

三峡水库香溪河沉积物微生物群落时空分布特征

刘淑涵^{1,2}, 宋林旭^{1,2**}, 罗丽娜^{1,2}, 唐朝晖^{1,2}

(1. 三峡大学水利与环境学院, 宜昌 443002)

(2. 三峡水库生态系统湖北省野外科学观测研究站, 宜昌443002)

摘要: 三峡水库运行以来, 支流暴发不同程度的蓝藻水华, 香溪河库湾水体磷富营养化程度尤为突出, 给三峡库区整体的水环境及水生态安全造成较大影响。沉积物是湖库水体磷富营养化的重要内源, 微生物群落在沉积物的物质循环中扮演着重要角色, 沉积物微生物活动能显著影响沉积物中磷的形态变化。为探究三峡水库支流香溪河库湾沉积物中微生物群落结构多样性特征及其对环境因子的响应, 分别于 2021 年秋至 2022 年夏四个季节对香溪河布设的 5 个具有代表性点位进行取样, 基于 16S rRNA 基因高通量测序分析及水质分析, 对香溪河沉积物中细菌多样性及群落结构差异进行研究。结果表明: 香溪河沉积物中微生物多样性丰富度较高, α 多样性指数总体上表现出秋季>冬季>春季>夏季的季节变化规律, β 多样性表现为春季库湾微生物群落差异最大, 冬季差异性最小; 优势菌门为变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、酸杆菌门 (*Acidobacteriota*)、硝化螺旋菌门 (*Nitrospirota*)、脱硫弧菌门 (*Desulfobacterota*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobiota*) 和放线菌门 (*Actinobacteriota*) 等; 通过 Spearman 相关性分析和 RDA 冗余分析发现上覆水 pH 值、溶解氧 (DO)、电导率 (Spcond)、上覆水正磷酸盐 (PO_4^{3-})、水温 (T) 和上覆水总磷 (STP) 是影响菌群群落结构和分布的主要环境因子, 其中 STP 是最为关键的影响因子。本研究有助于进一步了解香溪河库湾沉积物中微生物季节性变化对库湾磷形态、含量变化的影响, 为三峡库区水环境改善和管理提供参考。

关键词: 三峡水库; 香溪河; 微生物群落结构; 多样性; 时空分布特征; 环境因子

SPATIAL AND TEMPORAL DISTRIBUTION OF SEDIMENT MICROBIAL COMMUNITIES IN XIANGXI RIVER OF THREE GORGES RESERVOIR

Liu Shuhan^{1,2}, Song Linxu^{1**}, Luo Lina¹ & Tang Zhaohui¹

(1. College of Hydraulic and Environment Engineering, China Three Gorges University, Yichang 443002, P.R.China)

(2. Hubei Field Observation and Scientific Research Station for Water Ecosystem in Three Gorges Reservoir, Yichang 443002, P.R.China)

Abstract: Since the operation of the Three Gorges Reservoir, different degrees of bloom have occurred in the tributaries, especially phosphorus eutrophication in the Xiangxi River Bay, which has a great impact on the overall aquatic environment and water ecological security of the Three Gorges Reservoir area. Sediments are an important internal source of phosphorus eutrophication in lake and reservoir water, and the microbial community plays an important role in the elemental cycling of sediments, and the microbial activity in sediments can significantly affect the morphological changes of phosphorus in sediments. To investigate the diversity characteristics of the microbial community structure in the sediments of the Xiangxi River, a tributary of the Three Gorges Reservoir, and its response to environmental factors,

*2024-04-23 收稿; 2024-12-05 收修改稿。

国家自然科学基金项目 (51909135) 资助。

** 通信作者: 宋林旭; E-mail: 280825327@qq.com

samples were collected at five representative sites in the Xiangxi River during the four seasons from autumn 2021 to summer 2022, based on 16S rRNA gene high-throughput sequencing analysis and water quality analysis. Bacterial diversity and community structures were examined. The results showed that the microbial diversity was high in the sediments of Xiangxi River. The α -diversity index showed a seasonal variation pattern of autumn > winter > spring > summer. The β -diversity showed that the microbial communities in the bay had the greatest difference in spring and the least difference in winter. The dominant bacteria are *Proteobacteria*, *Bacteroidota*, *Acidobacteriota*, *Nitrospirota*, *Desulfobacterota*, *Firmicutes*, *Chloroflexi*, *Verrucomicrobiota*, *Actinobacteriota* and so on; Spearman correlation analysis and RDA redundancy analysis showed that the overlying water pH, dissolved oxygen (DO), electrical conductivity (Spcond), overlying water orthophosphate(PO_4^{3-}), water temperature (T) and total phosphorus (STP) in overlying water were the most important environmental factors affecting the structure and distribution of the bacterial community, and with STP being the most critical factor. This study is helpful to better understand the effects of microbial seasonal changes on the phosphorus form and content in the sediments of the Xiangxi River Bay, and to provide reference for the improvement and management of aquatic environment in the Three Gorges Reservoir area.

Keywords: Three Gorges Reservoir; Xiangxi River; Microbial community structure; Diversity; Spatial and temporal distribution characteristics; Environmental factor

沉积物不仅给水生生物提供可靠的栖息地，还给湖库水环境中的微生物提供生存繁衍的绝佳场所^[1]，微生物在沉积物环境中物质循环和能量流动起着主导作用，是维持水生态系统平衡过程中的主力军^[2]。库湾水环境及水动力条件变化会导致沉积物环境的变化，进而影响微生物的生理活动，不仅导致微生物种群、数量的改变，还会导致沉积物中生源要素碳、氮、磷的释放^[3]，促进由内源污染导致的水体富营养化现象发生。同时，微生物对环境变化有着强烈的敏感性，其在环境变化中起着标志性作用。因此，研究湖泊水体沉积物细菌群落结构对于湖泊水生态安全管理与保护有着重要的现实意义。

