J. Lake Sci.(湖泊科学),2026,38(6):000-000
DOI 10.18307/2026.0632
©2026 by *Journal of Lake Sciences*

宁夏南部 8 座水库不同生境细菌群落结构季节性变化特征及影响因素分析

董军林[1]，邱小琮[2]，尹娟[1**]，王楚尤[3]，赵增锋[1]
(1：宁夏大学土木与水利工程学院，银川 750021)
(2：宁夏大学生命科学学院，银川 750021)
(3：山西省地质调查院有限公司，太原 030006)

摘 要：为明晰宁夏南部干旱半干旱区水库不同生境细菌群落的时空演替特征及其环境驱动机制，本研究选取宁夏固原市 8 座典型水库为研究对象，采集水体与沉积物样品，综合运用 16S rRNA 基因高通量测技术，结合营养状态指数（TLI）评价、Mantel 检验和冗余分析，探究细菌群落的结构组成、季节动态及其与环境因子的关系。结果表明：8 座水库构建了从中营养（S6）到重度富营养（S1）的完整环境梯度，变形菌门（Proteobacteria）在水体（31.68%~36.49%）和沉积物（38.16%~43.48%）中均为第一大优势菌门。不同生境细菌群落表现出明显的演替非同步性，7 月水体群落受高温与强光照驱动蓝藻门（Cyanobacteriota）占据绝对优势（26.56%），导致群落结构单一化及 α 多样性下降，10 月再次升高；相比之下，沉积物生境更加稳定，富集了酸杆菌门（Acidobacteriota）和绿弯菌门（Chloroflexi）等底泥特有类群，α 多样性呈逐季增加趋势。环境驱动机制存在明显的生境特异性。水体细菌群落受总氮（TN）、总磷（TP）、高锰酸盐（COD_{Mn}）及硝态氮（NO_3-N）的影响显著（P<0.01），且夏季高温与 pH 是重塑群落结构的关键物理因子；沉积物群落的演替则主要受铵态氮（NH_4^+-N）、总磷（TP）及盐度（SAL）调控。本研究系统揭示了干旱半干旱区水库不同生境微生物群落结构的季节性差异及其影响因素，为区域水环境管理提供了科学依据。
关键词：水库；沉积物；细菌；不同生境；季节性差异

Seasonal Variations in Bacterial Community Structure and Influencing Factors Across Different Habitats of 8 Reservoirs in Southern Ningxia

Dong Junlin[1]，Qiu Xiaocong[2]，Yin Juan[1*]，Wang Chuyou[3] & Zhao Zengfeng[1]
(1: *School of Civil and Hydraulic Engineering*, *Ningxia University*, *Yinchuan* 750021, *P.R.China*)
(2: *School of Life Science*, *Ningxia University*, *Yinchuan* 750021, *P.R.China*)
(3: *Shanxi Geological Survey Institute Co., Ltd.*, *Shanxi* 030006, *P.R.China*)

Abstract: This study investigated the spatiotemporal succession patterns and environmental drivers of bacterial communities in different habitats of reservoirs in the semi-arid area of southern Ningxia. Water and sediment samples were collected from eight typical reservoirs in Guyuan City in April, July, and October 2025. Using 16S rRNA gene high-throughput sequencing, Trophic Level Index (TLI) evaluation, Mantel tests, and redundancy analysis (RDA), we analyzed bacterial community structure, seasonal dynamics, and their correlations with environmental factors. The TLI results showed that the eight reservoirs formed a continuous environmental gradient, from mesotrophic at Site S6 to hyper-eutrophic at Site S1. Proteobacteria dominated both water and

*2025-12-16 收稿；2026-03-20 收修改稿。
宁夏自然科学基金重点项目(2023AAC02026)和宁夏自然科学基金项目（2025AAC030142）联合资助。
**通信作者；E-mail：yj7115@126.com

sediment habitats, with relative abundances of 31.68%–36.49% in water and 38.16%–43.48% in sediment. Bacterial communities in different habitats showed clear asynchronous succession. In July, high temperatures and strong solar radiation promoted the growth of Cyanobacteriota, which reached a relative abundance of 26.56% in the water. This simplified the water bacterial community structure and reduced its α-diversity. In contrast, sediment bacterial communities remained relatively stable across seasons. Sediment habitats enriched benthic-specific taxa, such as Acidobacteriota and Chloroflexi, and their α-diversity increased gradually with seasonal changes. Environmental drivers of bacterial community succession showed clear habitat specificity. Water bacterial communities were significantly affected by total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), permanganate index (COD_{Mn}), and nitrate nitrogen (NO3-N) ($P<0.01$). High summer temperature and pH were also key physical factors altering the water bacterial community structure. In comparison, the succession of sediment bacterial communities was mainly controlled by ammonium nitrogen (NH4+-N), TP, and salinity (SAL). This study systematically clarifies seasonal variations in microbial community structures across different habitats in arid-region reservoirs and provides a scientific reference for regional water environment management.

Keywords: Reservoir; Sediment; Bacteria; Different habitats; Seasonal variations

水体和沉积物是水生态系统中截然不同但又紧密相连的两类生境[1]。由于不同生境具有显著不同的物理和化学特性，其生态系统中细菌群落结构特征也存在显著的差异[2]。作为水生态系统的重要参与者，细菌广泛存在于不同类型的水体和沉积物环境中[3]，并在水质维持、污染物降解及养分循环等关键生态过程中发挥着重要作用[4,5]。同时，由于细菌群落结构及其功能特征对环境生境的变化极度敏感，常被视为环境变化的重要生物指标[6]。

近年来，水体与沉积物细菌群落的组成结构、多样性、时空差异及其影响因素，已成为水生态学与环境微生物学研究的核心热点。水体中细菌群落结构的多样性、丰度与分布受水体理化指标及水中营养物质的调控[7,8]，在不同时间和空间尺度下，可以通过细菌群落的结构调整反映水生态状态的变化[9]。卫佩佩等[10]研究发现喜马拉雅东南端流域河流浮游细菌群落呈现明显季节分异，春季多样性指数最低且变形菌门丰度最高。方尧等[11]发现汉江浮游细菌群落 α 多样性季节差异显著，其中溶解氧和氨氮为秋季群落的主要影响因素。而沉积物作为水生态系统的重要组成部分，为微生物生存提供环境和营养物质，并承载水体中元素的沉降。周晓红等[12]研究发现青藏高原水域沉积物细菌群落结构受高海拔独特的水文与水动力条件影响，导致沉积物中的营养盐赋存形态与微生境异质性存在显著区别。刘淑涵等[13]研究发现沉积物是香溪河水体富营养化的重要内源，其中总磷是影响细菌群落结构和分布的主要环境因子，且不同形态磷存在着显著的季节性变化。同时，更多的研究不再局限于单一生境，而是聚焦到多生境层面，Song 等[14]研究我国新疆博斯腾湖与额碧湖细菌群落结构的结果表明，水环境中的金属污染会影响沉积物的微生物群落，而沉积物中细菌的多样性和丰度明显高于水体。尤本胜等[15]发现太湖水体和沉积物细菌群落多样性的主要驱动因子分别是水体 pH 和沉积物 TP 含量, 不同区域水体的营养盐变化能够间接改变水体和沉积物中细菌群落结构。张雨晴等[16]研究发现岱海不同生境细菌群落组成和影响因素各不相同，且多样性方面沉积物大于水体。因此，系统研究水体和沉积物细菌群落结构的差异和影响因素对于水生态治理与保护具有重要的科学意义。

水库作为水文调控与水资源管理的重要载体，在防洪抗旱、供水保障及维持流域生态平衡中发挥着不可替代的作用[17]。不同于天然水体相对稳定的水文环境，水库独特的水文条件和生态环境构建了动态的生态系统[18]。而水库水位季节性波动引起的水体理化因子的改变，影响沉积物理化性质与营养盐分布[19]，是驱动微生物群落时空动态变化的关键因素[20]。目前，水库微生物研究越来越多的受到科研人员的关注。有研究发现，金沙江[21]、汉江[22]、澜沧江[23]等河流的梯级水库中 pH、水温、溶解氧、总氮和总磷的垂直变化和季节性差异显著影响浮游细菌群落组成、多样性和丰度。丹江口[24]、万安[25]和三峡[26]等深水型水库不同深度细菌群落结构具有显著差异，表层多样性大于深层，且多受总氮、溶解氧和叶绿素 a 的影响。然而，现有研究仍存在明显的局限性，多集中于水量丰沛的大型河流梯级水库或地区大型/深水库，对干旱半干旱区水库微生物群落生境分异的研究仍相对有限，鲜有系统比较区域水库不同生境内部群落结构特征、季

节动态以及与环境因子的相关性差异。其相应群落结构特征和时空动态及环境响应机制亟待阐明。宁夏南部水库多具有典型的小型化、浅水化特征，且受农业灌溉调度和干旱半干旱区降雨径流的双重影响，不仅受制于强烈的季节性水文波动，还面临着严重的富营养化与盐渍化双重压力。此背景下，同步解析该地区水库水体与沉积物微生物群落的时空演替及其对环境的响应过程，能够识别驱动群落组成的关键环境因子，为半干旱区水库的水质精准管理与生态健康评估提供科学依据。

基于此，本研究选取宁夏南部固原市 8 座典型水库，分别于 2025 年 4 月、7 月和 10 月进行 3 次水体和沉积物样品采集，基于 16S rRNA 基因高通量测序结果和理化指标，综合运用主坐标分析（PCoA）、Mantel 检验和冗余分析（RDA），旨在揭示：（1）不同生境下水库细菌群落组成及 α、β 多样性格局；（2）探究特定生境中优势类群的季节性差异；（3）识别驱动两类生境细菌群落演替的核心环境变量。以期为干旱半干旱区水库水质健康和生态保护提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域

