P)、pH 值。不同微生物对水环境的变化具有一定的承受力。季节的变化引起的理化因子的改变对优势微生物类群分布影响较小。微生物群落分布特征受多重因子的共同影响。

关键词: 赣江河湖交错带; 冬季; 夏季; 微生物; 影响因子

中图分类号: X 824 文献标志码: A DOI: 10.16357/j.cnki.issn1000-5862.2019.05.11

0 引言

微生物因数量巨大, 在生态系统的碳、氮、磷、硫和生物地球化学循环^[1]、加快被污染环境的修复^[2]、自然界的物质循环和能量流动之间发挥着重要作用。现阶段对微生物的研究多集中在土壤和水体, 马琨等^[3]采用磷脂脂肪酸和真菌形态鉴定方法研究了玉米、蚕豆、马铃薯间作模式下土壤微生物群落结构、功能对土壤环境变化的响应, 张云伟等^[4]通过田间小区实验研究了不同有机肥与减量 20% 化肥配施对烤烟根际微生物、青枯病防治及产量和品质的影响。水体微生物因在水域生态系统的物质循环和能量流动中起到重要作用而成为各种环境因子以及水污染的重要指示物。生态因子的变化相应地会引起水体微生物群落结构的变化, 研究水体微生物的分布及其影响因素的相互作用, 对水域生态学的研究具有重要意义。目前, 关于细菌多样性及其

与环境因子相互作用的研究越来越多^[5], 然而大部分集中在滨海地区、海洋和湖泊^[6-7]。徐超等^[8]通过对夏季太湖梅梁湾的采样分析, 研究了水体的细菌群落结构。孙寓娇等^[9]针对官厅水库做了水质分析和水体微生物多样性的响应研究, 白洁等^[10]做了南海南部海域的浮游细菌群落特征及影响因素的研究。闫法军等^[11]利用 Biolog 技术对刺身养殖池塘水体微生物群落功能多样性的季节变化做了研究。唐婧等^[12]应用对细菌 16S rDNA V4 区的高通量测序方法发现南明河段优势菌门为变形菌门, 其中 γ -变形菌纲为优势亚群, 假细胞均属为优势均属。但是针对某一流域内冬季和夏季微生物分布差异的研究较少。通过对微生物群落在冬季和夏季分布不同的研究可更好地了解微生物所处的环境特征。近年来, 分子生物学得到快速发展, 尤其是低成本自动化的高通量测序技术^[13-14]的迅猛发展, 能够快速并准确地获取所测样品中各分类水平上的微生物群落的组成, 为环境微生物的时空特征研究提供了方法支持。

收稿日期: 2019-01-02

基金项目: 国家自然科学基金(41561002)资助项目。

作者简介: 黄小兰(1968-), 女, 江西赣州市人, 副研究员, 博士, 主要从事城市化水环境研究。E-mail: huangxiaolanlan@163.com

河湖交错带是河流、湖泊等水体与陆地生态系统之间的过渡地带,具有丰富的物种多样性.汪祖茂等^[15]对贡湖湾水陆交错带进行底泥和水体理化因子的采样调查,对比研究了水体和底泥中磷浓度的变化趋势.吴林川等^[16]以广西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.鄱阳湖因其独特的地理条件和赣江复杂的水情关系构成了赣江河湖交错带区域.研究河湖交错带水环境微生物的时空特征及环境因子的相互作用对区域水生态系统安全有一定的理论意义.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

赣江是江西省内第 1 大河流,属于长江的第 2 大支流,赣州市以上为上游,赣州市—新干县为中游,新干县以下为下游.赣江地处亚热带季风性湿润气候,降水时空分布不均,具有明显的季节性和地域性.目前,针对赣江水环境的研究主要包括非点源面源污染^[17]、重金属分布^[18]、营养盐浓度^[19-20]、悬浮有机质来源^[21]和土地利用对水质的影响^[22].针对赣江微生物群落在冬季和夏季的群落结构及影响因子的研究还有待探索.本文选取赣江河湖交错带具比较代表性的区域作为研究地段,设置 3 个采样点,在 2015 年冬季和 2016 年夏季分别在表层和中底层混合采样,通过对水体微生物的分析,探讨赣江河湖交错带夏季和冬季微生物群落的分布及其影响因素,为赣江河湖交错带的水环境监测、水域生态系统的保护提供依据.