三峡库区运行后，支流库湾水环境和水动力发生深刻变化，近些年来库湾局部水域水华频发，库区水生态安全受到影响，引起国内外广泛关注^[4-7]。香溪河库湾作为库区第一大支流，其水质安全对库区具有重要意义。随着三峡库区的蓄水运行和周边经济迅速发展，使得香溪河流域的水环境质量受到威胁，水污染问题十分严峻^[7]。由于香溪河库湾周围的磷矿厂企业较多，且沿岸人口众多，导致近年来库湾主要暴发以磷为主导的蓝藻水华^[8-10]，影响着三峡库区整体的水环境质量，磷污染问题已成为防治库湾富营养化现象的重点之一。因此，研究香溪河库湾沉积物环境中微生物的活动对沉积物磷形态、含量的变化具有重要意义，为香溪河水生态环境保护提供新思路。

本文以香溪河作为研究对象，系统分析沉积物中微生物时空分布特征，应用 16S rRNA 高通量测序技术，通过对不同采样点和不同时间点的沉积物进行测序分析，探究微生物多样性、群落丰富度、主要菌门的组成和分布特征，此外，还将通过相关性分析和冗余分析等方法，探讨微生物多样性和群落组成与环境因子之间的相关性，为揭示环境微生物群落结构在三峡水库香溪河库湾水生态系统沉积物中的生态功能提供理论依据，有助于进一步了解香溪河水环境问题的内在机制，为改善和管理三峡库区水环境质量提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

香溪河位于湖北省西部，发源于神农架山脉南麓，流经兴山县与昭君县，是长江三峡西陵峡段北岸汇入长江最大支流。香溪河全长 97.3km，流域面积约为 3099km²，自然落差约 1540m，流域整体呈扇形，年径流量约为 19.56 亿 m³，年均流量 40.18m³/s^[11-12]。香溪河流域内有着十分丰富的磷矿产资源，开发力度较强，导致库湾磷营养盐浓度相对较高，磷污染风险较大。同时，香溪河库湾常年存在倒灌异重流，水动力环境变化不仅会使沉积物物质循环受到影响，还会对沉积物中微生物群落结构组成造成影响，从而影响水体中磷的迁移、转化过程，最终造成一定程度的富营养化^[13-14]。

1.2 研究方案

1.2.1 样品采集 根据香溪河自然地貌及水文特征,选取干流交界处至昭君镇附近河段,全长 32.7km,布设 5 个具有代表性的点位进行取样,采样编号依次为 CJXX、XX02、XX04、XX06、XX08,采样点详情如表 1 所示,具体点位布置如图 1 所示。分别于 2021 年 9 月(秋季)、2021 年 12 月(冬季)、2022 年 3 月(春季)、2022 年 6 月(夏季)采集各点位的沉积物 及上覆水。沉积物样品使用柱状采泥器($\Phi 60\times 1000\text{ mm}$)采集,采用上覆水收集装置收集上覆水,每个点位沉积物和上覆水分别采集 3 次,共计 60 个泥水混合样,其中 4 个季节各 15 个,均存放至含干冰的保温箱,一部分沉积物样品在采样结束后寄送北京诺禾致源科技股份有限公司进行高通量测序,一部分随上覆水带回实验室于 4℃冷藏保存,方便后期相关指标的测定。

表 1 香溪河采样点位置

Tab. 1 The distribution of sampling sites in Xiangxi River

样点	地名	至河口的距离 (km)	经纬度
CJXX	河口交汇区	0.00	30°57'46.3"N 110°45'19.5"E
XX02	贾家店	5.60	31°01'07.2"N 110°45'16.3"E
XX04	游家河	12.70	31°04'55.6"N 110°46'03.9"E
XX06	郑家河	19.20	31°08'02.7"N 110°46'42.2"E
XX08	平邑口	24.40	31°10'17.8"N 110°45'39.5"E

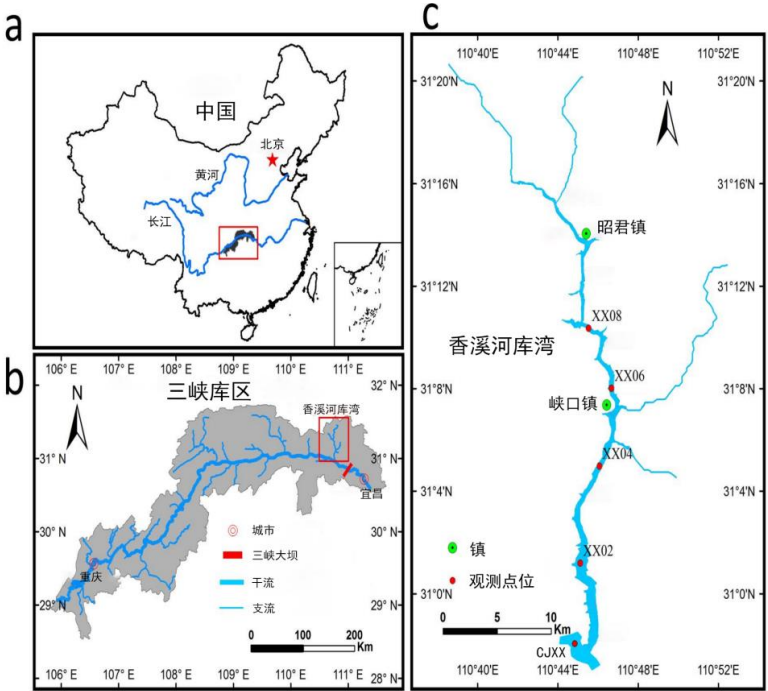


图 1 采样点分布图

Fig. 1 Distribution of sampling points

1.2.2 样品检测 上覆水理化性质测定:水温(T)、溶解氧(DO)、pH值、电导率、叶绿素a采用YSI多参数水质仪(美国)测定;溶解性总磷(DTP)及上覆水总磷(STP)采用过硫酸钾消解钼锑抗比色法,正磷酸盐(PO_4^{3-})采用钼酸铵分光光度法测定,化学需氧量(COD_{Mn})采用高锰酸钾法测定。

沉积物理化性质测定：有机质采用外热法测定；磷形态采用 SMT 法^[15]分级为 TP（总磷）、IP（无机磷）、OP（有机磷）、NaOH-P（金属氧化物结合态磷）和 HCl-P（钙结合态磷）。