固原市位于宁夏回族自治区南部（105°19'－106°57'E，35°14'－36°31'N）,整体上位于黄河中游黄土丘陵沟壑区，属半干旱气候区，年降水量不足 600 mm，且多集中在 7－9 月，蒸发量大且水土流失严重，自然供给水源严重不足。为解决季节性缺水，固原市修建了多座水库，用以人畜饮用水源和农业灌溉，以缓解水资源对当地经济和生产生活的制约。为系统研究宁夏南部水库水体和沉积物细菌群落结构的时空差异性，本研究选取固原市境内 8 座代表性水库（具体位置如图 1 所示），于 2025 年 4 月、7 月和 10 月共进行 3 次样品采集，通过手持式 GPS 记录确定各采样点坐标和高程(表 1)。

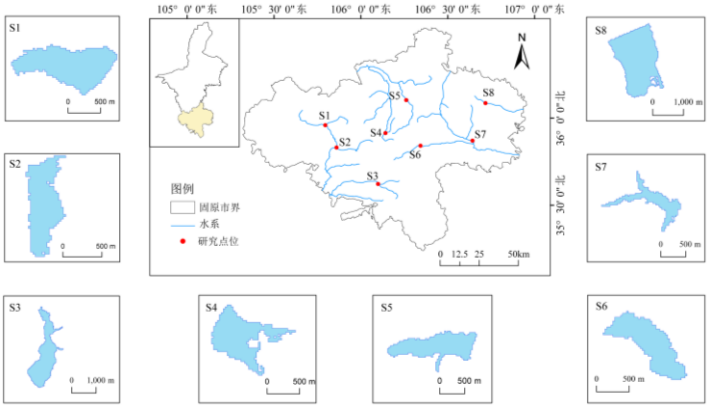

图 1 水库位置分布图

Fig.1 Location Distribution Map of Reservoirs

表 1 水库位置信息

Tab.1 Reservoir location information

点位编号	水库名称	经度	纬度	高程
S1	夏寨水库	105.7955130°	35.9588932°	1854.24
S2	张家咀头水库	105.8602734°	35.8308592°	1855.16
S3	三里店水库	106.0993273°	35.6214432°	2010.29
S4	西海子水库	106.1445919°	35.9043174°	2199.80
S5	沈家河水库	106.2804709°	36.1033329°	1620.52
S6	乃家河水库	106.3437683°	36.8410823°	1720.68
S7	石头崾岘水库	106.6428294°	35.8702115°	1441.42
S8	雅石沟水库	106.7176584°	36.0856887°	1611.43

1.2 样品采集与处理

水体样品通过使用采水器，于水库中央深水区（坝前）水下 0.5 m 深处采集 3 份，混合均匀后分为 2 份，待运回实验室后，一份立即通过 0.22 μm 孔径的无菌滤膜进行真空抽滤，抽滤完成迅速置于液氮或干冰中冷冻，随后转移至-80 ℃冰箱保存，用于 DNA 提取和 16S rRNA 测序。一份冷藏用于理化指标测定。共测定水体理化指标 10 项，其中现场使用 YSI（Pro-plus）便携式水质分析仪测定水体水温（T）、盐度（SAL）和电导率（EC）；pH、氟离子（F^-）、总磷（TP）、总氮（TN）、氨氮（NH_3-N）、硝态氮（NO_3-N）和高锰酸盐（COD_{Mn}）均按照《地表水环境质量标准》（GB3838-2002）中相关方法测定。

沉积物样品通过抓斗式采泥器进行采集，取样深度为表层 0~20 cm。为确保样品的代表性，在每个采样点避开回水湾和死水区，沿着水流主流线方向，以 GPS 定位点为中心，左右间隔 10m 的范围各采集一份样品，将 3 份样品充分混匀后均分为两份，一份存于 50 mL 无菌离心管中，低温保存用于细菌 16S rRNA 高通量测序；一份装入无菌聚乙烯采样袋中，待风干研磨过筛后用于理化指标测定。沉积物测定理化指标 8 项，包括 pH、盐度（SAL）、氟离子（F^-）、总磷（TP）、总氮（TN）、铵态氮（NH_4^+-N）、电导率（EC）和硝态氮（NO_3^--N），所有测定均参照国家相关标准方法进行。

1.3 DNA 提取与高通量测序

使用 NucleoSpin 96 Soil 试剂盒（Macherey-Nagel，Dueren，Germany）提取样品的总基因组 DNA。提取产物经琼脂糖凝胶电泳检测纯度与浓度后，用无菌水稀释至 1ng/μL 作为模板。针对细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增，引物序列为 341F(5′-CCTACGGGAGGCAGCAG-3′)和 806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)。纯化后的扩增产物构建测序文库，基于 Illumina NovaSeq 6000 平台进行高通量测序。原始测序数据导入 QIIME2 流程，调用 DADA2 插件进行质量控制、降噪、拼接及去除嵌合体，最终生成扩增子序列变异体(ASVs)。使用 classify-sklearn 算法将 ASVs 序列与 SILVA 数据库进行比对注释，以获取细菌物种分类信息。所有测序及生物信息学基础分析均由北京诺禾致源生物科技有限公司（NovogeneCo.,Ltd.,Beijing,China）完成。

1.4 数据分析与绘图

参照《湖泊（水库）富营养化评价方法及分级技术规定》，选取 TN、TP 和 COD_{Mn} 共 3 个指标对综合营养状态指数（TIL）进行计算：

$$TIL\sum_{j=1}^{m}W_j \times TLI(j) \tag{1}$$

$$TLT(TN)=10(5.453+1.694\ln TN) \tag{2}$$

$$TLT(TP)=10(9.436+1.624\ln TP) \tag{3}$$

$$TLT(COD_{Mn})=10(0.109+2.66\ln COD_{Mn}) \tag{4}$$

式中，W(TP)、W(TN)、和 W(COD_{Mn})分别为 0.5、0.3、和 0.2。营养状态分级为：$TLI(\Sigma)<30$ 为贫营养，$30\leq TLI(\Sigma)\leq 50$ 为中营养，$TLI(\Sigma)>50$ 为富营养，$50<TLI(\Sigma)\leq 60$ 为轻度富营养，$60<TLI(\Sigma)\leq 70$ 为中度富营养，$TLI(\Sigma)>70$ 为重度富营养。各水库水质营养状态指数见附表 I。

原始数据经标准化抽平（Rarefaction）后，利用 QIIME2 软件计算 α 多样性指数，以评估微生物群落的丰富度和均匀度。使用 R 语言中的 vegan 包计算 Bray-Curtis 距离矩阵，并进行主坐标分析(PCoA)，以可视化不同季节间微生物群落结构的差异。组间差异显著性检验采用非参数 Kruskal-Wallis 检验分析，$P<0.05$ 视为差异显著。环境因子与微生物群落的相关性通过 RDA 分析，并结合 Mantel 检验揭示主要驱动因子。

采样点位布置图采用 ArcGis 10.8 绘制，门属水平细菌群落结构柱状堆积图采用 Origin 2021 绘制。使用 R 语言 ggplot2 包绘制箱线图，使用 pheatmap 包绘制相关性热图。

2 结果与分析

2.1 不同生境理化因子分析

各水库水体和沉积物理化指标测定结果见表 2。水体 T、pH、F^-和 COD_{Mn} 整体表现为 4 月最低，在 7 月达到峰值；而 EC 和 SAL 尽管也是 7 月指标最大，但最小值出现在 10 月。TP、TN、NH_3-N、NO_3-N 等营养盐均表现为 10 月>7 月>4 月，出现随时间持续累积情况。沉积物中 SAL、NH_4^+-N、EC 和 NO_3^--N 在 7 月出现了明显的高峰，而 F^-恰好相反，在夏季表现最低值。TP、TN 从 4 月逐渐升高，10 月达到最大值。各指标在不同采样时间均表现出明显的季节性波动。

表 2 不同生境主要理化指标

Tab.2 Main physicochemical indicators of different habitats

水体理化指标	4 月	7 月	10 月	单位
T	16.06±1.76	28.58±1.96	19.23±3.84	℃
pH	7.84±0.21	9.09±0.29	9.06±0.34	
SAL	0.85±0.34	0.77±0.31	0.66±0.28	‰
F^-	0.93±0.33	1.06±0.49	0.97±0.40	mg/L
TP	0.04±0.04	0.06±0.04	0.09±0.06	%
TN	1.06±0.90	1.05±0.59	1.63±1.19	%
NH_3-N	0.19±0.17	0.44±0.30	0.59±0.26	mg/L
EC	1387.50±568.29	1677.88±754.26	1139.50±489.26	μs/cm
NO_3-N	0.005±0.003	0.013±0.017	0.033±0.039	mg/L
COD_{Mn}	3.08±1.91	6.78±3.22	6.22±2.45	mg/L
沉积物理化指标				
pH	8.51±0.16	8.32±0.19	8.37±0.18	
SAL	0.34±0.17	0.55±0.35	0.39±0.19	‰
F^-	1.39±0.71	0.88±0.33	1.31±0.46	mg/kg
TP	0.064±0.036	0.080±0.051	0.086±0.064	mg/kg
TN	0.064±0.033	0.082±0.049	0.095±0.058	mg/kg
NH_4^+-N	43.79±13.55	96.50±36.01	48.84±18.46	mg/kg
EC	675.63±322.61	1106.50±681.54	764.00±354.80	μs/cm
NO_3^--N	13.08±14.61	28.55±62.64	6.30±3.13	mg/kg

基于综合营养状态指数（*TLI*）的评价结果显示（图 2），研究选取的 8 座水库构建了显著的环境梯度，*TLI*(*Σ*)值介于 44.64 至 73.45 之间。其中，S6（乃家河水库）是唯一的中营养型水库（TLI<50），具有典型的高矿化度（SAL>0.5‰）与低营养盐特征，代表了受人为干扰较小的本底生境；S5（沈家河水库）与 S8（雅石沟水库）表现为显著的富营养化特征（TLI>65）。值得注意的是，S5 受农业面源污染驱动，表现为高氮磷负荷及剧烈的季节波动；而 S1（夏寨水库）则表现为极高的有机负荷（COD_{Mn} 均值为 8.99 mg/L），*TLI* 值最大。