1.2 研究方法

在阅读相关文献及实地调研的基础上,确定了赣江下游的采集范围及采集日期,以江西省省内的赣江下游为研究对象,选取了 3 个采样点(分别在表层和中底层采样混合),在采集水样时手持 GPS 记录采样点的地理坐标,用电子 pH 仪器测定采样点的水温和 pH 值.每个采样点的地理位置见图 1 和表 1.

在 2015 年的冬季和 2016 年的夏季分别采集水样,每个采样点采集 2 L 水样,装入已灭好菌的聚乙烯瓶中,使用便携式冰箱低温保存,将水样在实验室无菌环境下进行过滤.每个样品通过 0.85 μm 和 0.45 μm 孔径的滤膜过滤 2 次,并把 0.45 μm 孔径的滤膜装入离心管,保存在 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 超低温冰箱中,备用于微生物分析.汞含量依据国家标准要求的原

子荧光光度法测定(SL 327.2—2005).总氮和总磷的含量依据国家标准的碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(GB 11894—89)和过硫酸钾消解钼酸铵分光光度法(GB 11893—89)进行测定.

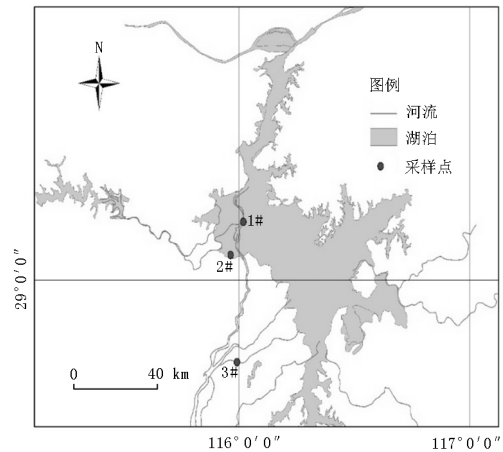


图 1 采样点位置示意

表 1 赣江河湖交错带微生物采样点地理坐标及位置概况

采样点	GPS	具体位置
1#	E 116°00'50.40" N29°11'22.26"	望湖亭(赣江和修河交汇处)
2#	E 116°00'53.86" N29°11'12.32"	赣江末端
3#	E 115°59'11.06" N28°43'44.19"	赣江下游的富大有路

E. Z. N. A. ® Soil DNA Kit (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U. S.) 提取样点基因组的 DNA,采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的 DNA. 使用引物序列为 338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG) 和 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT) 扩增 16S rRNA 的 V3 ~ V4 高变区. 由上海美吉生物医药科技有限公司对基因进行测序.

2 结果与分析

2.1 赣江河湖交错带地区夏季与冬季微生物群落分布

2.1.1 冬季优势微生物群落分布 通过水样分析可以得到 6 个优势微生物类群,分别是变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria) 和疣微菌门(Verrucomicrobia). 其中望湖亭水样点的变形菌门含量为 36.18%,拟杆菌门含量为 22.18%,厚壁菌门含量为 17.06%,放线菌门含量为 8.87%,疣微菌门含量为 3.75%,蓝藻菌门含量为 4.44%. 赣江末端水样点的变形菌门

含量为 37.35% ,拟杆菌门含量为 14.86% ,厚壁菌门含量为 16.06% ,放线菌门含量为12.05% ,蓝藻菌门含量为 11.65% ;富大有路水样点的变形菌门含量为 38.51% ,拟杆菌门含量为 16.95% ,厚壁菌门含量为 12.36% ,放线菌门含量为 11.49% ,蓝藻菌门含量为 11.21% . 其中疣微菌门只在望湖亭水样点中为优势微生物类群,而且含量最低. 在赣江河湖交错带冬季采样点中最大的优势微生物类群为变形菌门,拟杆菌门次之. 除了蓝藻菌门在赣江末端水样点和望湖亭、富大有路含量相差较大以外,其余的优势微生物类群在 3 个采样点中含量相差不大.