微生物测序分析：本研究沉积物样品装入离心管送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行 16S rRNA 基因高通量测序和 PCR 扩增，扩增引物为：515F(CCTAYGGGRBGCASCAG)；806R(GGACTACNNGGTATCTAAT)；扩增区间为 V3-V4 区^[16-17]。对 Illumina NovaSeq 测序得到的下机数据（Raw PE）进行拼接和质控，得到 Clean Tags，再进行嵌合体过滤，得到可用于后续分析的有效数据（Effective Tags）。

1.2.3 数据分析 运用 ArcGIS10.8 绘制采样图；在 Illumina NovaSeq 测序平台产生的初始数据采用开放的软件包 QIIME (<http://qiime.org/>) 进行分析；基于有效数据进行 OTUs（Operational Taxonomic Units）聚类 and 物种分类分析；运用 ASV 序列计算 α 多样性^[18]，评价微生物物种多样性；基于 Bray-Curtis 相异指数的非度量多维标度 (NMDS) 非线性模型，评价不同点位微生物群落之间的差异分析；门属水平使用堆叠柱形图对各样本中物种组成进行解析，获得香溪河沉积物中优势物种的组成及相对丰度变化；结合所测定的环境因子数据，应用 CANOCO 5.0 软件绘制冗余分析 (redundancy analysis, RDA)；采用 Spearman 相关性分析环境因子对微生物群落结构的影响。

2 结果与分析

2.1 沉积物微生物群落多样性

根据 ASV 序列计算出不同季节各点位的 α 多样性指数^[19]，如图 2 所示。春夏秋冬四个季节不同点位所展现的 Chao 1 指数范围分别为：1559.513~2573.590、1812.665~2582.533、3463.725~3824.700、2610.905~2943.829；Shannon 指数范围分别为：6.523~7.178、6.392~7.089、7.290~7.552 和 7.069~7.347；Pielou 指数范围分别为：0.875~0.925、0.857~0.924、0.928~0.936、0.903~0.930。所有样本中，秋季 XX02 的 Chao 1 指数最大（3824.700），而春季 XX04 的 Chao 1 指数最小（1559.513）；秋季 XX06 点位的 Shannon 指数最大（7.478），即其微生物多样性最丰富，而夏季 XX02 的 Shannon 指数最小（6.402），即夏季该点位的微生物多样性最低。Chao 1 指数与微生物物种之间的关系是具有一致性的，且其指数趋势与 Shannon 指数大体保持一致，而 Pielou 指数代表着多样性物种的分布均匀性，从三个指数整体范围得知，物种总数及物种多样性均呈现：秋季>冬季>春季>夏季的规律，且秋冬两季的物种多样性更为丰度；由图 2b 所示，不同采样点之间的 α 多样性无明显差别，但具有一定的趋势，上游的物种多样性和均一度均高于下游。

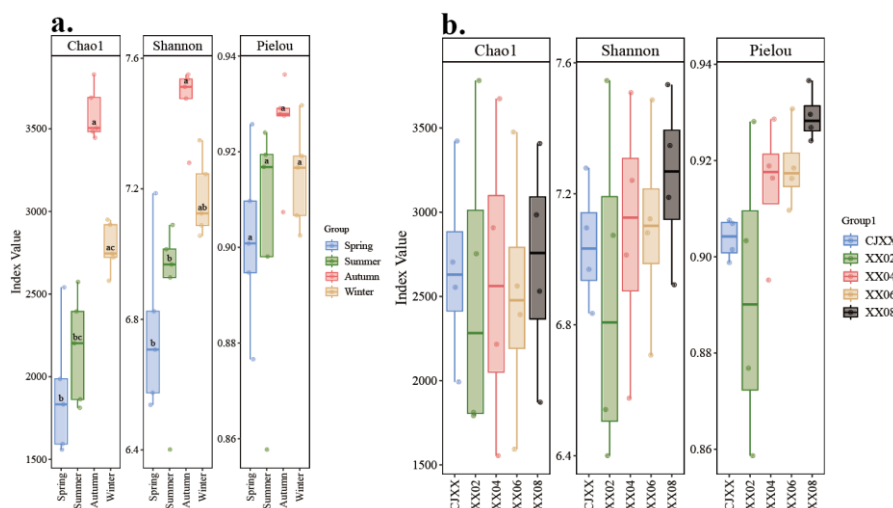


图 2 香溪河沉积物物种多样性指数图 (a.不同季节; b.不同空间)

Fig. 2 Species diversity indices of microbial communities in the sediments in the Xiangxi River

β 多样性主要反映的是不同生境间多样性的差异，即样本间的差异。使用 NMDS 分析法对香溪河沉积物中微生物群落 β 多样性进行分析，以便明晰不同时空微生物群落特征组成差异^[20]。基于 NMDS 分析发现，其协强系数 (Stress) 为 0.1317，说明该图可以良好反应样本间群落结构的相似性程度^[21]。结果如图 3 所示，NMDS 的结果与 α 多样性表现一致，香溪河库湾 5 个采样点沉积物的细菌群落组成受季节驱动明显 (Adonis:P=0.001, $R^2=0.212$)，采样点差异并没有显著影响香溪河库湾沉积物细菌组成 (Adonis:P=0.314, $R^2=0.213$)。秋冬季所采沉积物样本细菌组成相似，且冬季 5 个样本间细菌群落差异最小。夏季虽然与其他季节的细菌组成不太类似，但各采样点之间群落差异较小。春季是各采样点之间差异最大的季节。