2.2 细菌群落的 α 多样性分析

水库细菌 α 多样性指数如图 3 所示，各指数在水体中的差异不大。其中，Chao1 指数和 Observed_species 指数表现出相似趋势，整体表现为 4 月>10 月>7 月，分别从 4 月 669.697~1206.359、626~1911 降至 7 月 324.018~785.736、314~713；其余指数表现出 10 月>4 月>7 月，其中 Pielou 指数从 0.502~0.778 降至 0.532~0.742，Shannon 指数从 4.492~7.797 降至 5.890~7.295，Simpson 指数从 0.795~0.986 降至 0.946~0.984。统计检验表明，4 月与 7 月、10 月在 Chao1 指数和 Observed_species 指数间存在显著差异（P<0.05）。

沉积物细菌群落各指数显著高于水体微生物，主要表现为 10 月>7 月>4 月，其中 Chao1 指数、

Observed_species 指数和 Pielou 指数分别从 2387.116~4554.198、2174~4236、0.84~0.918 降至 1923.502~3908.547、1804~3688 和 0.776~0.901。统计检验结果表明，各指数 7 月与 10 月间均存在显著差异。

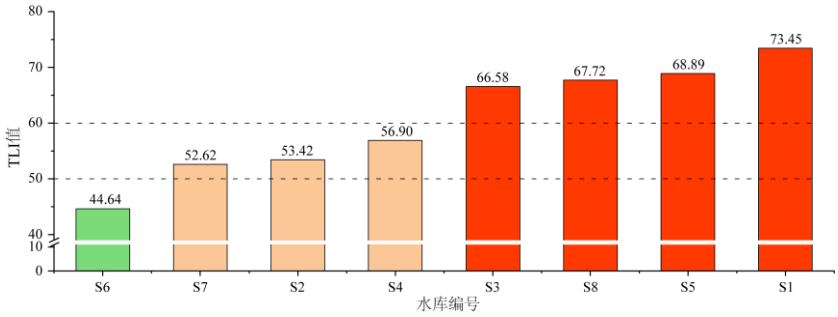

图 2 各水库综合营养状态指数图

Fig.2 Composite Nutritional Status Index Map of Each Reservoir

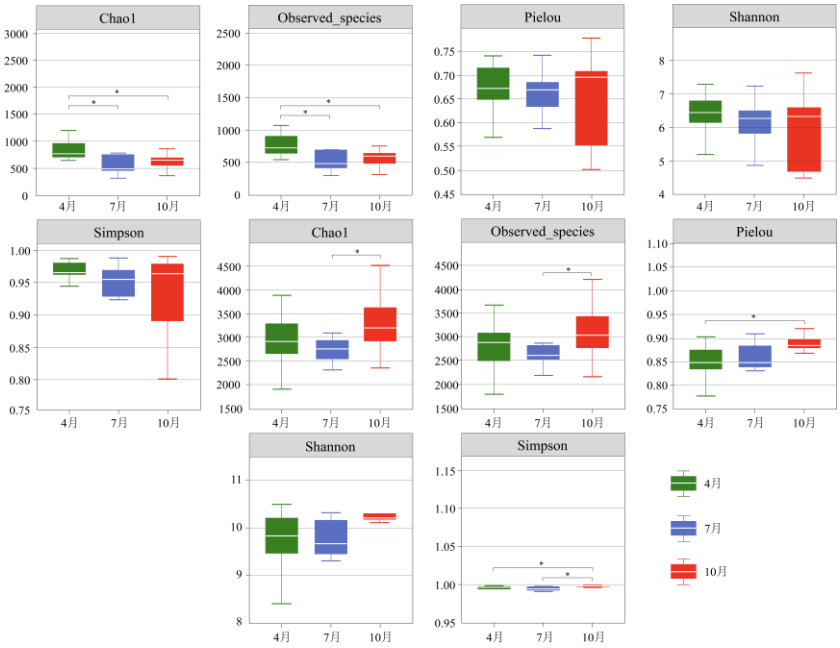

图 3 宁夏南部典型水库细菌 α 多样性指数箱线图

Fig.3 Box plot of bacterial α-diversity index of typical reservoirs in southern Ningxia

2.3 不同生境细菌群落特征

对 3 个季节共 24 个水体样本和 24 个沉积物样本进行细菌测序分析，分别获得 1,945,990 条和 1,872,934 条高质量序列，聚类为 33020 个细菌 ASVs。韦恩图分析显示(图 4A)，水体细菌 4 月、7 月和 10 月分别注释到 2286、1285 和 1480 个 ASVs，各组特有的 ASVs 数量差异明显，4 月占比最高，为 6.89%；7 月最低为 3.87%。沉积物细菌 4 月、7 月和 10 月分别注释到 8734、7999 和 11236 个 ASVs，各组特有的 ASVs 数量明显高于水体细菌，且以 10 月占比最高，达到 33.88%；4 月最低为 26.33%。各组共有 ASVs 数量仅为 148 个，仅占 ASVs 总数的 0.45%，说明不同季节不同生境的细菌群落在 ASVs 组成上具有显著差异。

根据相对丰度排名前 10 的细菌绘制门属水平柱状图，结果显示，在门水平中，变形菌门（Proteobacteria）在不同生境所有季节中均为最大优势类群，水体中（图 4D）其平均相对丰度在 4 月、7 月和 10 月分别为 33.74%、36.49%、31.68%，放线菌门（Actinomycetota）为第二大优势菌门，相对丰度介于 27.17%~34.35%

之间，蓝藻门（Cyanobacteriota）和拟杆菌门（Bacteroidota）也具有较大优势，相对丰度介于 13.35%~26.56%、8.11%~12.30%。前 4 大优势菌门占整个细菌群落的 91.35%~93.73%。沉积物中（图 4E）最大优势种也为变形菌门，其占比 7 月最高（43.48%）、4 月最低（38.16%），而排名第二的拟杆菌门占比仅介于 4.79%~9.93%，同时，Others 占比远高于水体，达到 14.74%~17.28%。

水库属水平相对丰度排名前 10 的水体和沉积物细菌群落组成表明，其中水体细菌（图 4F）不同季节相对丰度优势较大的类群主要有 *Planktothrix_NIVA-CYA_15*（0.84%~19.94%）、*Cyanobium_PCC-6307*（3.54%~13.53%）、*hgcI_clade*（9.43%~18.81%）、*CL500-29_marine_group*（4.40%~8.18%），沉积物中（图 4G）仅 *Thiobacillus* 优势较大（3.64%~9.07%），其余物种优势均保持较低水准，且未表现出显著季节性趋势。不同生境中均存在大量未分类或未定性的细菌类群，Others 在不同季节水体细菌中相对丰度占比达到 52.82%~58.78%，沉积物中更是达到 90.34%~95.45%，说明其微生物分类学研究仍有待深入。

为深入解析不同生境内部的群落演替特征，本研究分别对水体和沉积物样本进行了独立的 PCoA 分析。结果显示，水体细菌群落（图 4B）表现出显著的季节性演替规律。第一与第二主成分累计解释了总方差的 34.02%（PC1=23.07%，PC2=10.95%），其中第一主轴清晰地将 4 月与 7 月、10 月区分开来。相比之下，沉积物细菌群落（图 4B）的季节性聚类特征不明显。三个采样季节的样本点在排序空间中未出现明显类聚，置信椭圆发生大面积重叠，PC1 与 PC2 的累计解释率仅为 24.44%（PC1=12.78%，PC2=11.66%）。

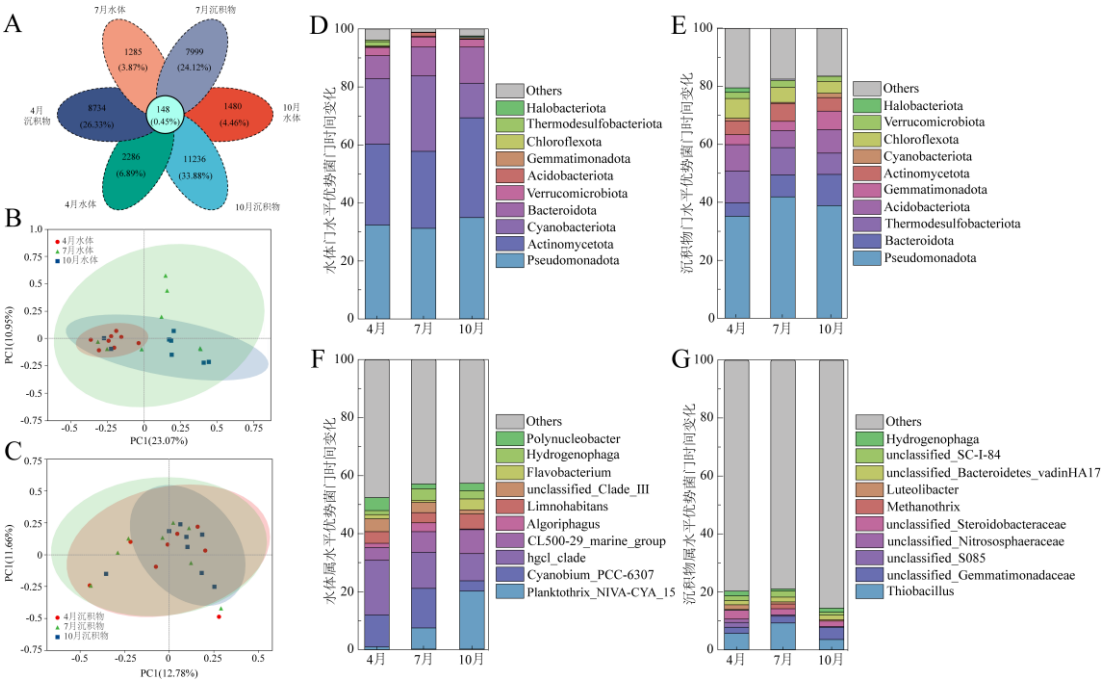

图 4 宁夏南部典型水库不同生境细菌群落结构组成及结构差异。A:不同生境细菌 ASV 韦恩图；B:水体细菌 PCoA 分析；C:沉积物细菌 PCoA 分析；D:门水平水体细菌相对丰度；E:门水平沉积物细菌相对丰度；F:属水平水体细菌相对丰度；G:属水平沉积物细菌相对丰度

Fig.4 The bacterial community structure and structural differences in different habitats of typical reservoirs in southern Ningxia. A: Venn diagram of bacterial ASVs in different habitats; B: PCoA analysis of waterborne bacteria; C: PCoA analysis of sedimentary bacteria; D: Relative abundance of waterborne bacteria at the phylum level; E: Relative abundance of sedimentary bacteria at the phylum level; F: Relative abundance of waterborne bacteria at the genus level; G: Relative abundance of sedimentary bacteria at the genus level.