2.1.2 夏季优势微生物群落分布 通过水样分析得到 7 个优势微生物类群,分别是变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、蓝藻菌门、疣微菌门、绿弯菌门(*Chloroflexi*) 和酸杆菌门(*Acidobacteria*) . 其中望湖亭水样点的变形菌门含量为 43.50% ,拟杆菌门含量为 15.92% ,放线菌门含量为 8.93% ,蓝藻菌门含量为 4.66% ,疣微菌门含量为 3.11% ,绿弯菌门含量为

4.85% ,酸杆菌门含量为 4.08% ;赣江末端水样点的变形菌门含量为 41.42% ,拟杆菌门含量为 20.40% ,放线菌门含量为 8.04% ,蓝藻菌门含量为 4.64% ,疣微菌门含量为 3.86% ,绿弯菌门含量为 4.33% ,酸杆菌门含量为 4.17% ;富大有路水样点中变形菌门的含量为 44.98% ,拟杆菌门含量为 20.08% ,放线菌门含量为 9.21% ,蓝藻菌门含量为 7.74% ,疣微菌门含量为 3.35% . 在赣江河湖交错带夏季采样点中,最大的优势微生物类群为变形菌门,其次为拟杆菌门. 绿弯菌门和酸杆菌门只在望湖亭、赣江末端水样点中是优势微生物类群.

2.1.3 冬季和夏季优势微生物类群分布对比 在赣江河湖交错带选取的 3 个水样点中,无论在夏季还是冬季最大的优势微生物类群都是变形菌门,其次为拟杆菌门. 详见图 2 和图 3.

根据 Mothur 计算出冬季和夏季的各自水样点的微生物多样性指数值,详见表 2.