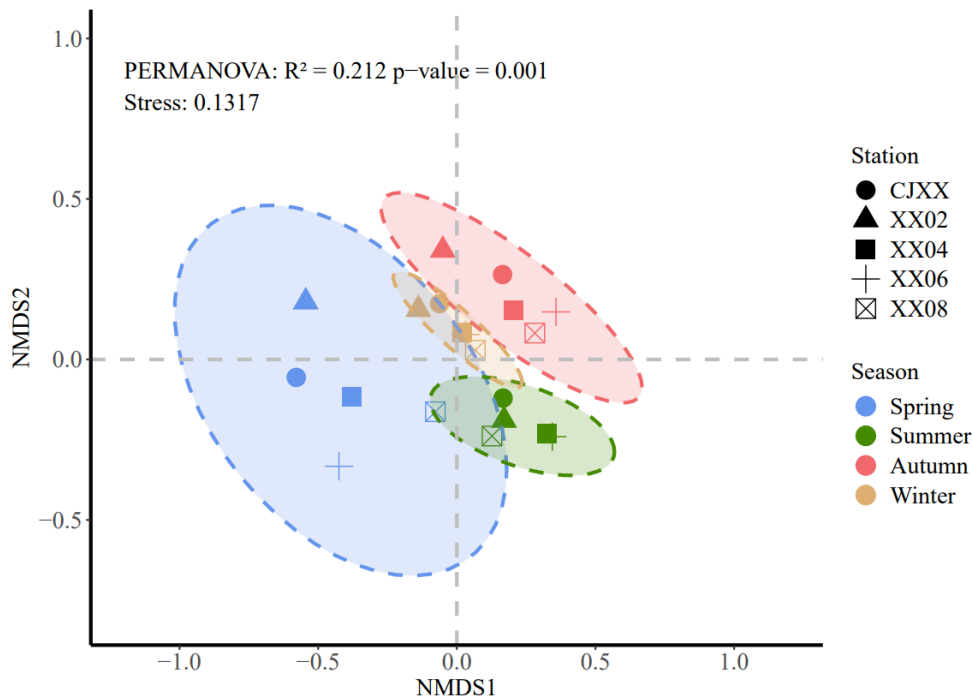


图 3 基于 Bray-Curtis 相异指数的香溪河库湾沉积物细菌群落的非度量多维标度 (NMDS) 分析

Fig. 3 Bray-Curtis heterogeneity-based nonmetric multidimensional scale (NMDS) analysis of sediment bacterial communities in the Xiangxi River Bay

2.2 沉积物微生物群落结构特征

依据与 SILVA 数据库比对得到的注释结果，对不同季节香溪河库湾沿岸 5 个采样点沉积物的细菌群落组成进行分析。如图 4 所示，在门水平上，变形菌门 (*Proteobacteria*) 在所有样本中均占主导地位，夏季相对丰度最高 (48.85%)，春季最低 (平均丰度 21.16%)，其随季节变化明显；同样作为优势菌门的拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 则在秋季丰度最高 (平均丰度 11.49%)，冬季最低 (平均丰度 6.06%)。除了这两类常见门在样本中有着可观的相对丰度外，其他平均丰度大于 1% 的主要优势菌门为酸杆菌门 (*Acidobacteriota*, 6.51%)、硝化螺旋菌门 (*Nitrospirota*, 6.19%)、脱硫弧菌门 (*Desulfobacterota*, 4.94%)、厚壁菌门 (*Firmicutes*, 3.94%)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*, 3.53%)、疣微菌门 (*Verrucomicrobiota*, 3.41%)、放线菌门 (*Actinobacteriota*, 3.23%) 和。上述菌门在各采样点位均有分布，菌群在空间上的差异性不显著，但在时间分布上差异显著，春夏秋三季均有其特有的菌门。其中春季特有菌门为盐杆菌门 (*Halobacterota*, 3.99%)、泉古菌门 (*Crenarchaeota*, 3.80%)、Sva0485 (2.99%) 和 MBNT15 (1.87%)，秋季特有菌门为粘菌门 (*Myxococcota*, 2.88%)。在属水平上，香溪河沉积物中四季各点位相对丰度较高的有 15 个，分别是硝化刺菌属 (*Nitrospira*)、Bacteroidetes_vadinHA17、MND1、SC-I-84、BD

1-7-clade、Sva0485、MBNT15、ADurb.Bin063-1、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、PLTA13、TRA3-20、*Vicinamibacteraceae*、脱氯单胞菌属(*Dechloromonas*)、Ellin6067、*Nitrosarchaeum*，属水平上存在大量未被鉴定细菌，这说明香溪河沉积物细菌类群的研究还需要进一步的研究探索。相对丰度较高的菌属的相对丰度在四季呈现不同的变化格局，其中大部分菌属都是仅存在于单一季节，不同季节在香溪河沉积物中的属水平上的菌群结构存在较大差异。

