

阅海湖浮游细菌群落结构特征及其驱动因子

万永鹏¹, 邱小琮², 尹娟^{1*}, 赵睿智², 赵增峰¹, 李霖¹

(1. 宁夏大学土木与水利工程学院, 宁夏 银川 750021;

2. 宁夏大学生命科学学院, 宁夏 银川 750021)

摘要:通过在2021年4月、7月和10月采集水样,应用16S rDNA高通量测序技术和Mantel test分析,研究阅海湖浮游细菌群落结构、季节变化规律及其与环境因子的相关性。结果表明:阅海湖共检出至少119个细菌门,主要菌门为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、未明菌门(Unidentified_Bacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)。拟杆菌门、放线菌门、厚壁菌门、未明菌门和疣微菌门是造成浮游细菌群落结构差异的主要菌门。阅海湖浮游细菌物种丰度和多样性均存在显著的季节变化特征。水温、溶解氧、电导率、pH值、总氮和总磷是影响阅海湖浮游细菌群落结构的主要环境因子。

关键词:浮游细菌;群落结构特征;驱动因子;高通量测序;阅海湖

中图分类号:X524;X835 文献标志码:B 文章编号:1006-2009(2023)06-0042-07

Characteristics and Driving Factors of Bacterioplankton Community Structure in Yuehai Lake

WAN Yong-peng¹, QIU Xiao-cong², YIN Juan^{1*}, ZHAO Rui-zhi², ZHAO Zeng-feng¹, LI Lin¹

(1. School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China;

2. School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

Abstract: 16S rDNA high-throughput sequencing technology and Mantel test were used to analyze water samples collected from Yuehai Lake in April, July and October 2021, to study the community structure and seasonal changes of bacterioplankton, and their correlation with environmental factors. The results showed that at least 119 bacterial phyla were detected in Yuehai Lake. The main bacterial phyla were Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, Bacteroidota, Verrucomicrobiota, Unidentified_Bacteria and Firmicutes. Bacteroidetes, Actinobacteria, Firmicutes, Unidentified_Bacteria and Verrucomicrobiota were the main phyla that caused differences in bacterioplankton community structure. The species abundance and diversity of bacterioplankton in Yuehai Lake showed significant seasonal variation. Water temperature, dissolved oxygen, electrical conductivity, pH value, total nitrogen and total phosphorus were the main environmental factors affecting bacterioplankton community structure in Yuehai Lake.

Key words: Bacterioplankton; Community structure characteristics; Driving factor; High-throughput sequencing; Yuehai Lake

浮游细菌对水质变化反应高度敏感,浮游细菌群落结构的变化可以及时反映湖泊水生生态系统的健康状况^[1]。同时浮游细菌能够将内、外源有机污染物降解转化,起到净化水体水质的作用^[2]。因此,研究浮游细菌对维持水生生态环境的健康平衡具有重要意义。近年来,分子生物学技术的发展

极大地促进了微生物多样性等相关研究,目前高通

收稿日期:2022-09-24;修订日期:2023-08-23

基金项目:宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)基金资助项目(NXYLKK2021A03)

作者简介:万永鹏(1998—),男,宁夏中卫人,在读研究生,研究方向为水资源调控与水环境理论及技术。

*通信作者:尹娟 E-mail: yj7115@126.com

量测序技术已被广泛应用于海洋、湖泊水库、河流等不同水环境的微生物群落研究^[3]。

阅海湖是银川市面积最大、生态系统最完整的湖泊湿地。李斌等^[4]基于水样数据,对阅海湖水体中的浮游植物和浮游动物进行了定性、定量分析;曾世玉等^[5]采用综合污染指数法研究了阅海湖水质时空变化趋势。然而,缺乏以浮游细菌为内容的研究。今以阅海湖为研究区,采用 16S rDNA 高通量测序技术分析该湖浮游细菌的群落结构及其关键环境影响因子,旨在为阅海湖水生态系统健康发展和水环境保护提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

阅海湖位于宁夏银川市金凤区,地理范围为 E106°11' ~ E106°14', N38°31' ~ N38°37', 总面积为 2 000 hm², 其中湖泊面积为 1 791 hm²。阅海湖地属半干旱半荒漠气候区,日照充足,干旱少雨,蒸发强烈,降水主要集中在夏季。阅海湖湿地公园是西北地区第一家国家级湿地公园,是宁夏境内候鸟迁徙的重要过渡区。阅海湖的水源补给主要为黄河水和农田退水,近年来城市化的发展对水资源的要求越来越高,生活用水、工业用水量不断增大,生态用水面临着新的挑战。