为分析微生物细菌不同生境在不同季节组间丰度变化差异显著的物种，得到差异物种的富集情况，进

行线性判别分析效应量（Linear discriminantan alysis effect size，LEfSE）分析，结果如图 5 所示。其中 4 月（图 5A）拟杆菌门（Bacteroidota）是水体中最主要的差异指示类群，Chitinophagales 和 Bacteroidia 显著富集。此外，放线菌门（Actinomycetota）下属的 PeM15 类群以及热脱硫杆菌门（Thermodesulfobacteriota）下属的脱硫杆菌目（Desulfobacterales）也在水体中表现出较高的丰度。沉积物中的标志性物种主要由酸杆菌门（Acidobacteriota）和放线菌门（Actinomycetota）主导，其中 Vicinamibacterales 和 Microtrichales 显著富集。同时，绿弯菌门（Chloroflexi）也在沉积物中占据重要生态位。随着气温升高和光照增强，7 月水体微生物群落结构发生变化（图 5B），水体环境中蓝藻门（Cyanobacteriota）及其下属的 Cyanobacteriia 和 Synechococcales 呈现爆发式富集（LDA 值显著）。此外，变形菌门（Proteobacteria）下属的 Burkholderiaceae 也是夏季水体的重要指示物种。沉积物群落保持了相对的稳定性，但优势类群略有更替。绿弯菌门下属的 Anaerolineae 在 7 月沉积物中显著富集。进入 10 月后（图 5C），水体的核心指示物种转变为拟杆菌门下的 Flavobacteriales。同时，热脱硫杆菌门下属 Desulfobulbales 在水体中依然保持较高的显著性。酸杆菌门和放线菌门是沉积物的核心类群。值得注意的是，Nitrosomonadaceae 在 10 月沉积物中表现出显著富集，同时，Gemmatimonadaceae 维持着沉积物中的优势地位。

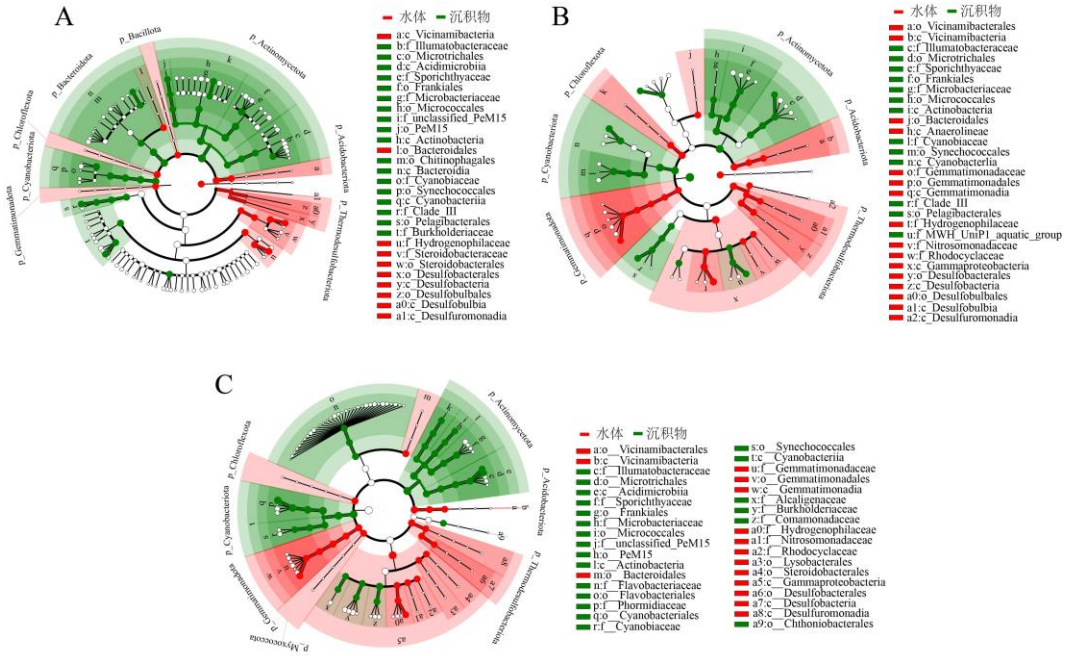

图 5 宁夏南部典型水库不同生境不同季节细菌群落进化分支图。A:4 月进化分支图；B:7 月进化分支图；C:10 月进化分支图。

Fig.5 Evolutionary Branch Diagram of Bacterial Communities in Different Habitats of Typical Reservoirs in Southern Ningxia in Different Seasons. A: April Evolution Branch Diagram; B: July Evolution Branch Diagram; C: October Evolution Branch Diagram.

2.4 不同生境细菌群落影响因素

计算环境因子与细菌群落优势菌门之间的 Spearman 相关性系数，并绘制关联热图（图 6）。结果显示，水体细菌群落结构受营养盐的强烈驱动，且表现出显著的季节性模式，其中 4 月（图 6A）与 10 月（图 6C）两个季节呈现出高度相似的环境响应模式。异养菌类群，特别是放线菌门（*hgcl_clade*）、假单胞菌属（*Pseudomonas*）和湖栖菌属（*Limnohabitans*），与氮磷营养盐表现出极显著的正相关关系（P<0.01）。7 月（图 6B）的环境驱动因子发生了明显转变。虽然部分异养菌仍受营养盐影响，但蓝细菌（特别是 *Planktothrix*）显示出与温度（T）和 pH 的正相关趋势。同时，夏季水体中 *CL500.29_marine_group* 与多数环境因子呈显著负相关，可能是由于其生态位受优势藻门的藻际微环境定向选择作用影响。

相比于水体，沉积物微生物与上覆水环境因子的相关性较弱且更为复杂。4 月（图 6D）*Pseudomonas* 和 *Limnohabitans* 依然表现出与 TP 和 TN 的正相关性，表明沉积物表层的营养沉积对这些类群有促进作

用。*unclassified_Nitrososphaeraceae* 与 NO_3^--N 呈显著正相关（P <0.05），表明春季沉积物中可能存在活跃的硝化作用过程。7 月（图 6E）和 10 月（图 6F）相关性模式较为离散。7 月，*CL500.29_marine_group* 与 NO_3^--N 呈极显著正相关（p<0.001）；而在 10 月，*Hydrogenophaga* 与 NO_3^--N 表现出显著正相关。此外，盐度（SAL）在秋季沉积物中成为显著的影响因子，与 *Limnohabitans* 和 Saccharoles 等类群呈正相关。

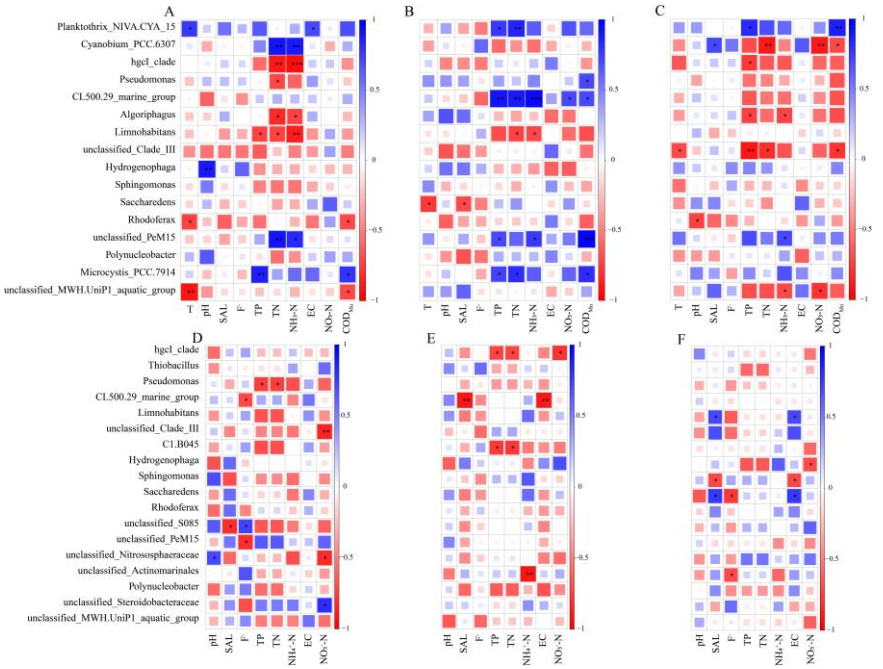

图 6 宁夏南部典型水库不同生境细菌群落环境因子在不同季节的相关性热图。A:4 月水体相关性；B:7 月水体相关性；C:10 月水体相关性；D:4 月沉积物相关性；E:7 月沉积物相关性；F:10 月沉积物相关性。

Fig.6 Heatmap of the correlations of environmental factors of bacterial communities in different habitats of typical reservoirs in southern Ningxia in different seasons. A: April water body correlation; B: July water body correlation; C: October water body correlation; D: April sediment correlation; E: July sediment correlation; F: October sediment correlation.