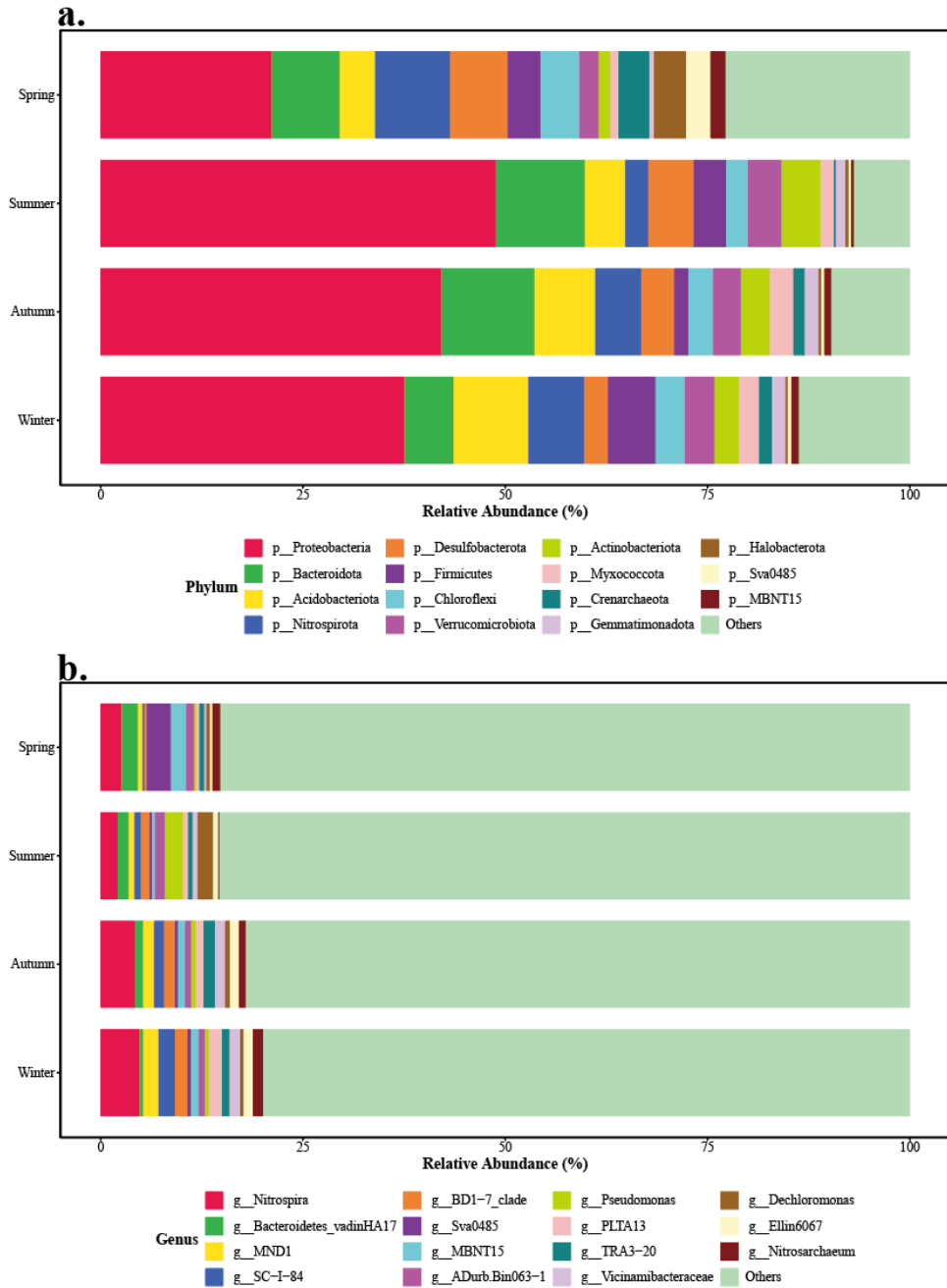


图 4 不同季节香溪河库湾沿岸沉积物细菌群落组成 (a. 门水平组成图; b. 属水平组成图)

Fig. 4 The composition of bacterial communities in the sediments from the Xiangxi River Bay in different seasons (a. at the phylum level; b. at the genus level)

2.3 环境因子

微生物多样性和群落结构组成特征与其生存繁殖环境联系密切，研究环境因子与微生物群落之间的响应程度有一定的现实意义。本文研究了上覆水理化因子（STP、DTP、 PO_4^{3-} 、Chl-a、 COD_{Mn} 、DO、pH、T、Spcond），沉积物理化因子（有机质、NaOH-P、HCl-P、IP、OP、TP）对库湾沉积物微生物的响应，各环境因子时空分布如图5（附表1、附表2）所示。

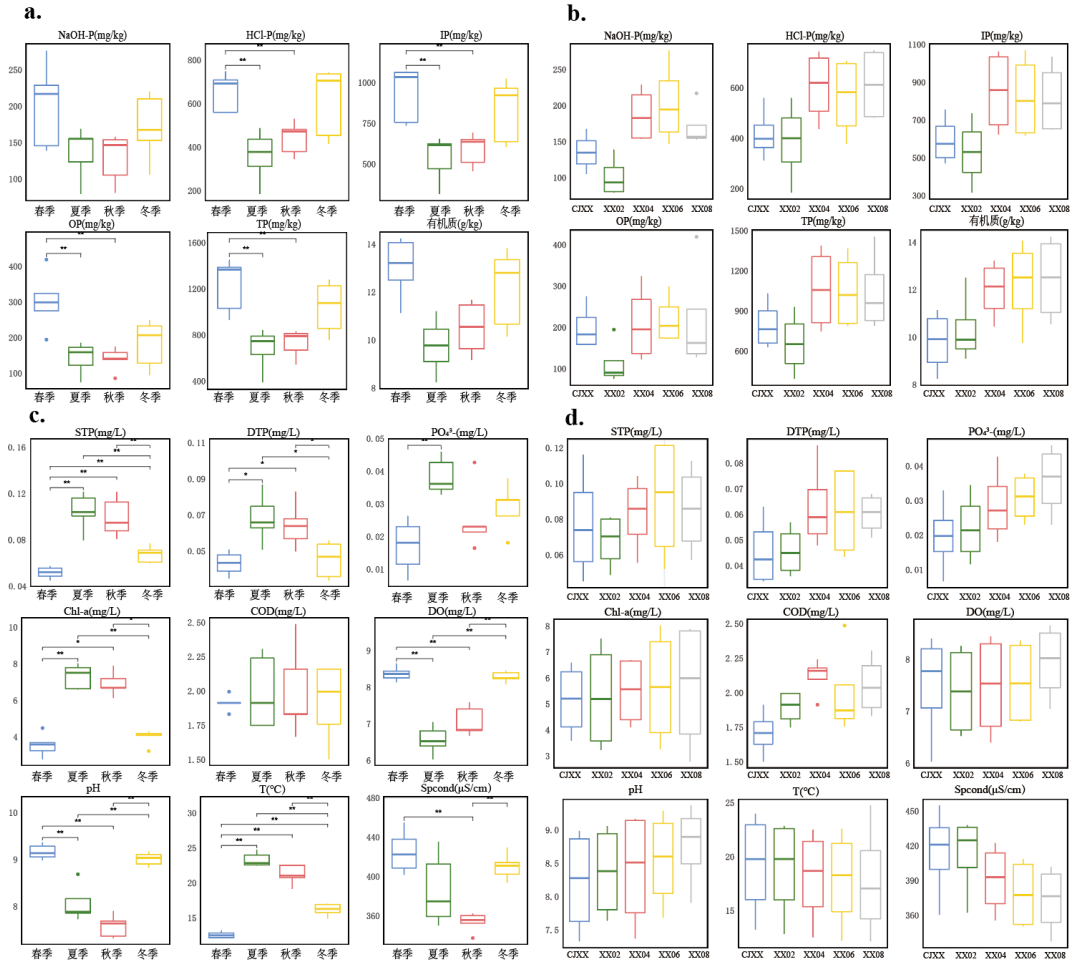


图5 环境因子时空变化含量（a.沉积物环境因子季节变化含量；b.沉积物环境因子空间变化含量；c.上覆水环境因子季节变化含量；d.上覆水环境因子空间变化含量）

Fig.5 Temporal and spatial variation of environmental factors (a. Seasonal variation of environmental factors in sediment; b. Spatial variation of environmental factors in sediment; c. Seasonal variation of environmental factors in overlying water; d. Spatial variation of environmental factors overlying water)