1.2 采样点布设与样品采集

按照《地表水和污水监测技术规范》(HJ/T 91—2002)要求,综合考虑人为干扰,以及进水口和排水口分布情况^[6-7],在阅海湖布设 6 个采样点,分别为进水口(S1)、深水区(S2 和 S5)、浅水区(S3)、欢乐谷(S4)、出水口(S6),见图 1。于 2021 年 4 月、7 月和 10 月,每月中旬采样 1 次,分别代表春季、夏季和秋季。在每个采样点的水面下 50 cm 处取 5 L 水样,分装于 2 个 2.5 L 的采样瓶中,依次编号贴上标签,放置保温箱内于 4 °C 以下保存,12 h 内送至实验室分析。取一份水样使用 0.22 μm 滤膜和灭菌后的滤菌器过滤截留水样中的细菌,将滤膜保存于 -80 °C 以下,用于浮游细菌基因组 DNA 的提取;另一份水样用于水质指标的检测。

1.3 样品检测

1.3.1 水体理化指标测定

水温(WT)、溶解氧(DO)、电导率(EC)和 pH 值使用 YSI(Pro-plus)便携式水质分析仪现场测

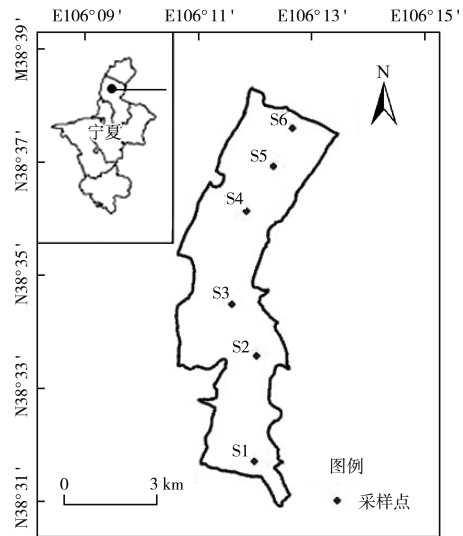


图 1 研究区位置与采样点分布

Fig. 1 Location of the study area and distribution of sampling sites

定。总氮(TN)采用《水质 总氮的测定 碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法》(HJ 636—2012)测定,总磷(TP)采用《水质 总磷的测定 流动注射-钼酸铵分光光度法》(HJ 671—2013)测定。

1.3.2 16S rDNA 高通量测序

使用 NucleoSpin 96 soi (MACHERY-NAGEL, Germany),按照制造商的规程提取所有过滤器的 DNA。以 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')为引物对 16S rDNA(V3+V4)区进行 PCR 扩增^[8]。PCR 扩增过程为:95 °C 初始变性 5 min; 然后进行 95 °C 变性 30 s, 50 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 40 s, 共 25 个循环; 而后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,回收 PCR 产物。扩增产物按等摩尔比混合后使用 DNA 凝胶提取试剂盒(Monarch, NEB, USA)纯化,并用于高通量测序^[9]。由 Biomarker 股份有限公司(北京,中国)使用 Illumina MiSeq 2500 平台和 PE250 策略进行测序。

使用 FLASH 1.2.11 连接成对的读取,然后使用 QIIME 1.9.1^[10] 处理连接的读取。在使用 Cutadapt 1.9.1 检测和裁剪引物序列之前,使用 Trimmomatic 0.33^[11] 对原始序列进行去噪、排序和分离。在过滤嵌合体 UCHIME 8.1 后使用 USEARCH 10.0^[12] 将剩余序列聚成 OTUs (> 97% 序列相似性),使用所有序列计数的 0.005% 阈值过滤 OTUs。使用 Silva 参考数据库确定每个 OTU

的代表性序列的分类学识别。 α 多样性计算使用 Mother 1.3.0。

1.4 研究方法

运用 16S rDNA 高通量测序技术分析比较阅海湖的浮游细菌群落结构特征。利用 R 语言和 Mother 软件计算物种丰富度指数 (ACE 指数和 Chao1 指数)、多样性指数 (Simpson 指数和 Shannon 指数)。采用柯尔莫哥洛夫-斯米尔诺夫 (K-S) 正态性检验来确定每个水环境变量、浮游细菌主要门类丰度占比变量及物种多样性指数变量是否符合正态分布。若水环境变量和浮游细菌主要门类丰度占比变量及物种多样性指数变量不符合正态分布 ($P < 0.05$), 则采用邓恩检验来进行不同季节之间的多重比较, 以及采用克鲁斯卡尔-沃利斯 (K-W) 检验进行差异分析。邓恩检验结果采用邦费罗尼 (Bonferroni) 方法校正, 此过程在 SPSS 统计学软件中完成。以丰富度指数 ACE 指数和多样性指数