本研究结合 Mantel 检验和 RDA 分析（图 7），系统评估了环境因子对细菌群落结构的影响，以明确水库水体与沉积物细菌群落的主要环境影响因子。Mantel 分析结果显示，水体环境中(图 7A)，TN、TP、NH_3-N、NO_3-N、COD_{Mn} 等营养盐指标表现出极显著的正相关性（P<0.001），且 NO_3-N 与 Shannon、Simpson 及 Pielou 指数均呈极显著相关（P<0.01），TP 和 TN 也与 Simpson 指数和 Pielou 指数呈极显著正相关，与 Shannon 指数显著正相关。COD_{Mn} 与 Simpson 指数正相关。与水体不同，沉积物环境因子对 α 多样性的解释力普遍较弱（图 7B）。仅 F^-与 Chao1 指数呈极显著正相关，Shannon 指数和 Chao1 指数同绝大多数环境因子正相关，Simpson 指数及 Pielou 指数同多数环境因子负相关。

RDA 分析进一步揭示了环境因子如何塑造不同季节的细菌群落结构。水体群落中（图 7C）RDA 的前两轴共解释了群落变异的 31.4%（RDA1:17.64%，RDA2:13.76%），其中 TN、TP、COD_{Mn} 和 NO_3-N 等营养盐向量指向与 7 月样本高度关联，这可能与夏季水体富营养化程度高、蓝藻爆发导致群落结构单一化相关。4 月和 10 月样本更多受到 pH 和水温等物理因子的影响。沉积物中（图 7D），RDA 模型解释了沉积物群落变异的 40.44%（RDA1:20.6%，RDA2:19.84%），表明环境因子对沉积物群落结构有较好的解释度。NH_4^+-N 向量指向与 4 月沉积物样本紧密相关；TP 和 SAL 则主要影响了部分 7 月和 10 月的样本分布。与水体相比，沉积物群落受 pH 和 EC 的影响更为显著。

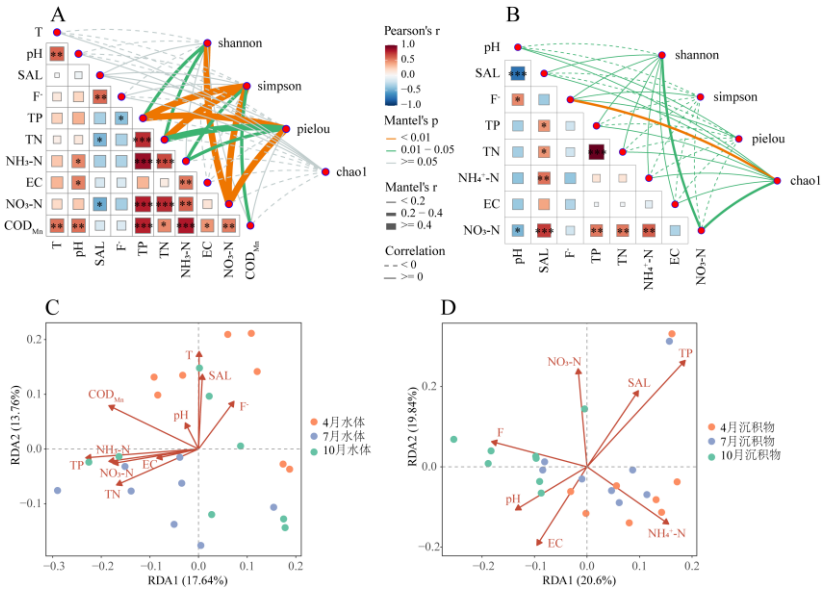

图 7 宁夏南部典型水库不同生境细菌群落 Mantel 检验和 RDA 分析。A:环境因子与水体细菌群落的 Mantel 检验；B:环境因子与沉积物细菌群落的 Mantel 检验；C:环境因子与水体细菌群落的 RDA 分析；D:环境因子与沉积物细菌群落的 RDA 分析。

Fig.7 Mantel test and RDA analysis of bacterial communities in different habitats of typical reservoirs in southern Ningxia. A: Mantel test of environmental factors and water body bacterial communities; B: Mantel test of environmental factors and sediment bacterial communities; C: RDA analysis of environmental factors and water body bacterial communities; D: RDA analysis of environmental factors and sediment bacterial communities.

3 讨论

3.1 生境异质性决定了细菌群落的组成与结构

研究发现，宁夏南部典型水库细菌群落组成中，变形菌门（Proteobacteria）在水体和沉积物中均处于绝对优势（相对丰度 31.68%~43.48%），有研究表明变形菌门因较强的适应能力[27]，是湖泊、河流等大多数水体的第一优势菌门[28,29]，且该类群包含许多具有多种生理功能和代谢的细菌类型，参与碳氮循环和污染物降解等过程[30]。水体环境中，放线菌门（Actinomycetota）的相对丰度明显高于沉积物，这可能是由于放线菌门的体积较小，不易附着于颗粒物表面且更适宜在水体中营浮游生活[31]；蓝藻门（Cyanobacteriota）较高的丰度，与水体透光层的光合作及溶解性有机物促进需求相适应[32]。相比之下，沉积物中酸杆菌门（Acidobacteriota）和绿弯菌门（Chloroflexi）显著富集，且 LEfSe 分析显示酸杆菌门和绿弯菌门是其关键变异指示物种，这些类群通常参与底泥中有机质的降解过程[33]。

尽管采样水库沉积物和水体细菌的群落结构显著不同，但两者间存在紧密的联系。我们注意到，在重度富营养型水库（如 S1）中，夏季蓝藻水华的爆发导致大量易降解有机碳沉降，驱动沉积物生境变形菌门等异养类群富集、拟杆菌门比例上升[17,34]。大量研究表明，在水库坝体拦截下，水体中有机质含量会逐渐沉积，而有机质既能作为微生物生长的营养资源，还会调控特定的代谢功能，包括元素循环和污染物降解等[35]，进而影响沉积物中的细菌的组成和功能[36,37]。此外，沉积物中的营养物质随水库库龄增加而持续累积，有利于沉积物中微生物的生长，使其丰富度随之升高[38]。部分水库呈现高氮磷负荷（如 S5），主要与该地区农业面源污染相关。水环境中输入的不同形态氮的转化过程会受到微生物和水动力条件变化的多重控制，造成微生物群落的丰富度和多样性会降低，同时筛选出具有耐受性的特定微生物类群，从而改变微生物群落的结构[39]。而磷在水环境中的输入、运移、沉降等过程，既受到水文环境影响，而且其生物过程的生化转化也离不开沉积物中微生物的活动[40]。同样的，在贫/中营养型水库（如 S6）中，受限于水体中较低的氮磷含量，沉积物无法获得大量的藻源性有机质，变形菌门等异养型细菌的繁殖受到影响，细菌群

落演替相对平稳。这种基于生境差异的响应模式，共同构成了干旱半干旱区水库微生物群落在不同营养水平下的空间分异格局。

3.2 细菌群落多样性的非同步季节演替特征

不同生境类型表现出非同步的季节演替特征。从 α 多样性角度，沉积物样本的 Chao1 指数、Observed species 指数、Shannon 指数及 Simpson 指数均显著高于水体样本（P<0.05），且沉积物特有的 ASVs 数量（26.33%~33.88%）远超水体。这表明沉积物作为水生生态系统的底质，相比于流动性强、环境相对均一的水体，提供了更为复杂的微生环境和生态位，从而支持了更高丰度的物种共存[41]。值得注意的是，水体细菌群落表现出丰富度（Chao1 指数）与多样性（Shannon 指数）的非同步季节演替特征。4 月 Chao1 指数虽高但 Shannon 指数较低，可能是由于春季解冻期及农业灌溉导致的径流输入，将大量土壤源细菌带入水体，显著扩充了水体微生物的物种库。7 月随着蓝藻爆发，导致群落结构单一化，两指数同步降至最低[42]。有研究认为该现象并非单纯由竞争排斥导致，更主要归因于蓝藻对异养细菌的“定向选择”与“协同共生”机制[43,44]。蓝藻水华构建了特殊的藻际微环境，富集了具备利用这些底物能力的特定异养菌群（如 Proteobacteria 和 Bacteroidetes）。这种营养互惠关系导致少数优势共生菌在群落中爆发性增长，极大地降低了群落的均匀度[45]。10 月蓝藻衰退后生态位释放，群落均匀度显著回升（Shannon 指数达到峰值）。与水体细菌群落对水质波动的即时响应不同，沉积物群落对环境变化的响应表现出明显的时滞效应与缓冲特征。虽然 7 月水体爆发了高强度的蓝藻水华，但沉积物细菌多样性峰值却延迟出现在 10 月，Chao1 和 Shannon 指数变化趋势一致，均表现为 10 月>7 月>4 月。其中 10 月 Chao1 指数达到峰值（1924~3909），显著高于 4 月。表明上覆水的有机质经沉降传递至底泥微生境需要一定的时间周期，随着季节推移，沉积物作为微生物的“汇”，通过沉降作用和内源滋生，实现了物种的持续累积与多样性的提升[46]。

PCoA 分析结果显示，水体中微生物表现出明显的季节演替规律。相反，沉积物样本不同季节组间显著重叠，其群落结构在时间尺度上保持相对稳定，受季节性气候波动的直接冲击较小。然而，α 多样性指数却在 7 月至 10 月间出现明显。这种非同步性变化揭示了优势类群与稀有类群不同的环境响应策略，变形菌门和绿弯菌门等核心优势类群在沉积物中长期维持高丰度，它们适应底泥稳定的理化环境，决定了群落结构的整体稳定性[47]。

研究发现，水体 10 月核心指示物种变为拟杆菌门下属的 Flavobacteriales，是固碳功能中的优势微生物类群，表明细菌群落从光能自养向有机质降解的功能演替[48]。相比之下，沉积物群落虽然整体结构较为稳定，但也表现出特定的功能类群演替。4 月以酸杆菌门下属 Vicinamibacterales 和放线菌门下属 Microtrichales 为主导；7 月随着温度升高，厌氧类群中绿弯菌门 Anaerolineae 显著富集；而进入 10 月后，Nitrosomonadaceae 的显著出现表明秋季沉积物中氨氧化过程（硝化作用）活跃[49]。尽管本研究未直接测定沉积物硫系化合物浓度，但微生物群落结构特征为硫循环的活跃性提供了强有力的生物学证据。沉积物中不仅富集了以 *Thiobacillus* 为代表的硫氧化菌，同时显著存在热脱硫杆菌门及其下属的 Desulfobacterales 和 Desulfobulbales（图 5A、C）。前者驱动硫化物的氧化[50]，后者介导硫酸盐的异化还原[51]，这两种功能类群的高丰度共存表明沉积物中存在紧密的“硫酸盐还原－硫氧化”机制。RDA 分析显示盐度（SAL）是沉积物群落的关键驱动因子（图 7D），在宁夏干旱半干旱区，高盐度通常伴随着高背景值的硫酸盐浓度，这为硫循环微生物提供了适宜的环境，从而维持了其在沉积物中的优势地位[52,53]。