利用 CANOCO 5.0 软件对细菌门水平丰度与环境因子进行冗余分析（RDA），结果如图 6a、6b 所示。箭头长度代表细菌群落对环境因子的响应程度，箭头越长代表相关性越强，箭头连线之间的钝角表示负相关，反之，锐角表示正相关^[22]。RDA 冗余分析解释了 39.38% 的变异，上覆水 pH、 PO_4^{3-} 、DO、T、Spcond、DTP 以及 STP 是影响沉积物细菌组成的主要因素，且 STP 是最关键的环境因子；此外，微生物群落受空间变化差异性较小，而季节差异较为显著。春季的沉积物样本在一、三象限均有分布，相关性最为显著的环境因子为 Spcond 和 pH；夏季样本均分布在一象限，秋季样本主要分布在三、四象限，且两季样本中微生物群落结构受到多重环境因子的协同影响，两个季节的样本主要与 PO_4^{3-} 、STP、DTP 和 T 正相关，而冬季沉积物样本整体受环境因子影响较小。结果表明，水温、pH、DO、磷素、Spcond

等影响因子能够很好地解释湖库沉积物微生物群落结构和组成变化，大部分菌门结构组成所受影响的环境因子众多，且证实此河段沉积物微生物群落受时间变化影响较为显著。

图 6c、6d 分别显示丰度前 20 的优势菌门和优势菌属的相关丰度与各环境因子的 Spearman 相关性分析。门水平上，上覆水中 T、 PO_4^{3-} 、DTP、STP、Spcond 对大部分菌门都有着显著影响，T、 PO_4^{3-} 、DTP、STP 与 *Proteobacteria*、*Actinobacteriota* 呈显著正相关，与 *Crenarchaeota*、Sva0485 呈显著负相关，其中 DTP、STP、 PO_4^{3-} 对 *Nitrospirota*、*Crenarchaeota*、Sva0485、MBNT15、*Nanoarchaeota* 均呈显著负相关，DTP、STP 与 *Bacteroidota*、*Acinobacteriota* 呈正相关，而 Spcond 则与 *Proteobacteria*、*Bacteroidota*、*Acinobacteriota*、*Gemmatimonadota*、*Myxococcota* 呈显著负相关，与 *Nitrospirota*、*Crenarchaeota*、Sva0485 呈正相关； COD_{Mn} 仅与 *Verrucomicrobiota* 呈显著正相关；沉积物中 NaOH-P 仅与 *Firmicutes* 呈负相关，TP、OP、IP、有机质、HCl-P 与 *Proteobacteria* 呈显著负相关，与 *Halobacterota* 呈正相关，TP、OP、IP 与 *Gemmatimonadota* 呈负相关。属水平上，上覆水中 T、 PO_4^{3-} 、DTP、STP 对大部分菌属有着显著影响，与 *Dechloromonas*、*Arenimonas*、*Sulfuritalea* 呈显著正相关，与 *Bathyarchaeia* 呈显著负相关；沉积物中除 NaOH 外的其他环境因子均与 *Pseudomonas*、*Sulfuritalea* 呈负相关，均与 *Bathyarchaeia* 呈正相关。

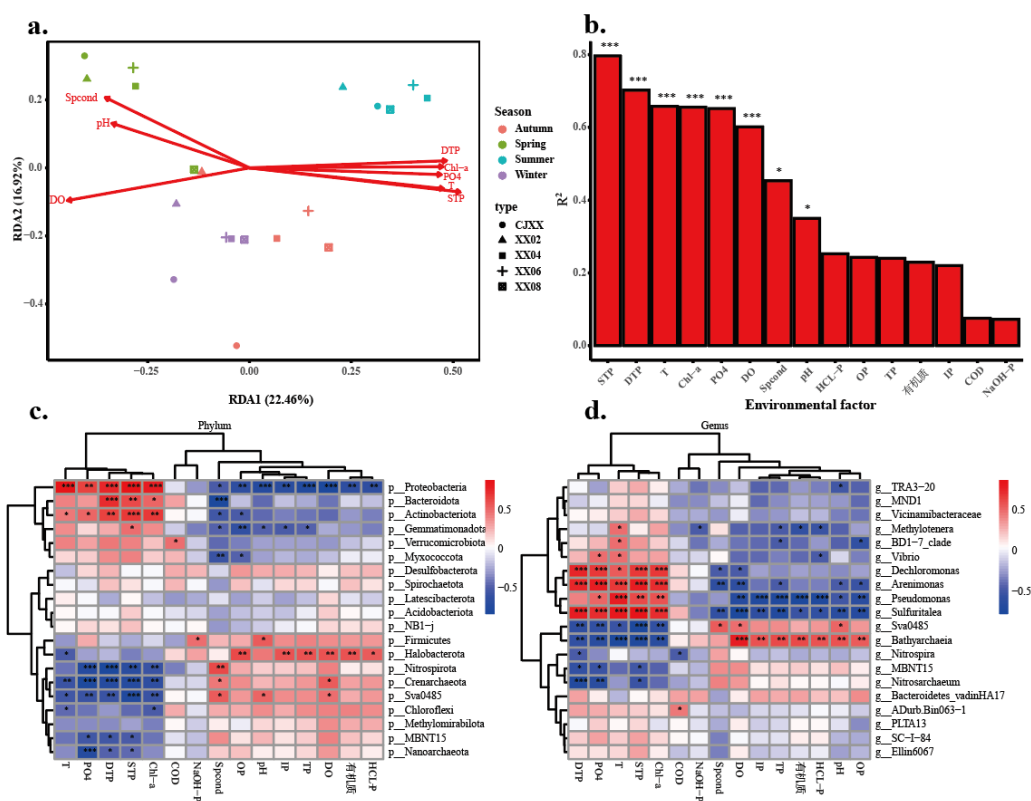


图 6 环境因子冗余分析及相关性分析 (a.显示丰度前十菌门和环境因子之间关系的冗余分析 (RDA) 结果；b.显示 Envfit 检验被用来分析 RDA 的结果，以探讨不同环境因子对门级水平的细菌群落的影响；c.门水平与环境因子相关性热图；d.属水平与环境因子相关性热图)