Shannon 指数为因变量 (y_1 和 y_2), WT、DO、EC、pH 值、TN 和 TP 为自变量 (x_1 、 x_2 、 x_3 、 x_4 、 x_5 和 x_6), 建立线性回归方程进行分析, 识别浮游细菌群落的影响因子。通过计算通径系数, 比较各影响因子的影响程度。

2 结果与讨论

2.1 阅海湖水环境因子变化情况

表 1 为阅海湖环境因子的季节变化。由表 1 可知, 阅海湖秋季的 WT 较低, 平均值为 $5.75\text{ }^\circ\text{C}$, 显著低于夏季平均值 $30.17\text{ }^\circ\text{C}$ ($P < 0.05$)。春、夏、秋季的 pH 值变化范围为 $7.95 \sim 8.47$, 偏弱碱性。春季降雨较少, 水体离子浓度较高, EC 平均值为 345 S/m , 显著高于秋季平均值 163 S/m ($P < 0.05$)。春、秋季 TN 值属于《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002) 中的 III 类, 夏季 TN 值较高, 处于 IV 类。阅海湖 TP 质量浓度整体为 III 类。

表 1 阅海湖环境因子的季节变化^①

Table 1 Seasonal variation of environmental factors in Yuehai Lake^①

季节	WT $\theta/^\circ\text{C}$	DO $\rho/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	EC $\sigma/(\text{S} \cdot \text{m}^{-1})$	pH 值	TN $\rho/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	TP $\rho/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$
春季	$16.37 \pm 1.00^{\text{ab}}$	$9.30 \pm 0.29^{\text{ab}}$	$345 \pm 46^{\text{a}}$	$8.04 \pm 0.09^{\text{b}}$	$0.54 \pm 0.20^{\text{a}}$	$0.05 \pm 0.008^{\text{a}}$
夏季	$30.17 \pm 1.27^{\text{b}}$	$6.71 \pm 0.35^{\text{b}}$	$278 \pm 40^{\text{ab}}$	$8.15 \pm 0.08^{\text{ab}}$	$1.07 \pm 1.28^{\text{a}}$	$0.04 \pm 0.005^{\text{a}}$
秋季	$5.75 \pm 0.92^{\text{a}}$	$12.85 \pm 0.50^{\text{a}}$	$163 \pm 36^{\text{b}}$	$8.30 \pm 0.17^{\text{a}}$	$0.64 \pm 0.25^{\text{a}}$	$0.04 \pm 0.003^{\text{a}}$

①表中同列肩标字母不同表示差异显著 ($P < 0.05$), 字母相同表示差异不显著 ($P > 0.05$)。

2.2 阅海湖浮游细菌群落结构及季节变化规律

对阅海湖 18 个样品进行高通量测序分析, 获得 735 984 个 OTU, 平均每个样品 ($40\ 888 \pm 3\ 871$) 个 OTU, 共检出至少 119 个细菌门。依据细菌丰度占比 $> 1\%$ 筛选出 7 个主要菌门, 分别为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、疣微菌门 (Verrucomicrobiota)、未明菌门 (Unidentified_Bacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes), 丰度占比分别为 30.22% 、 19.35% 、 13.46% 、 11.60% 、 7.64% 、 6.84% 和 4.84% 。其他检出的细菌门丰度占比较低 ($< 1\%$)。这与目前报道的国内众多湖泊的主要菌门近似^[13-15]。

图 2(a) — (c) 分别为春、夏、秋季阅海湖各点位浮游细菌主要门类的相对丰度。由图 2 可见, 阅海湖各点位均为变形菌门相对丰度最高, 且主要菌门均为变形菌门、放线菌门、蓝细菌门、拟杆菌门、