3.3 水体与沉积物细菌群落影响因素。

本研究中，Mantel 检验与 Spearman 相关性分析共同揭示了水库水体细菌群落受营养盐的强烈调控。TN、TP、NO_3-N 及 COD_{Mn} 与水体细菌 Shannon 指数、Simpson 指数及优势异养菌群（*hgcl_clade*、*Pseudomonas*、*Limnohabitans*）呈显著正相关（P<0.01）。表明在 4 月和 10 月，当水温适宜且无大规模藻类爆发时，水体处于“资源依赖型”状态，丰富的氮磷底物促进了以湖栖菌属（*Limnohabitans*）为代表的典型淡水浮游细菌的快速增殖与多样性维持[54]。RDA 分析表明，水体 7 月细菌群落结构与高浓度的氮磷营养盐及有机负荷（COD_{Mn}）高度相关（图 7C）。结合 Spearman 热图可知，优势藻属 *Planktothrix* 与水温（T）和 pH 呈显著正相关，说明夏季水体群落并非受单一因子控制，而是受富营养化生境与高温高 pH 的双重驱动[55]。营养盐为微生物生长提供了充足底物，而夏季特有的物理环境进一步筛选了适应性的蓝藻类群，还可能通过

改变碳酸盐平衡影响细菌代谢[56]，从而塑造了新的群落结构。而沉积物细菌群落结构受 pH 和 EC 的驱动更为显著。有研究发现，pH 值的差异是不同季节沉积物微生物群落差异的主要原因之一[17]，对微生物群落的空间分布差异和 α 多样性差异有很高的解释度[57,58]，通过调节沉积物中营养盐的形态与有效性直接限制微生物代谢[35]；而 EC 能反映不同生境下微生物群落碳代谢功能多样性，是评价微生物对碳源底物利用程度的重要指标[59]，影响底栖微生物的生存与分布。

Mantel 分析显示沉积物群落与当月上覆水理化因子的相关性较弱（图 7B），RDA 分析中环境因子对沉积物群落的解释度（40.44%）虽高于水体（31.4%），但驱动因子截然不同。这反映了沉积物由于独特的微生物环境，其物理结构（如孔隙度）和化学梯度的缓冲作用减弱了上覆水短期波动的影响[60]。4 月沉积物群落与 NH_4^+-N 紧密相关，且 Spearman 分析表明 *unclassified_Nitrososphaeraceae* 与 NO_3^--N 显著正相关，可能是由于春季水库沉积物中的发生活性硝化作用，铵态氮被氧化为硝态氮，积累了氮循环微生物的生态位[61]。*Pseudomonas* 和 *LimDANhabitans* 在沉积物中仍与 TP 保持正相关，这可能归因于水体颗粒磷的沉降效应，为底栖异养菌提供了可利用的磷源[62]。研究发现 10 月沉积物中盐度（SAL）成为关键因子，影响了 Saccharoles 等类群的分布，主要是由于秋季水位变化或蒸发导致的底泥孔隙水离子强度发生改变，筛选了耐盐能力较突出的特定的微生物类群[63]。

4 结论

1)宁夏南部典型水库水体与沉积物细菌群落表现出显著的生境异质性特征。TLI 评价显示，水库涵盖了从中营养到重度富营养的多种生境类型。变形菌门在两类生境中均为绝对优势类群。水体中放线菌门与蓝藻门丰度较高，α 多样性表现出显著的季节性波动，受蓝藻爆发影响在 7 月降至最低。沉积物中则富集了酸杆菌门与绿弯菌门，多样性显著高于水体，整体表现为 10 月>7 月>4 月；而 PCoA 分析显示沉积物不同季节样本的高度重叠，表明其在时空尺度上的稳定性显著强于水体。

2)不同生境细菌群落呈现出不同的季节波动演替模式。水体群落受季节影响明显，7 月高温与光照使蓝细菌爆发式增长，迅速占据核心生态位并改变微生境条件，导致群落结构单一化。沉积物群落演替则受底质生化循环过程的内在驱动，4 月受铵态氮影响显著，10 月出现活跃的硝化功能类群（Nitrosomonadaceae），且硫循环功能群（*Thiobacillus*）始终维持优势。

3)TN、TP、NH_4^+-N、NO_3-N 及 SAL 是驱动细菌群落结构演变的主要环境因子，但不同生境其作用机制存在差异。水体群落主要受“营养盐－温度”双重驱动，其中 TN 和 TP 与异养菌多样性呈极显著正相关，是维持 4 月、10 月群落多样性的关键；而 7 月高 pH 和温度是重塑群落结构、导致蓝藻优势的主控因子。沉积物群落对上覆水环境因子的响应具有滞后性和缓冲性，其结构变异主要受底质内部 NH_4^+-N 累积及盐度（SAL）变化的调控。

5 附件

附表 I 见电子版（DOI 10.18307/2026.0632）.

6 参考文献

[1] Zeng J, Jiao C, Zhao D *et al.* Patterns and assembly processes of planktonic and sedimentary bacterial community differ along a trophic gradient in freshwater lakes. *Ecological Indicators*, 2019, **106**: 105491. DOI: 10.1016/j.ecolind.2019.105491.

[2] Jiao C, Zhao D, Zeng J *et al.* Disentangling the seasonal co-occurrence patterns and ecological stochasticity of planktonic and benthic bacterial communities within multiple lakes. *Science of the Total Environment*, 2020, **740**: 140010. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.140010.

[3] Hao Z, Wang Y, Chen E *et al.* Climate and biological factors jointly shape microbial community structure in the Yarlung Zangbo River during the dry season. *Science of The Total Environment*, 2025, **969**: 178930. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2025.178930.

[4] Lepere C, Domaizon I, Humbert J-F *et al.* Diversity, spatial distribution and activity of fungi in freshwater ecosystems. *PeerJ*, 2019, **7**: e6247. DOI: 10.7717/peerj.6247/table-1.

[5] Tant CJ, Rosemond AD, Mehring AS *et al.* The role of aquatic fungi in transformations of organic matter mediated by nutrients.

Freshwater Biology, 2015, **60**(7): 1354-1363. DOI: 10.1111/fwb.12573.

[6] Yang Y, Li S, Gao Y *et al.* Environment-driven geographical distribution of bacterial communities and identification of indicator taxa in Songhua River. *Ecological Indicators*, 2019, **101**: 62-70. DOI: 10.1016/j.ecolind.2018.12.047.

[7] Gao J, Feng W, Yang F *et al.* Effects of water quality and bacterial community composition on dissolved organic matter structure in Daihai lake and the mechanisms. *Environmental Research*, 2022, **214**: 114109. DOI: 10.1016/j.envres.2022.114109.

[8] Huang Y, Wang P, Ding MJ *et al.* Community Composition, Symbiotic Patterns, and Influencing Factors of PlanktonicFungi in Urban Lakes of Nanchang. *Environmental Science*, 2023, **44**(10): 5556-5566: DOI: 10.13227/j.hjkx.202210191. [黄祎, 王鹏, 丁明军等. 南昌城市湖泊浮游真菌群落组成、共生模式及影响因素. 环境科学, 2023, **44**(10): 5556-5566.]

[9] Pan X, She Z, Shao R *et al.* Vertical spatialdistribution of bacteria in a pit lake affected by acid mine drainage in Anhui Province and its influencing factors. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(6): 2090–2103. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20210470. [潘鑫, 佘智祥, 邵锐等. 安徽省某酸性矿山废水坑湖中细菌群落的垂向分布特征及其影响因素. 微生物学报, 2022, **62**(06): 2090-2103.]

[10] Wei PP, Xu JJ, Bu LS *et al.*Diversity and biogeographic patterns of bacterioplankton in the Yarlung Zangbo River Basin, southeastern Himalayas. *J Lake Sci*, 2026, **38**(02): 790-804. DOI: 10.18307/2026.0233. [卫佩佩, 徐佳杰, 卜令苏等. 喜马拉雅东南雅鲁藏布江流域河流浮游细菌多样性与生物地理模式. 湖泊科学, 2026, **38**(02): 790-804.]

[11] Zheng S, Wang P, Wang C *et al.* Distribution of metals in water and suspended particulate matter during the resuspension processes in Taihu Lake sediment, China. *Quaternary international*, 2013, **286**: 94-102. DOI: 10.1016/j.quaint.2012.09.003.

[12] Zhou XH, Yang ZY, B *et al.* Analysis of Bacterial Community Structure and Functional Characteristics of Different SourcesSediments in the Xizang Region of the Qinghai-Tibet Plateau. *Environmental Science*. DOI: 10.13227/j.hjkx.202509105. [周晓红, 杨子怡, 边巴卓玛等. 青藏高原西藏地区不同来源沉积物细菌群落结构与功能特征解析. 环境科学:1-16.]

[13] Liu S, Song L, Luo L *et al.* Spatial and temporal distribution of sediment microbial communities in Xiangxi River of Three Gorges Reservoir. *J Lake Sci*, 2025, **37**(05): 1733-1745. DOI: 10.18307/2025.0535. [刘淑涵, 宋林旭, 罗丽娜等. 三峡水库香溪河沉积物微生物群落时空分布特征. 湖泊科学, 2025, **37**(05): 1733-1745.]

[14] Song W, Qi R, Zhao L *et al.* Bacterial community rather than metals shaping metal resistance genes in water, sediment and biofilm in lakes from arid northwestern China. *Environmental Pollution*, 2019, **254**: 113041. DOI: 10.1016/j.envpol.2019.113041.