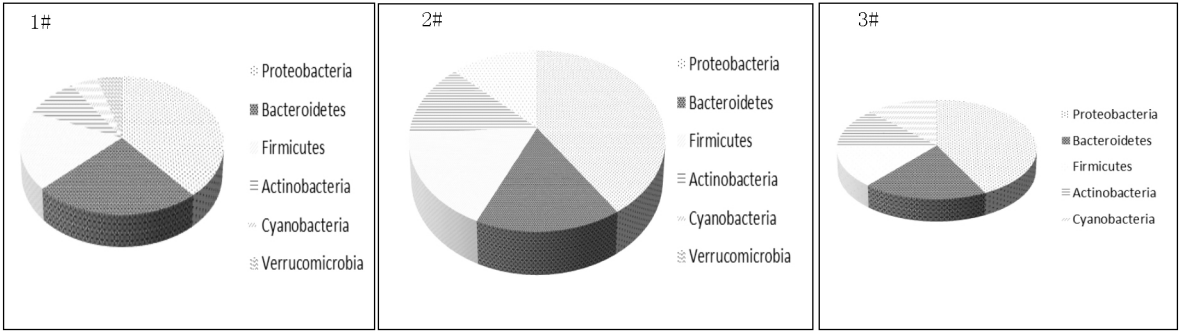


图 2 冬季采样点水样优势菌

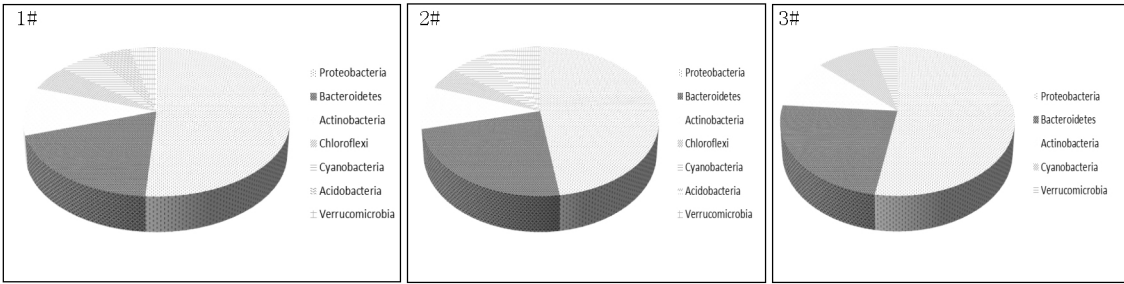


图 3 夏季采样点水样优势菌

表 2 微生物多样性指数

样本编号	O_{TU} number	C_{hao}	S_{hannon}	S_{impson}	A_{ce}
冬季 1#	293	453.59	2.45	0.20	508.96
冬季 2#	249	320.40	2.19	0.22	339.74
冬季 3#	348	429.68	2.67	0.18	439.63
夏季 1#	515	611.13	4.06	0.04	591.38
夏季 2#	647	753.92	4.42	0.03	749.96
夏季 3#	478	623.14	4.54	0.02	612.49

A_{ce} 指数和 C_{hao} 指数反映样品中群落的丰富度 (species richness) , C_{hao} 或 A_{ce} 指数越大说明群落丰富度越高. S_{hannon} 值越大说明微生物多样性越高; S_{impson}

指数值越大说明微生物多样性分布更均匀. 由表 2 可看出,赣江下游河湖交错带,冬季 O_{TU} 数量、 C_{hao} 、 S_{hannon} 、 A_{ce} 指数低于夏季, S_{impson} 指数冬季高于夏季,

这表明赣江下游河湖交错带夏季微生物群落丰度和多样性高于冬季.

2.2 赣江河湖交错带理化因子的测定

理化因子的变化对微生物群落的分布具有明显的影响, 本文选取 9 个理化因子进行测定, 详见表 3 和表 4.

表 3 冬季理化因子指标测量结果

水样点编号	1#	2#	3#
汞/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.000 5	0.000 5	0.000 6
铜/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.078 8	0.095 8	0.118 0
锌/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.470 0	0.434 0	0.429 0
铅/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.053 3	0.061 6	0.066 0
镉/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.004 8	0.004 7	0.003 9
总氮/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	2.750 0	3.020 0	3.220 0
总磷/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.074 0	0.082 0	0.101 0
水温/ $^{\circ}\text{C}$	13	12	12
pH 值	7.03	6.53	6.74

表 4 夏季理化因子指标测量结果

水样点编号	1#	2#	3#
汞/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.001 9	0.001 5	0.001 3
铜/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.000 0	0.000 0	0.000 0
锌/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.000 0	0.000 0	0.000 0
铅/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.091 0	0.023 0	0.072 0
镉/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.049 5	0.047 5	0.093 0
总氮/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	5.250 0	7.580 0	8.320 0
总磷/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	0.074 0	0.090 0	0.097 0
水温/ $^{\circ}\text{C}$	29	30	30
pH 值	7.63	7.61	7.49

注: Cu、Zn 因采用的是火焰原子吸收(GB 7475—1987) 而未能获得检测结果.

表 5 地表水环境质量标准

	汞	铜	锌	铅	镉	总氮	总磷
I 类	$\leq 0.000\ 05$	≤ 0.01	≤ 0.05	≤ 0.01	≤ 0.001	≤ 0.2	≤ 0.02
II 类	$\leq 0.000\ 05$	≤ 1.00	≤ 1.00	≤ 0.01	≤ 0.005	≤ 0.5	≤ 0.10
III 类	$\leq 0.000\ 10$	≤ 1.00	≤ 1.00	≤ 0.05	≤ 0.005	≤ 1.0	≤ 0.20
IV 类	$\leq 0.001\ 00$	≤ 1.00	≤ 2.00	≤ 0.05	≤ 0.005	≤ 1.5	≤ 0.30
V 类	$\leq 0.001\ 00$	≤ 1.00	≤ 2.00	≤ 0.10	≤ 0.010	≤ 2.0	≤ 0.40