疣微菌门、未明菌门和厚壁菌门, 呈现出一致性。

图 3 为阅海湖浮游细菌主要门类相对丰度的季节变化。由图 3 可见, 变形菌门春、夏、秋季丰度占比均显著高于其他菌门 ($P < 0.05$)。除此之外, 放线菌门、蓝细菌门和拟杆菌门丰度占比显著高于疣微菌门、未明菌门和厚壁菌门 ($P < 0.05$)。变形菌门与蓝细菌门在春、夏、秋季的丰度占比均没有显著差异 ($P > 0.05$), 而拟杆菌门、放线菌门、厚壁菌门、未明菌门和疣微菌门不同季节的丰度占比之间均有显著差异 ($P < 0.05$)。其中, 拟杆菌门春季丰度占比显著高于夏季 ($P < 0.05$), 放线菌门夏季丰度占比显著高于春季 ($P < 0.05$), 厚壁菌门秋季丰度占比显著低于春、夏季 ($P < 0.05$), 未明菌门春季丰度占比显著高于夏、秋季 ($P < 0.05$), 疣微菌门秋季丰度占比显著高于春季 ($P < 0.05$)。

2.3 阅海湖浮游细菌多样性及季节变化规律

表 2 为阅海湖浮游细菌物种丰富度指数和多

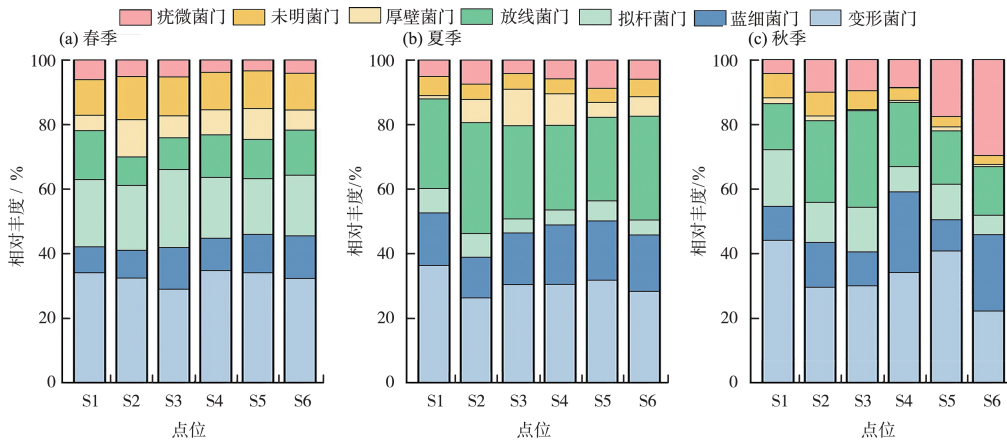


图 2 春、夏、秋季阅海湖各点位浮游细菌主要门类的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of the main phyla of bacterioplankton at each site in Yuehai Lake in spring, summer and autumn

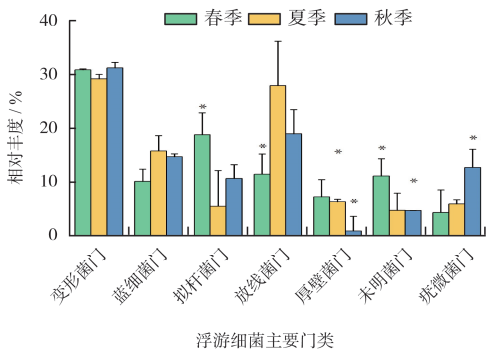


图 3 阅海湖浮游细菌主要门类相对丰度的季节变化

Fig. 3 Seasonal variation of relative abundance of main phyla of bacterioplankton in Yuehai Lake

多样性指数的季节变化。由表 2 可知,秋季 ACE 指数和 Chao1 指数均显著高于春季和夏季 ($P < 0.05$),表明阅海湖秋季浮游细菌物种丰富度指数显著高于春季和夏季 ($P < 0.05$)。Shannon 指数和 Simpson 指数在不同季节之间无显著差异,表明阅海湖浮游细菌物种多样性指数无显著的季节

变化。

基于 Bray-curtis 距离算法,对物种进行非度量多维尺度分析(NMDS)。NMDS 可以根据样品中所包含的物种信息,将样品以点的形式反映于多维空间上,点与点之间的距离能够反映样品间的相似性。图 4 为春、夏、秋季阅海湖浮游细菌各采样点的 NMDS 分析结果。由图 4 可见,Stress 值为 0.07,说明此次 NMDS 分析具有较好的代表性。相同季节的样点聚在一起,不同季节的样点相距较远(95%置信区间)。表明春季、夏季和秋季两两之间的浮游细菌群落结构差异明显 ($P < 0.05$)。不同程度的人类活动对浮游细菌群落结构的影响不同。阅海湖处于半干旱区,湖泊从春季开始进行多次人工补水,将黄河水用于补水,补水水质的季节变化对阅海湖浮游细菌群落结构会产生一定的影响。另外,夏季属于旅游旺季,人为活动的扰动及污染物入湖,对浮游细菌群落结构会产生较大影响。因此,阅海湖浮游细菌群落结构的季节差异显著。