[15] You BS, Ma SZ, Geng MD *et al.* Distribution patterns and driving factors of bacterial communities in water and sediment of Lake Taihu. *J Lake Sci*, 2023, **35**(5): 1774-1785. DOI: 10.18307/2023.0536. [尤本胜, 马书占, 耿梦蝶等. 太湖水体和沉积物细菌群落分布格局及其驱动因素. 湖泊科学, 2023, **35**(05): 1774-1787.]

[16] Zhang YQ, Shao KQ, Hu Y *et al.* Bacterial diversity and community composition in lake water and sediment of Lake Daihai. *J Lake Sci*, 2022, **34**(06): 2070-2082. DOI: 10.18307/2022.0621. [张雨晴, 邵克强, 胡洋等. 岱海水体及沉积物细菌多样性及群落组成特征. 湖泊科学, 2022, **34**(06): 2070-2082.]

[17] Zhang XY, Liu J, Xia PQ *et al.* Spatiotemporal Characteristics and Driving Mechanisms of Phosphorus Release from the Sediment-water Interface in Deep-water Reservoirs: A Case Study of Danjiangkou Reservoir. *Environmental Science*, DOI: 10.13227/j.hjkx.202504090. [张潇月, 刘杰, 夏佩琦等. 深型水库沉积物-水界面磷释放时空特征与驱动机制：以丹江口水库为例. 环境科学:1-15.]

[18] Chen J, Wang J, Guo J *et al.* Eco-environment of reservoirs in China: Characteristics and research prospects. *Progress in Physical Geography: Earth and Environment*, 2018, **42**(2): 185-201. DOI: 10.1177/0309133317751844.

[19] Dey S, Botta S, Kallam R *et al.* Seasonal variation in water quality parameters of Gudlavalleru Engineering College pond. *Current Research in Green and Sustainable Chemistry*, 2021, **4**: 100058. DOI: 10.1016/j.crgsc.2021.100058.

[20] Guo J, Zheng Y, Teng J *et al.* Characteristics of spatial distribution for microbial ecology inside and outside source water reservoir. *Journal of Cleaner Production*, 2021, **311**: 127697. DOI: 10.1016/j.jclepro.2021.127697.

[21] Chen LX, Li Z, Tang Q *et al.* Structure and Ecological Processes of the Bacterioplankton Community in the Cascade Reservoirs of the Lower Reaches of the Jinsha River. *Environmental Science*, 2025, **46**(05): 2805-2815. DOI: 10.13227/j.hjkx.202404029. [陈露欣, 李哲, 汤琼等. 金沙江下游梯级水库浮游细菌群落结构及生态过程. 环境科学, 2025, **46**(05): 2805-2815.]

[22] Liang J, Huang F, Huang R *et al.* Characteristics of Variation in Aquatic Environmental Factors and Bacterial Communit

yunder Ecological Regulation of Reservoir in the Hanjiang River. *Water Resources and Power*, 2020, **38**(02): 65-68. DOI: 10.20040/j.cnki.1000-7709.2020.02.016. [梁俊, 黄峰, 黄睿等. 水库生态调度下汉江水环境因子及细菌群落变化特征. 水电能源科学, 2020, **38**(02): 65-68.]

[23] Chen YC, Lin YQ, Chen QW *et al*. Characteristics and associated mechanisms of substance transport and transform in large reservoirs along the Lancang River. *Advances in Water Science*, 2022, **33**(04): 531-541. DOI: 10.14042/j.cnki.32.1309.2022.04.002. [陈宇琛, 林育青, 陈求稳等. 澜沧江高坝大库物质迁移转化特征及其机制. 水科学进展, 2022, **33**(04): 531-541.]

[24] Zhang WW, Gao SS, Li ML *et al.* Vertical Distribution Characteristics and Driving Factors of Bacterioplankton and Nitr ogen Phosphorus Cycle Genes in Danjiangkou Reservoir. *Environmental Science*, 2024, **45**(07): 3995-4005. DOI: 10.13227/j.hjkx.202307255. [张玮玮, 高姗姗, 李梦璐等. 丹江口水库浮游细菌和氮磷循环基因垂直分布特征及其驱动因素. 环境科学, 2024, **45**(07): 3995-4005.]

[25] Liu HB, Fan YF, Lin R *et al.* Spatiotemporal characteristics of bacterioplankton community structure and assembly pat-terns in deep-water reservoir. *J Lake Sci*, 2025, **37**(05): 1744-1760. DOI: 10. 18307/2025. 0536. [刘慧博, 范逸飞, 林蓉等. 深水型水库浮游细菌群落结构及组装模式的时空变化特征. 湖泊科学, 2025, **37**(05): 1744-1760.]

[26] Qin Y, Zhang X, Wang ZW *et al.* Seasonal Variation of Microorganism Community Structure in the Middle Section of Three Gorges Reservoir. *Journal of Hydroecology*, 2021, **42**(06): 16-23. DOI: 10.15928/j.1674-3075.201911300298. [秦宇, 张曦, 王紫薇等. 三峡水库中段水体微生物群落结构的季节变化. 水生态学杂志, 2021, **42**(06): 16-23.]

[27] Lei TT, Chen LZ, Chen SX *et al.* Progress in research on the adaptability of microorganisms to extremely cold environments. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(06): 2150-2164. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20210641. [雷婷婷, 陈良仲, 陈绍兴等. 微生物对低温极端环境适应性的研究进展. 微生物学报, 2022, **62**(06): 2150-2164.]

[28] Shi YJ, Li WB, Guo X. Characterization of bacterial community structure in soil and water media during the opening period of the Yellow River in Inner Mongolia. *China Environmental Science*, DOI: 10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20231129.007. [史玉娇, 李文宝, 郭鑫. 黄河内蒙段开河期水土介质中细菌群落结构特征研究. 中国环境科学:1-14.]

[29] Yu JL, Zhao JK, Luo SQ *et al.* Characterization of Microplastic Surface Bacterial Community Structure and Prediction of Ecological Risk in Poyang Lake, China. *Environmental Science*, 2024, **45**(05): 3098-3106. DOI: 10.13227/j.hjkx.202305055. [俞锦丽, 赵俊凯, 罗思琦等. 鄱阳湖候鸟栖息地微塑料表面细菌群落结构特征与生态风险预测. 环境科学, 2024, **45**(05): 3098-3106.]

[30] Wang ZC, Ma Y, Li YXY *et al.* Response of Relationship Between Microplastic Abundance and Nitrogen Metabolism Function Microorganisms and Genes in Water. *Environmental Science*, 2024, **45**(06): 3661-3670. DOI: 10.13227/j.hjkx.202307060. [王志超, 马钰, 李雅馨月等. 水体微塑料丰度与氮代谢功能微生物及基因的响应关系. 环境科学, 2024, **45**(06):3661-3670.]

[31] Wang P, Zhao J, Xiao H *et al.* Bacterial community composition shaped by water chemistry and geographic distance in an anthropogenically disturbed river. *Science of the total environment*, 2019, **655**: 61-69. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2018.11.234.

[32] Wang C, Xu H, Cheng T *et al.* Affinity-based alleviation of dissolved organic matter (DOM) on tetracycline toxicity to photosynthesis of green algae Chlorella vulgaris: roles of hydrophilic and hydrophobic DOM. *Environmental Science and Pollution Research*, 2023, **30**(14): 42165-42175. DOI: 10.1007/s11356-023-25201-7.

[33] Chang JB, Yan DW, Jiang HY *et al*. Effects of Organic Carbon Fertilizer on Soil Bacterial Community Structure in Tobacco-Growing Soil and Flue-Cured Tobacco Yield and Quality. *Shandong Agricultural Sciences*, 2024, **56**(11): 83-91. DOI: 10.14083/j.issn.1001-4942.2024.11.011. [常剑波, 严定伟, 蒋海洋等. 有机碳肥对植烟土壤细菌群落结构和烤烟产质量的影响. 山东农业科学, 2024, **56**(11): 83-91.]

[34] Wang X, Li Z, Li X *et al.* Effect of the decline of cyanobacterial bloom on the organic carbon composition of lake sediment carbon pool. *J Lake Sci*, 2020, **32**(02): 346-356. DOI: 10.18307/2020.0212. [汪旋, 李致春, 李翔等. 蓝藻水华衰亡对沉积物碳库有机碳组分的影响. 湖泊科学, 2020, **32**(02): 346-356.]

[35] Gao Y, Lin L, Pan X *et al.* Ecological research advances in microbial communities within reservoir sediments: Acomprehensive review. *J Lake Sci*, DOI: 10.18307/2026.0302. [高煜, 林莉, 潘雄等. 水库沉积物微生物群落的生态学研究进展. 湖泊科学:1-19.]

[36] Chen Y, Lin Y, Chen Q *et al.* Characteristics and associated mechanisms of substance transport and transform in large reservoirs along the Lancang River. *Advances in Water Science*, 2022, **33**(4): 531-541. DOI: 10.14042/j.cnki.32.1309.2022.04.002.

[37] Ferriz LM, Ponton D, Storck V *et al.* Role of organic matter and microbial communities in mercury retention and meth ylation in sediments near run-of-river hydroelectric dams. *Science of the Total Environment*, 2021, **774**: 145686. DOI: 10. 1016/j.scitotenv.2021.145686.

[38] Yuan B, Guo M, Wu W *et al.* Spatial and seasonal patterns of sediment bacterial communities in large river cascade reservoirs: drivers, assembly processes, and co-occurrence relationship. *Microbial ecology*, 2023, **85**(2): 586-603. DOI: 10.1007/s00248-022-01999-6.

[39] Kang S, Van Nostrand JD, Gough HL *et al.* Functional gene array–based analysis of microbial communities in heavy metals-contaminated lake sediments. *FEMS microbiology ecology*, 2013, **86**(2): 200-214. DOI: 10.1111/1574-6941.12152.

[40] Zhu ZJ, Chen M, Xue SM *et al.* Nitrogen and phosphorusas major factors shaping microbial community structures in surface sediments in Xiangxi River,Three Gorges Reservoir. *J Lake Sci*, 2023, **35**(02): 473-486. DOI: 10.18307/2023.0208. [朱智杰, 陈默, 薛思敏等. 氮和磷是影响三峡库区香溪河表层沉积物中微生物群落结构的主要因素. 湖泊科学, 2023, **35**(02): 473-486.]