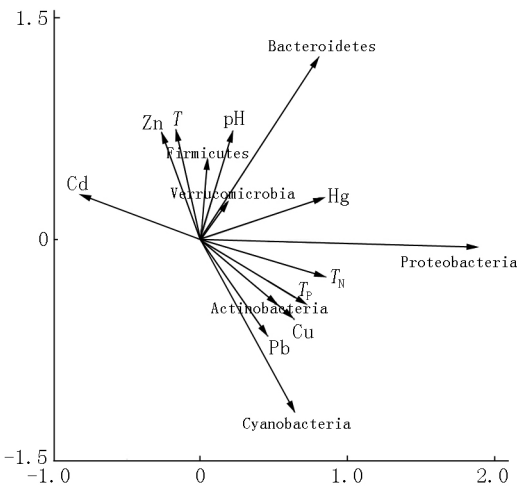


图 4 冬季水样数据的冗余分析

以上测量结果表明, 在冬季和夏季赣江河湖交错带理化因子变化明显. 冬季水温明显低于夏季, 夏季水样偏碱性, 冬季偏酸性, 化学因子也随着采集时间的变化而有明显差别. 根据《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002, 见表 5) ^[23], 对比发现, 夏季河流水位上涨, 对水体中的重金属含量有一定的稀释作用, 夏季重金属含量低于冬季, 但无论冬季、夏季水体均有一定程度的汞、铅、镉污染, 而且富营养化现象严重.

2.3 理化因子与微生物群落分布冗余分析

运用 Canoco 软件对 O_{TU} 数据进行 DCA 分析判断, 判断结果的 4 个轴中梯度最大值超过 4, 则本次数据分析使用单峰模型(CCA) 比较合适; 若最大值小于 3, 则使用线性模型(RDA) 冗余分析比较合适; 当 4 个梯度最大值介于 3~4 之间时, 2 种模型均合适. 另外需要注意的是, 物种数据的量纲不同时不适合做单峰模型排序, 即便梯度长度大于 4. 经过 DCA 分析得到 4 个轴中的梯度最大值为 0.297, 最大值小于 3.

为了更好地判断影响赣江河湖交错带微生物群落的理化因子, 在门分类水平上, 以微生物 O_{TU} 数量作为物种变量, 理化因子作为环境变量, 针对冬季和夏季, 使用 Canoco 软件做物种数量与环境因子之间的冗余分析. 图 4 和图 5 中箭头的长度表示它所代表的变量在排序空间的变异性, 2 个变量箭头之间夹角的余弦值表示 2 者之间的相关性.

由图 4 可看出, 变形菌门、放线菌门、蓝藻菌门与 T_N 、 T_P 、Cu、Pb 含量呈正相关, 与 Cd、Zn 含量、 T 呈负相关. 其中蓝藻菌门与 Pb 含量呈显著正相关, 与 Zn 含量呈显著负相关; 放线菌门与 Cu 含量呈显著正相关; 拟杆菌门、厚壁菌门、疣微菌门与 pH 值、Hg 含量呈正相关. 不同的微生物对各种水域环境具有一定的承受力, 如放线菌门对 Cu 的承受力就非常强.

由图 5 可看出, 拟杆菌门、疣微菌门与 T_P 、 T_N 含量、 T 呈正相关, 与 Hg、Pb 的含量呈负相关, 其中疣微菌门与 Pb 含量呈显著负相关. 变形菌门、酸杆菌门、放线菌门、绿弯菌门与 pH 值呈正相关, 这表明