表 2 阅海湖浮游细菌物种丰富度指数和多样性指数的季节变化^①

Table 2 Seasonal variation of species richness index and diversity index of bacterioplankton in Yuehai Lake^①

季节	ACE 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
春季	1 917 ± 59 ^b	1 820 ± 77 ^b	0.98 ± 0.001 ^a	7.52 ± 0.09 ^a
夏季	1 537 ± 173 ^b	1 465 ± 149 ^b	0.98 ± 0.003 ^a	6.96 ± 0.12 ^a
秋季	3 674 ± 995 ^a	3 391 ± 964 ^a	0.96 ± 0.027 ^a	7.02 ± 0.85 ^a

①表中同列肩标字母不同表示差异显著 ($P < 0.05$),字母相同表示差异不显著 ($P > 0.05$)。

2.4 阅海湖浮游细菌与环境因子回归分析

表 3 为 3 个季节阅海湖浮游细菌群落指数与

环境因子的线性回归方程。由表 3 可知,6 个线性回归方程的复相关系数 R 均 > 0.7 ,线性回归方程

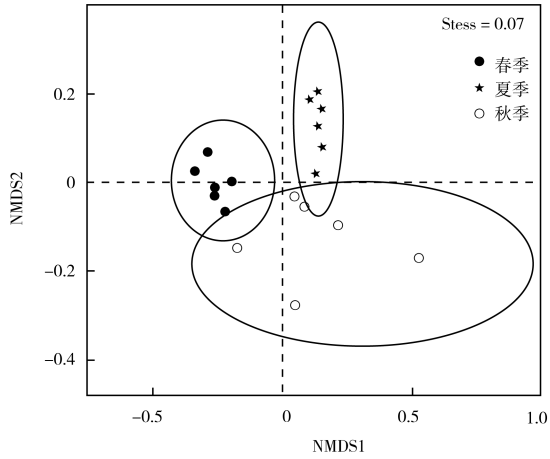


图 4 春、夏、秋季阅海湖浮游细菌各采样点的 NMDS 分析结果

Fig. 4 NMDS analysis results of bacterioplankton at each sampling site in Yuehai Lake in spring, summer and autumn

有效。春季阅海湖浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数线性回归方程入选的水环境因子自变量均为 DO、EC、pH 值、TN 和 TP, 夏季均为 WT、EC、pH 值、TN 和 TP。阅海湖秋季浮游细菌丰富度和多样性线性回归方程均入选的水环境因子自变量为 WT、DO、pH 值和 TP。

表 4 为 3 个季节阅海湖浮游细菌群落指数与环境因子的通径系数。由表 4 可知, 春季, 浮游细菌物种丰富度指数受 pH 值直接作用最大且表现为负向作用, pH 值通过影响 EC, 间接正向作用于浮游细菌物种丰富度指数。浮游细菌物种多样性指数受 DO 和 TP 直接作用较大。DO 直接作用为负向, 通过影响 TP, 间接正向作用于浮游细菌物种多样性指数。TP 直接作用为正向, 通过影响 DO, 间接负向作用于浮游细菌物种多样性指数。

表 3 3 个季节阅海湖浮游细菌群落指数与环境因子的线性回归方程

Table 3 Linear regression equation of bacterioplankton community index and environmental factor in Yuehai Lake in three seasons

季节	指数	线性回归方程	R
春季	ACE 指数	$y_1 = 8\ 885.332 - 109.336x_2 - 0.056x_3 - 718.12x_4 - 79.097x_5 + 1\ 181.303x_6$	1
	Shannon 指数	$y_2 = 10.614 - 0.54x_2 - 0.000\ 1x_3 + 0.253x_4 - 0.401x_5 + 12.281x_6$	1
夏季	ACE 指数	$y_1 = -21\ 164.286 - 177.823x_1 - 1.031x_3 + 3\ 904.54x_4 - 303.257x_5 - 12\ 915.622x_6$	1
	Shannon 指数	$y_2 = -4.566 - 0.106x_1 - 0.000\ 2x_3 + 1.873x_4 - 0.14x_5 + 7.09x_6$	1
秋季	ACE 指数	$y_1 = -337\ 790.828 - 2\ 637.602x_1 - 22\ 055.141x_2 + 69\ 661.016x_4 + 1\ 198\ 406.938x_6$	1
	Shannon 指数	$y_2 = -125.829 - 0.564x_1 - 9.185x_2 + 29.174x_4 + 8.321x_5 + 172.528x_6$	1