[41] Zhang SQ, Liu ZH, Gao H *et al.* Key drivers of bacterial community differences and biomarker identification in the Raohe River sediments impacted by heavy metals and nutrients. *Water Resources Protection*, 2025, **41**(04): 253-264. DOI: 10.3880/j.issn.1004 6933.2025.04.029. [张顺清, 柳志会, 高寒等. 金属和营养盐污染下饶河沉积物细菌群落差异的主导因素及生物标志物识别. 水资源保护, 2025, **41**(04): 253-264.]

[42] Chen Z, Dolfing J, Zhuang S *et al.* Periphytic biofilms-mediated microbial interactions and their impact on the nitrogen cycle in rice paddies. *Eco-environment & health*, 2022, **1**(3): 172-180. DOI: 10.1016/j.eehl.2022.09.004.

[43] Li S-N, Zhang C, Li F *et al.* Recent advances of algae-bacteria consortia in aquatic remediation. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2023, **53**(3): 315-339. DOI: 10.1080/10643389.2022.2052704.

[44] Zhou J, Lyu Y, Richlen ML *et al.* Quorum sensing is a language of chemical signals and plays an ecological role in algal-bacterial interactions. *Critical reviews in plant sciences*, 2016, **35**(2): 81-105. DOI: 10.1080/07352689.2016.1172461.

[45] Xie J, Su YL, Wu B *et al.* Responses of phytoplankton communities to N,P,Fe enrichments in wet season of tropical reservoirs in southern China:A case study of Dashahe Reservoir,Guangdong Province. *J Lake Sci*, 2024, **36**(01): 43-51. DOI: 10. 18307/2024.0112. [谢静, 苏宇亮, 吴斌等. 华南热带水库丰水期浮游植物群落对氮、磷、铁加富的响应——以广东大沙河水库为例. 湖泊科学, 2024, **36**(01): 43-51.]

[46] He J, Zhu Z, Yan X. The Legend Continues: The Critical Evidence Showing the Bivalve Farming Is a Carbon Sink With a Novel Budget Framework. *Reviews in Aquaculture*, 2025, **17**(2): e70001. DOI: 10.1111/raq.70001.

[47] Yang Y, Zhu XL, Xu RB *et al.* Bibliometric and meta-analysis of nitrogen-fixing microbial communities and factors influencing nitrogen fixation rates in freshwater lakes. *J Lake Sci*, 2026, **38**(02): 465-498. DOI: 10. 18307/2026.0202. [杨予, 朱先龙, 徐润冰等. 淡水湖泊固氮微生物与固氮速率影响因素:文献计量与整合分析. 湖泊科学, 2026, **38**(02): 465-498.]

[48] Guo J, Liu W, Zhu C *et al.* Bacterial rather than fungal community composition is associated with microbial activities and nutrient-use efficiencies in a paddy soil with short-term organic amendments. *Plant and soil*, 2018, **424**(1): 335-349. DOI: 10.1007/s11104-017-3547-8.

[49] Ning GY, Niu YJ, Li WW *et al.* Dynamic effect of C/N on microbial structure in SBR's biological nitrification process. *China Environmental Science*, 2020, **40**(05): 2053-2061. DOI: 10.19674/j.cnki.issn1000-6923.2020.0232. [宁高阳, 牛永健, 李维维等. C/N 对 SBR 生物脱氮硝化过程微生物结构的动态影响. 中国环境科学, 2020, **40**(05): 2053-2061.]

[50] Chen N, Chen FX, Peng T *et al.* Current status and future prospects of sulfur-based autotrophic denitrification technology in engineering applications. *Earth Science Frontiers*, 2026, **33**(01): 163-178. DOI: 10.13745/j.esf.sf.2025.10.24. [陈男, 陈方鑫, 彭彤等. 硫自养反硝化技术工程应用现状及展望. 地学前缘, 2026, **33**(01): 163-178.]

[51] Zhang L, Xu ZM, Sun YJ *et al.* Hydrochemistry and microbial community characteristics and environmental response in different functional zones of a typical coal mine in Ordos. *Coal Science and Technology*, 2023, **51**(12): 180-196. DOI: 10.12438/cst.2023-1124. [张莉, 徐智敏, 孙亚军等. 鄂尔多斯典型煤矿不同功能区水化学与微生物群落特征及环境响应. 煤炭科学技术, 2023, **51**(12): 180-196.]

[52] Chou YL, Yuan BY. Mechanical Behavior of Solidified Sulfuric Acid Saline Soil Concrete Interface Based on Freeze-thaw. *Science Technology and Engineering*, 2022, **22**(31): 13914-13921. [丑亚玲, 原冰月. 基于冻融作用的固化硫酸盐渍土-混凝土界面力学

行为. 科学技术与工程, 2022, **22**(31): 13914-13921.]

[53] Che X, Luo GZ, Tan HX *et al.* Isolation, Identification and Denitrification Characterization of Thiobacillus denitrificans. *Environmental Science*, 2008, (10): 2931-2937. DOI: 10.13227/j.hjkx.2008.10.037. [车轩, 罗国芝, 谭洪新等. 脱氮硫杆菌的分离鉴定和反硝化特性研究. 环境科学, 2008, (10): 2931-2937.]

[54] Kasalický V, Jezbera J, Hahn MW *et al.* The diversity of the Limnohabitans genus, an important group of freshwater bacterioplankton, by characterization of 35 isolated strains. *PloS one*, 2013, **8**(3): e58209. DOI: 10.1371/journal.pone.0058209.

[55] Zhu HW, Li Y. Biomanufacturing driven by engineered organisms. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2025, **41**(01): 1-78. DOI: 10.13345/j.cjb.241014. [朱华伟, 李寅. 合成生物制造 2025. 生物工程学报, 2025, **41**(01): 1-78.]

[56] Qian YX, Wu HZ, Zhou LF *et al.* Diagenesis and porosity evolution of microbial carbonate rocks undergone a deep burial history:Taking the Leikoupo Formation of Middle Triassic in western Sichuan Basin as an example. *Oil & Gas Geology*, 2023, **44**(01): 55-74. DOI: 10.11743/ogg20230105. [钱一雄, 武恒志, 周凌方等. 深埋条件下微生物碳酸盐岩成岩作用与孔隙演化——以四川盆地西部中三叠统雷口坡组为例. 石油与天然气地质, 2023, **44**(01): 55-74.]

[57] Fierer N, Jackson RB. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006, **103**(3): 626-631. DOI: 10.1073/pnas.0507535103.

[58] Zhang S, Xia X, Wang J *et al.* Biogeographic patterns and elevational differentiation of sedimentary bacterial communities across river systems in China. *Applied and Environmental Microbiology*, 2022, **88**(12): e00597-22. DOI: 10.1128/aem.00597-22.

[59] Liu HM, Hai X, An KR *et al.* Effects of Different Fertilization Regimes on Community Structure Diversity of CO2-assi milating Bacteria in Maize Field of Fluvo-aquic Soil in North China. *Ecology and Environmental Sciences*, 2022, **31**(04): 715-722. DOI: 10.16258/j.cnki.1674-5906.2022.04.009. [刘红梅, 海香, 安克锐等. 不同施肥措施对华北潮土区玉米田土壤固碳细菌群落结构多样性的影响. 生态环境学报, 2022, **31**(04): 715-722.]

[60] Liu Q, Chen X, Li YC *et al.* Functional Genes and Metabolic Pathways of Nitrogen Metabolism Microorganisms in Lake Sediments:A Case Study of Hongfeng Lake, Guizhou Province. *Environmental Science*, 2024, **45**(10): 6086-6095. DOI: 10.13227/j.hjkx.202310134. [刘倩, 陈晓, 李彦澄等. 湖泊沉积物的氮代谢微生物、功能基因及代谢途径分析：以贵州省红枫湖为例. 环境科学, 2024, **45**(10): 6086-6095.]

[61] Meng JJ, Zhang TN, Cheng Z *et al.* Dynamic Response of Aerobic Denitrification Bacteria to Water Quality in Baiyangdian Lake Under Different Hydrological Scenarios. *Environmental Science*, 2024, **45**(06): 3627-3637. DOI: 10.13227/j.hjkx.202307168. [孟佳靖, 张甜娜, 陈哲等. 不同水文情景下白洋淀水体好氧反硝化菌群对水质因子的动态响应. 环境科学, 2024, **45**(06): 3627-3637.]

[62] Li B, Jing F, Wu D *et al.* Simultaneous removal of nitrogen and phosphorus by a novel aerobic denitrifying phosphorus-accumulating bacterium, Pseudomonas stutzeri ADP-19. *Bioresource Technology*, 2021, **321**: 124445. DOI: 10.1016/j.biortech.2020.124445.

[63] Yue Y, Wang F, Pan J *et al.* Spatiotemporal dynamics, community assembly and functional potential of sedimentary arch aea in reservoirs: coaction of stochasticity and nutrient load. *FEMS Microbiology Ecology*, 2022, **98**(11): fiac109. DOI: 10. 1093/femsec/fiac109.

附表 I 各水库水质营养状态指数

Attached Tab.I The water quality and nutrient status indices of each reservoir

排名	编号	水库名称	TLI(TN)	TLI(TP)	TLI(COD_{Mn})	综合 TLI	营养水平
1	S6	乃家河	43.73	48.32	36.86	44.64	中营养
2	S7	石头崾岘	40.15	51.36	74.49	52.62	轻度富营养
3	S2	张家咀头	45.99	49.24	75.02	53.42	轻度富营养
4	S4	西海子	60.03	51.15	66.56	56.90	轻度富营养
5	S3	三里店	64.51	59.43	87.58	66.58	中度富营养
6	S8	雅石沟	56.54	59.60	104.7	67.72	中度富营养
7	S5	沈家河	64.53	61.53	93.85	68.89	中度富营养
8	S1	夏寨	64.42	64.44	109.5	73.45	重度富营养