它们喜欢在偏碱性的水域环境生存,其中放线菌门与Cd含量呈显著负相关,与汞的含量呈负相关。蓝藻门和变形菌门与铅、镉的含量呈正相关。

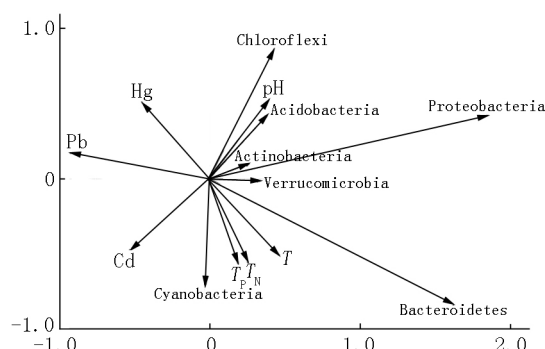


图5 夏季水样数据的冗余分析

3 讨论

3.1 关于赣江河湖交错带冬季和夏季微生物分布

高通量测序数据发现,赣江河湖交错带冬季有6个优势微生物类群,分别是变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、放线菌门、蓝藻菌门和疣微菌门。夏季有7个优势微生物类群,分别是变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、蓝藻菌门、疣微菌门、绿弯菌门和酸杆菌门。无论冬季还是夏季,最大的优势微生物类群都是变形菌门,其次为拟杆菌门。王鹏等^[24]利用高通量测序方法发现赣江南昌段在夏季优势微生物类群为变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门。国内外研究表明变形菌、拟杆菌门、放线菌门为河流中的优势细菌门类。本文中赣江河湖交错带在冬季和夏季得到的微生物类群区别是丰富度和多样性的不同,夏季丰富度和多样性明显高于冬季,但无论冬季还是夏季最大的优势微生物类群都是变形菌门和拟杆菌门。

3.2 关于冬季和夏季理化因子的分析

在生态系统中,各种环境因子之间的相互关系复杂多变^[25],河流细菌群落受到气候、水文、营养物质、重金属污染等众多环境因子的影响^[26]。本文用Canoco软件对物种数据和环境因子做冗余分析(RDA)后得出影响冬季和夏季的主要理化因子是总氮、总磷和pH值。Xiu Na等^[27]通过基因克隆文库的测序方法研究黄河表层水面和沉积物的细菌群落特征,研究表明影响细菌群落特征的主要影响因素是pH值、 D_{OC} 和含沙量。本文中检测的冬季的水体平均pH值是6.77,夏季平均pH值是7.58,大多数细菌、藻类、原核生物的最适pH值为6.5~7.6,

3个采样点的水体pH值符合这个范围。庞兴红等^[28]研究太湖夏季浮游细菌群落多样性特征与水体营养盐的关系发现 T_p 的含量与细菌丰富度存在较好的正相关。不同湖区营养盐与浮游细菌群落多样性也具有显著地正相关。吕明姬等^[29]通过16S RNA末端限制性片段长度多态性分析手段研究滇池的细菌群落结构发现氨氮、总氮、总磷对浮游细菌的分布影响最大,其次为pH值和温度。本文针对冬季和夏季3个采样点的理化指标监测表明,赣江存在较为严重的水体富营养化现象,夏季比冬季更为严重,导致细菌群落的丰富度和多样性增加,这与笔者前期的研究结果一致。冬季和夏季的重金属含量有巨大差别,但是最大的优势微生物类群都是变形菌门,这说明变形菌门对重金属污染的耐受力非常强。D. C. Gillan等^[30]的研究也得出了类似的结论。影响微生物多样性的不是单一的因子,而是受多重因子共同影响。

4 结论

通过对赣江下游河湖交错带典型样点的研究表明:冬季共有6个优势微生物类群,分别是厚壁菌门、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝藻菌门和疣微菌门;夏季共有变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝藻菌门、疣微菌门、绿弯菌门和酸杆菌门7个优势微生物类群。冬季和夏季最大的优势微生物类群都是变形菌门,其次为拟杆菌门。冬季的 O_{TU} 数量明显少于夏季, C_{hao} 和 A_{ce} 指数小于夏季,这表明赣江河湖交错带的冬季的微生物丰富度小于夏季。 S_{hannon} 指数小于夏季, $S_{simpson}$ 指数则相反,明显高于夏季,这表明赣江河湖交错带冬季的微生物多样性程度低于夏季。影响微生物多样性的不仅仅是受单一理化因子的影响,而是多种因子共同作用的结果。本文选取了汞、铜、锌、铅、镉、总氮、总磷、水温和pH值9个理化因子进行测定,发现赣江下游河湖交错带区域存在较为严重的汞、铅污染和水体富营养现象。冗余分析(RDA)结果表明,影响冬季和夏季微生物分布特征的主要理化因子为总氮、总磷、pH值。赣江下游水体富营养化严重,水中总氮、总磷等营养盐含量过多,适合微生物生长繁殖。大多数细菌、藻类、原核生物的最适pH为6.5~7.6,3个采样点的水体pH值符合这个范围。