表 4 3 个季节阅海湖浮游细菌群落指数与环境因子的通径系数

Table 4 Bacterioplankton community index and path coefficient of environmental factor in Yuehai Lake in three seasons

季节	因变量	直接作用较大自变量	通径系数	间接作用				
				通过 DO	通过 EC	通过 pH 值	通过 TN	通过 TP
春季	ACE 指数	pH 值	-1.09	-0.03	0.40		-0.17	-0.04
		Shannon 指数	DO	-1.71		0.03	-0.07	0.02
		TP	1.20	-1.29	-0.24	-0.06	0.19	
夏季	ACE 指数	EC	-2.37	0.46		0.26	1.44	0.13
		pH 值	1.80	-0.35	-0.34		-1.17	0.23
		TN	-2.25	-0.19	1.51	0.93		0.10
	Shannon 指数	pH 值	1.29	-0.31	-0.12		-0.81	-0.16
		TN	-1.55	-0.17	0.52	0.67		-0.09
秋季	ACE 指数	DO	-10.24	0.81		10.39	1.60	-1.79
		pH 值	11.14	0.15	-9.55		-0.24	-0.85
	Shannon 指数	DO	-4.98	0.20		5.08	0.63	-0.30
	pH 值	5.45	0.04	-4.64		-0.10	-0.14	

夏季, 浮游细菌物种丰富度指数受 EC、pH 值和 TN 直接作用较大。EC 和 TN 直接作用为负向, EC 通过影响 TN 间接正向作用于浮游细菌物种丰富度指数, TN 通过影响 EC 间接正向作用于浮游

细菌物种丰富度指数。pH 值直接作用为正向, 通过影响 TN 间接负向作用于浮游细菌物种丰富度指数。浮游细菌物种多样性指数受 pH 值和 TN 直接作用较大。其中 TN 直接作用为负向, 通过影响

pH 值间接正向作用于浮游细菌物种多样性指数。pH 值直接作用为正向,通过影响 TN 间接负向作用于物种多样性指数。

秋季,浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数均受 DO 和 pH 值直接作用较大。其中,DO 直接作用为负向,通过影响 pH 值间接正向作用于浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数。pH 值直接作用为正向,通过影响 EC 间接负向作用于浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数。

随着 WT 的变化,细菌体内酶的活性会随之变化。细菌的生物过程如繁殖速率、扩散作用及物种间的相互作用等均受到 WT 的调控。一般来说,WT 在 12 °C ~ 33 °C 之间细菌的数量和生长速率随 WT 的升高而升高^[16]。阅海湖夏季 WT 平均值为 30.17 °C,接近于细菌生长最适温度上限,故夏季阅海湖浮游细菌生长已初现受 WT 过高的影响。阅海湖秋季 WT 平均值为 5.75 °C,远低于于细菌生长随 WT 升高而升高的区间,故 WT 对夏季阅海湖浮游细菌表现为负向作用。除 WT 之外,pH 值也可以通过影响细菌体内酶的活性进而直接对细菌的生物过程进行调控。另外,pH 值还可以通过影响水体环境中的其他因子如有机物的分子结构,而间接影响细菌的群落结构^[17]。在 3 个季节阅海湖浮游细菌丰富度和多样性线性回归方程中 pH 值均入选。其中,春季 pH 值对阅海湖浮游细菌表现为负向作用,夏、秋季表现为正向作用,其原因可能在于不同梯度 pH 值对浮游细菌生长的影响不同^[18]。阅海湖春季到秋季 pH 值逐渐升高,pH 值对浮游细菌的作用逐渐从负向转变为正向。因此,当 pH 值为 8.15 ~ 8.30 时,浮游细菌随 pH 值升高而升高。不同细菌有不同的最适需氧量,DO 浓度高,适宜好氧菌生长;反之,适宜厌氧菌生长^[19]。DO 入选春、秋季浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数线性回归方程,且直接作用均表现为负向。阅海湖春、秋季 DO 平均值分别为 9.30 mg/L、12.85 mg/L,均显著高于夏季(DO 平均值为 6.71 mg/L),大多数细菌是厌氧型,故阅海湖春、秋季的高 DO 浓度对浮游细菌生长表现为抑制作用。EC 可以反映水体中的可溶性盐浓度。大多数细菌的生长依赖于无机营养盐的类别和浓度^[16]。EC 入选春、夏季浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数线性回归方程,且直接作用均表现为负向,这说明春、夏季阅海湖无机营养盐种类少,不利