Fig.6 Redundancy analysis and correlation analysis of environmental factors (a. The results of redundancy analysis (RDA) of the relationship between the top ten phylum in abundance and environmental factors; b. The Envfit test was used to analyze the results of the RDA to explore the effects of different environmental factors on the bacterial community at the gate level; c. Correlation heatmap between phylum and environmental factors; d. Correlation heatmap between genus and environmental factors)

3 讨论

3.1 沉积物中微生物群落多样性及时空分布差异

微生物群落作为自然界物质循环的主要推动力,对沉积物中生源要素的迁移转化起着至关重要的作用,其多样性和群落组成差异与季节有着很大关联^[23-24]。本研究中所有沉积物样本高通量测序覆盖率都高于 97%,说明每个样本的 OTUs 具有代表性,可以较好地反应样品信息。香溪河沉积物中微生物多样性丰度较高, α 多样性指数总体上表现出秋季>冬季>春季>夏季的季节变化规律, β 多样性表现为春季库湾微生物群落差异最大,冬季差异性最小,二者均表现出季节影响显著。与秦宇等^[25]对三峡库区中段水体不同时期微生物群落差异的研究中结论一致。

三峡水库香溪河库湾优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、硝化螺旋菌门、脱硫弧菌门、厚壁菌门、绿弯菌门、疣微菌门和放线菌门等。变形菌门是本研究沉积物中鉴定到的最为丰富的类群,这与国内外有关变形菌门丰度研究结果一致^[26-29],符合湖泊微生物群落结构的一般特征。变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门是沉积物环境中的优势细菌,它们始终参与着厌氧氨氧化、硫酸盐还原等化学过程,分别在 C、N、P、S 代谢、有机质分解及硝化过程等方面发挥着重要作用,水库减少温室气体排放主要是通过广泛存在于变形菌门类中的氧化亚氮还原酶发挥作用^[30-32],厚壁菌门与环境中的有机质降解有关。拟杆菌门多与肠道微生物类群一致,说明该细菌存在的丰度较高与人为生活污水排放有较大关系^[33];酸杆菌门被认为是指示污染的微生物^[34],其丰度较高也说明香溪河水质存在着一定程度上的污染。香溪河沉积物微生物群落结构组成发现春季差异性最大,这可能与 3 月香溪河处于枯水运用期有关,水流缓慢,稀释容量降低,该季节如果出现河流污染现象,会造成严重的局部污染,导致微生物群落结构较其他季节差异最大。香溪河秋季处于汛后蓄水期,水位大幅上涨,水流量于四季最大,导致 5 个沉积物样本间群落差异性减小,但仍有较大的物种差异性,这可能与面源污染较为严重以及长期的环境差异积累有关。

3.2 环境因子对微生物群落结构的影响

水体中环境因子的变化会影响细菌群落的生长环境,使微生物群落组成和结构发生变化^[35]。本研究中,从上游到下游微生物的 α 多样性总体上逐渐降低,可能是由于下游的磷被降解,磷含量从上游到下游逐渐降低,使得微生物的选择性增强,导致均一度降低,改变了水体原有的生源要素平衡。造成湖泊中微生物群落多样性和均质性的原因有很多,例如水温、pH、Spcond、DO、磷素等,不同外源影响因子的输入会影响湖泊沉积物中微生物群落组成^[36],pH 可以直接反映其他环境因子的变化,并且能够间接影响微生物群落结构,在高 pH 的水体环境下,细菌群落的稳定性会降低;磷素等营养元素可以用作能量来源,磷的有效性可以显著改变微生物对碳和氮的获取,影响微生物结构组成^[37]。尤本胜等^[38]发现太湖水体和沉积物细菌群落多样性主要的驱动因子分别是水体 pH 和沉积物 TP 含量,水体不同区域营养盐水平通过影响水体 pH 与沉积物中 TP 来间接驱动水体和沉积物中细菌群落结构的改变;孙寓姣等^[39]对官厅水库四季细菌群落和环境因子进行典型性对比分析,表明 T、pH 值、DO、TP 等环境因子与微生物群落结构组成有很强的相关性,与本研究结果高度相似。

环境因子对微生物群落组成有着促进或抑制作用,不同门类微生物群落结构所受影响的环境因子有所不同。变形菌门夏季丰度最高,其与 T、STP、DTP、 PO_4^{3-} 呈显著正相关,与沉积物中磷素、有机质、上覆水中 pH、DO 呈显著负相关,假单胞菌属(*Pseudomonas*)属于 γ -变形菌,其为化能营养菌,水体环境富营养化压力增大,其含量会大量增加,假单胞菌属能提高磷的去除率,同时还存在着反硝化除磷的脱氮单胞菌属,其以硝酸盐作为电子受体进行缺氧吸磷达到除磷的目的^[40],使得脱氮单胞菌属丰度高的夏季沉积物中的磷素含量降低,表明香溪河沉积物中磷循环较为频繁;拟杆菌门、放线菌门与 DTP、STP 显著正相关,与 Spcond 呈显著负相关;硝化螺旋菌门则与变形菌门相反,夏季丰度最小,是一类好氧的硝化细菌,且环境中高浓度的还原性硫化物、氨氮和亚硝酸盐等化合物对消化作用有极其敏感影响^[41-43],其与 STP、DTP、 PO_4^{3-} 呈显著负相关,与 Spcond 呈显著正相关,这类氨氧化细菌受盐度溶解氧的影响明显,可能由于河口具有良好的水体交换能力,且该样本上覆水溶解氧浓度较高,二者结

合起来促进了硝化螺旋杆菌的生长；厚壁菌门与 NaOH-P、pH 呈显著正相关；绿弯菌门与 T 呈显著负相关，疣微菌门与 COD_{Mn} 呈正相关等。上覆水中 DTP、PO₄³⁻、T、STP 等环境因子及沉积物中的磷素与大部分菌属显著相关，但本研究还有部分微生物未表征出与环境因子之前存在相关性，可能由于环境混杂，其具体作用难以区分。