5 参考文献

- [1] Barnard R, Leadley P W, Hungate B A. Global change, nitrification and denitrification: a review [J]. *Global Biogeochemical Cycles* 2005, 19(1): GB1007.
- [2] Uhlik O, Leewis M C, Strejcek M, et al. Stable isotope probing in the metagenomics era: a bridge towards improved bioremediation [J]. *Biotechnology Advances*, 2013, 31(2): 154-165.
- [3] 马琨, 徐佳丽, 马玲, 等. 间作栽培对连作马铃薯根际土壤微生物群落的影响 [J]. *生态学报*, 2016, 36(10): 2987-2995.
- [4] 张云伟, 徐智, 汤利, 等. 不同有机肥对烤烟根际土壤微生物的影响 [J]. *应用生态学报*, 2013, 24(9): 2551-2556.
- [5] Laque T, Farjalla V F, Rodado A S, et al. Spatiotemporal variation of bacterial community composition and possible controlling factors in tropical shallow lagoons [J]. *Microbial Ecology* 2010, 59(4): 819-829.
- [6] del Giorgio P A, Cole J J. Bacterial growth efficiency in natural aquatic systems [J]. *Annual Review Ecology and Systematics*, 1998, 29: 503-541.
- [7] Xu Ping, Leff L G. Longitudinal changes in the benthic bacterial community of the Mahoning River (Ohio, USA) [J]. *Hydrobiologia* 2004, 522(1): 329-335.
- [8] 徐超, 张军毅, 朱冰川, 等. 夏季太湖梅梁湾水体中细菌的群落结构 [J]. *环境监控与预警*, 2015, 7(1): 37-40.
- [9] 孙寓娇, 陈成, 丁爱中, 等. 官厅水库水质特征及水体生物多样性的响应 [J]. *中国环境科学*, 2015, 35(5): 1547-1553.
- [10] 白洁, 刘小沙, 侯瑞, 等. 南海南部海域浮游细菌群落特征及影响因素研究 [J]. *中国环境科学*, 2014, 34(11): 2950-2957.
- [11] 闫法军, 田相利, 董双林, 等. 刺身养殖池塘水体微生物群落功能多样性的季节变化 [J]. *应用生态学报*, 2014, 25(5): 1499-1505.
- [12] 唐婧, 徐小蓉, 商传禹, 等. 南明河城区河段细菌多样性与环境因子的关系 [J]. *微生物学报*, 2015, 55(8): 1050-1059.
- [13] 刘驰, 李家宝, 芮俊鹏, 等. 16S rRNA 基因在微生物学中的应用 [J]. *生态学报*, 2015, 35(9): 2769-2788.
- [14] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, et al. Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(Supplement 1): 4516-4522.
- [15] 汪祖茂, 蒋丽佳, 卢少勇, 等. 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(12M): 47-51.
- [16] 吴林川, 王冬梅, 卢洋, 等. 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): 21-25.
- [17] 徐刘凯, 王全金, 向速林, 等. 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.
- [18] 张宝军, 朱蒙曼, 王鹏, 等. 赣江流域水体中可溶态镉的时空分布特征及水质评价 [J]. *生态与农村环境学报*, 2014, 30(4): 495-499.
- [19] 王毛兰, 周文斌, 胡春华, 等. 赣江流域水体无机氮分布特征 [J]. *南昌大学学报: 理科版*, 2007, 31(3): 271-275.
- [20] 王鹏, 陈多多, 陈波, 等. 赣江水体氮磷营养盐分布特征与营养来源 [J]. *江西师范大学学报: 自然科学版*, 2015, 39(4): 435-440.
- [21] 王毛兰, 张丁玲, 赖建平, 等. 鄱阳湖水体悬浮有机质碳氮同位素分布特征及来源探讨 [J]. *中国环境科学*, 2014, 34(9): 2342-2350.
- [22] 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.
- [23] 中国国家环境保护总局. GB 3838—2002. 地表水环境质量标准 [S]. 北京: 中国国家环境出版社, 2002.
- [24] 王鹏, 陈波, 李传琼, 等. 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.
- [25] 刘乐冕, 杨军, 余小青. 厦门后溪流域沿城乡梯度浮游细菌多样性及其与环境因子的关系 [J]. *应用与环境生物学报*, 2012, 18(4): 591-598.
- [26] Ricciardi F, Bonnineau C, Faggiano L, et al. Is chemical contamination linked to the diversity of biological communities in rivers? [J]. *Tr AC Trends in Analytical Chemistry* 2009, 28(5): 592-602.
- [27] Xiu Na, Xia Xinghui, Liu Ting, et al. 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.
- [28] 庞兴红, 吕丽媛, 牛远. 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.
- [29] 吕明姬, 旺杰. 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.
- [30] Gillan D C, Danis B, Pernet P, et al. Structure of sediment associated microbial communities along a heavy-metal contamination gradient in the marine environment [J]. *Applied Environmental Microbiology* 2005, 71(2): 679-690.