于细菌生长。在不同水生态环境中溶解性无机氮、无机磷均是细菌重要的氮磷来源^[20]。TN 和 TP 均入选春、夏季浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数线性回归方程。春季 TN 对浮游细菌表现为负向作用,TP 表现为正向作用;夏季 TN 对浮游细菌表现为负向作用,TP 对浮游细菌丰富度表现为较弱的负向作用,而对多样性表现为正向作用;春、夏季 TN 对浮游细菌虽然均表现为负向作用,但其原因不同。阅海湖夏季 TN 浓度超标,导致水质恶化,可能会影响浮游细菌群落,而春季 TN 浓度过低,限制了浮游细菌生长。

3 结论

(1) 阅海湖共检出至少 119 个细菌门。依据细菌丰度占比 > 1% 筛选出 7 个主要菌门,分别为变形菌门、放线菌门、蓝细菌门、拟杆菌门、疣微菌门、未明菌门和厚壁菌门。其中,拟杆菌门、放线菌门、厚壁菌门、未明菌门和疣微菌门是造成阅海湖浮游细菌群落结构差异的主要菌门。

(2) 阅海湖浮游细菌物种丰富度指数和物种多样性指数均存在显著的季节变化特征,物种丰富度指数秋季显著高于夏季,物种多样性指数春季高于夏季和秋季。3 个季节的浮游细菌群落结构存在显著差异。

(3) WT、DO、EC、pH 值、TN 和 TP 均是影响阅海湖浮游细菌群落结构的主要环境因子。其中,春季受 DO、EC、pH 值、TN 和 TP 影响;夏季受 WT、EC、pH 值、TN 和 TP 影响;秋季受 WT、DO、pH 值、TN 和 TP 影响。

[参考文献]

- [1] WANG X, WANG P F, WANG C, et al. Distinct strategies of abundant and rare bacterioplankton in river-reservoir system: Evidence from a 2 800 km plateau river [J]. *Environmental Research*, 2021, 199: 111418.
- [2] 刘洋, 刘琦, 田雨露, 等. 滦河干流中上游浮游细菌群落多样性及其影响因素 [J]. *生态学报*, 2022, 42(12): 5103-5114.
- [3] 薛银刚, 蒋聪, 耿金菊, 等. 基于 qPCR 和 16S rDNA 高通量测序研究蓝藻暴发期间太湖竺山湾水体浮游细菌群落 [J]. *环境监控与预警*, 2017, 9(3): 19-23.
- [4] 李斌, 白维东, 赵睿智, 等. 阅海湖浮游生物群落结构特征研究 [J]. *宁夏农林科技*, 2016, 57(11): 59-63.
- [5] 曾世玉, 于新花, 李思齐, 等. 基于综合污染指数法的宁夏阅海湖水水质评价 [J]. *绿色科技*, 2022, 24(8): 81-84.
- [6] 曹晶潇, 陆素芬, 齐国翠, 等. 广西坡豪湖水水质及营养状

- 态分析[J]. 环境监测管理和技术, 2021, 33(1): 33-37.
- [7] 吴岳玲, 李世龙, 邱小琮, 等. 清水河流域水质综合评价与评价[J]. 环境监测管理和技术, 2021, 33(2): 40-45.
- [8] HUWS S A, EDWARDS J E, KIM E J, et al. Specificity and sensitivity of eubacterial primers utilized for molecular profiling of bacteria within complex microbial ecosystems[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2007, 70: 565-569.
- [9] WANG C Y, ZHOU J W, LIU J, et al. Responses of soil N-fixing bacteria communities to invasive species over a gradient of simulated nitrogen deposition[J]. *Ecological Engineering*, 2017, 98(2): 32-39.
- [10] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335-336.
- [11] BOLGER A M, LOHSE M, USADEL B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(15): 2114-2120.
- [12] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [13] QUAIST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41(3): 590-596.
- [14] 赵君, 王鹏, 徐启渝, 等. 袁河流域不同土地利用方式下河流浮游细菌群落结构特征[J]. 环境科学学报, 2020, 40(3): 890-900.
- [15] 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.
- [16] 刘亚军, 刘欣, 牟晓真, 等. 大型浅水湖泊鄱阳湖湿地微生物的研究现状[J]. 微生物学通报, 2019, 46(12): 3453-3460.
- [17] 宋玉芝, 赵淑颖, 黄瑾, 等. 太湖水体附着细菌和浮游细菌的丰度与分布特征[J]. 环境工程学报, 2013, 7(8): 2825-2831.
- [18] 任丽娟, 何聃, 邢鹏, 等. 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.
- [19] 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.
- [20] 杜宛璐, 孙金辉, 麦永湛, 等. 珠江下游浮游细菌群落结构的时空分布特征[J]. 湖泊科学, 2020, 32(2): 380-394.