The Analysis on Distribution of Microbial Community and Its Influencing Factors in the River-Lake Ecotone of Ganjiang River Downstream

HUANG Xiaolan^{1,2}, JIA Wei², YE Changsheng¹, JIAN Zhengjun², ZHANG Jian³

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

2. College of Geography and Environment, Jiangxi Normal University, Nanchang Jiangxi 330022, China;

3. Yiwu Shangxi Senior Middle School of Zhejiang province, Yiwu Zhejiang 322006, China)

Abstract: At present, most studies on bacterial diversity and its interaction with environmental factors are concentrated in coastal areas, oceans and lakes, but there are few studies on the differences in microbial distribution in winter and summer in a certain basin. This paper analyzes the differences in the distribution of microbial communities in the summer and winter in the river-lake ecotone in the lower reaches of the Ganjiang River and its influencing factors. By selecting typical samples of the river-lake interlaced zone in the lower reaches of the Ganjiang River for sampling analysis, the Mesq high-throughput sequencing technique is used to study the community distribution characteristics of typical water samples in the interlaced zone of the Ganjiang River. The results show that there are 6 dominant microbial groups in the river-lake interlaced zone in the lower reaches of the Ganjiang River in winter, namely Proteobacteria, Bacteroides, Thick-walled bacteria, Actinomycetes, Cyanobacteria and Sputum micro-bacteria. There are 7 dominant microbial groups of bacteria, Bacteroidetes, actinomycetes, cyanobacteria, sputum microphyllaxis, green bacillus and acid bacillus. The most dominant microbial group in winter and summer is Proteobacteria, followed by Bacteroides. The diversity index indicates that the abundance and diversity of microbial communities in summer are higher than those in winter. Physical and chemical factors analysis show that the heavy metal content in summer is lower than that in winter, but there is still a certain degree of heavy metal pollution of cadmium, lead and mercury in the lower reaches of Ganjiang River, and the eutrophication of water is more serious. The Canoco software is used to analyze the redundancy between species quantity and environmental factors. The results show that the main physical and chemical factors affecting the distribution characteristics of microbes in winter and summer are total nitrogen (T_N), total phosphorus (T_P) and pH value. Different microorganisms have a certain tolerance to changes in the water environment. The changes in physical and chemical factors caused by seasonal changes have little effect on the distribution of dominant microbial groups. The distribution characteristics of microbial communities are not only affected by single factor changes but also by multiple factors.

Key words: ecotone of the river-lake in Ganjiang River; winter; summer; microorganism; influence factors

(责任编辑: 刘显亮)