本栏目编辑 谢咏梅

(上接第41页)

- [4] 徐涵秋. 利用改进的归一化差异水体指数(MNDWI)提取水体信息的研究[J]. 遥感学报, 2005, 9(5): 589-595.
- [5] 岳健, 穆桂金, 唐自华, 等. 基于NDVI的新疆荒漠地区植被覆盖度遥感估算经验模型研究[J]. 干旱区地理, 2020, 43(1): 153-160.
- [6] 刘洋洋, 任涵玉, 章钊颖, 等. 中国草地覆盖度时空动态格局及其影响因素[J]. 水土保持研究, 2022, 29(2): 221-230.
- [7] 宋善海, 王堃, 陈艳, 等. 县域夜光遥感指数与生态环境状况指数相关性研究——以贵州省为例[J]. 贵州科学, 2019, 37(1): 38-45.
- [8] OECD. Environmental indicators: Development, measurement and use[R]. Paris: OECD Publication, 2003.
- [9] 徐涵秋. 城市遥感生态指数的创建及其应用[J]. 生态学报, 2013, 33(24): 7853-7862.
- [10] 徐涵秋. 区域生态环境变化的遥感评价指数[J]. 中国环境科学, 2013, 33(5): 889-897.
- [11] 田智慧, 尹传鑫, 王晓蕾. 鄱阳湖流域生态环境动态评估及驱动因子分析[J]. 环境科学, 2023, 44(2): 816-827.
- [12] 杨泽康, 田佳, 李万源, 等. 黄河流域生态环境质量时空格局与演变趋势[J]. 生态学报, 2021, 41(19): 7627-7636.
- [13] YANG X Y, MENG F, FU P J, et al. Spatiotemporal change and driving factors of the eco-environment quality in the Yangtze River Basin from 2001 to 2019[J]. *Ecological Indicators*, 2021, 131: 108214.
- [14] 李子晨, 陈俊旭, 赵筱青, 等. 星云湖岩溶断陷盆地湖泊水量水质演变及其相关性分析[J]. 水电能源科学, 2021, 39(5): 75-78.
- [15] 郑田甜, 赵祖军, 赵筱青, 等. 云南星云湖水质变化及其人文因素驱动力分析[J]. 湖泊科学, 2018, 30(1): 79-90.
- [16] ROUSE J W J, HAAS R H, SCHELL J A, et al. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS[J]. *NASA Special Publication*, 1974, 351(1): 309-313.
- [17] 何安良, 周江文. 基于RSEI模型的长沙市生态环境质量评价[J]. 江西科学, 2021, 39(2): 256-262.
- [18] 林平, 李小梅, 杨贤栋, 等. 基于LANDSAT 8城市地温反演精度分析[J]. 福建师范大学学报(自然科学版), 2018, 34(4): 16-24.
- [19] XU H Q. A new index for delineating built-up land features in satellite imagery[J]. *International Journal of Remote Sensing*, 2008, 29(14): 4269-4276.
- [20] WANG L, JIAO L, LAI F, et al. Evaluation of ecological changes based on a remote sensing ecological index in a Manas Lake wetland, Xinjiang[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(8): 2963-2972.
- [21] 朱泓, 王金亮, 程峰, 等. 滇中湖泊流域生态环境质量监测与评价[J]. 应用生态学报, 2020, 31(4): 1289-1297.
- [22] 李思楠, 赵筱青, 谭琨, 等. 基于GIS的抚仙湖流域土地利用时空变化研究[J]. 人民长江, 2019, 50(6): 63-69.
- [23] 刘冰, 张斌, 廖俊杰, 等. 基于RS与GIS的水土保持生态功能区生态状况评估[J]. 环境监测管理和技术, 2022, 34(3): 35-39.