4 结论

(1) 三峡水库香溪河沉积物中不同磷形态含量存在着显著的季节性变化，NaOH-P 与 OP 含量在春季最大，秋季最小，HCl-P 含量最大值出现在冬季，最小值出现在夏季，IP 和 TP 其含量均表现出春季 > 冬季 > 夏季 ≈ 秋季的变化规律；其上覆水 STP、DTP、PO₄³⁻ 含量均在春季最小，夏季最大。

(2) 沉积物中主要微生物门类包括：变形菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、硝化螺旋菌门、脱硫弧菌门、厚壁菌门、绿弯菌门、疣微菌门和放线菌门等。优势菌属有硝化刺菌属、Bacteroidetes_vadinHA17、假单胞菌属、Vicinamibacteraceae、脱氯单胞菌属等。微生物多样性及群落组成存在着较为显著的时间异质性，α 多样性总体呈现出秋季 > 冬季 > 春季 > 夏季的季节变化规律，空间上微生物物种多样性和均一度呈现上游高于下游的变化趋势。

(3) 微生物多样性和群落结构组成与其赋存环境密切相关，pH、PO₄³⁻、DO、T、Spcond、DTP 以及 STP 在门、属水平上对优势种类丰度起着重要作用，其中 STP 是最关键的影响因子；沉积物中 OP、IP、TP 及 HCl-P 对变形菌门、盐杆菌门及优势菌属假单胞菌属有着显著影响，上覆水中 PO₄³⁻、STP 含量对变形菌门的影响尤为显著，随上覆水磷含量的增加而增加。

5 参考文献

- [1] Campos M, Rilling J I, Acua J J, et al. Spatiotemporal variations and relationships of phosphorus, phosphomonoesterases, and bacterial communities in sediments from two Chilean rivers. *Science of The Total Environment*, 2021:145782. DOI:10.1016/j.scitotenv.2021.145782.
- [2] Qinglong W U, Peng X, Huabing L I, et al. Impacts of regime shift between phytoplankton and macrophyte on the microbial community structure and its carbon cycling in lakes. *Microbiology China*, 2013, 40(1):87-97. [吴庆龙, 邢鹏, 李化炳, et al. 草藻型稳态转换对湖泊微生物结构及其碳循环功能的影响. *微生物学通报*, 2013, 40(1):11. DOI:10.3969/j.issn.1000-8020.2002.06.017.]
- [3] Li Q G, Tian Y, Liu L, et al. Research progress on the release mechanism and influencing factors of sediment nitrogen and phosphorus in water. *Wetland Science*, 2022 (1): 020 [李乾岗, 田颖, 刘玲, 等. 水体中沉积物氮和磷的释放机制及其影响因素研究进展. *湿地科学*, 2022(1):020.]
- [4] Chen Yuqi; Cui Yujie; Huang Haosheng; et al. Rainfall impact on the disappearance of algal blooms in Xiangxi River of Three Gorges Reservoir under stratified density current. *Journal of Lake Sciences*, 2023, 35(2):519-529. [陈聿奇, 崔玉洁, 黄浩昇, 等. 分层异重流背景下降雨对三峡水库香溪河水华消退的影响. *湖泊科学*, 2023, 35(2):519-529.]
- [5] 生态环境部. 长江三峡工程生态与环境监测公报. 2007-2014.
- [6] CAI Qinghua, HU Zhengyu. Studies on eutrophication problem and control strategy in the Three Gorges Reservoir. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2006, 30(1): 7-11. (in Chinese) [蔡庆华, 胡征宇. 三峡水库富营养化问题与对策研究. *水生生物学报*, 2006, 30(1): 7-11.]
- [7] Zhang Yinan; Huang Jiesheng; Wu Jingwei. Analysis and treatment measures on Non-point Source Pollution of Xiangxi River. *China Rural Water and Hydropower*, 2017(8):5. DOI:10.3969/j.issn.1007-2284.2017.08.028. [张一楠, 黄介生, 伍靖伟. 香溪河流域非点源污染负荷分析及治理措施探究. *中国农村水利水电*, 2017(8):5. DOI:10.3969/j.issn.1007-2284.2017.08.028.]
- [8] Zhang Hong. Characteristic Analyses of the Water-level-fluctuating Zone in the Three Gorges Reservoir. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2008, 28(1):4. DOI:CNKI:SUN:STTB.0.2008-01-013. [张虹. 三峡库区消落带土地资源特征分析. *水土保持通报*, 2008, 28(1):4]
- [9] Ma Zhimin; Fu Wali; Hu ning; Wang Gaigai; Sun Lu. Inorganic Phosphorus Transformation and Effect on the Phosphorus Availability

- bility in Drawdown Areas of Three Gorges Reservoir. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2009, 23(3):5.DOI:10.3321/j.issn:1009-2242.2009.03.024.[马志敏,傅瓦利,胡宁,等.三峡库区消落带土壤无机磷组分的变化及其对有效磷的影响.水土保持学报, 2009, 23(3):5.]
- [10] 崔超.三峡库区香溪河流域氮磷入库负荷及迁移特征研究[学位论文].中国农业科学院, 2024. .DOI:CNKI:CDMD:2.1016.171352.
- [11] Wen L; Tan G.Three Gorges Reservoir Xiangxihe Bay Water Quality Prognosis.*Hydroelectric Energy*, 2000,18(4):3.DOI:10.3969/j.issn.1000-7709.2000.04.016.[雒文生,谈戈.三峡水库香溪河库湾水质预测.水电能源科学, 2000, 18(4):3.]
- [12] Liu D F;Yang Z J;Ji D B,et al.A review on the mechanism and its controlling methods of the algal blooms in the tributaries of Three Gorges Reservoir. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2016, 047(003):443-454.DOI:10.13243/j.cnki.slx.20151304. [刘德富,杨正健,纪道斌,等.三峡水库支流水华机理及其调控技术研究进展.水利学报, 2016, 47(3):12.]
- [13] Liu Jingao; Xu Yaqian; Ma Jun; Liu D F; et al. Model of Water Temperature Stratification in Xiangxi Bay of the Three Gorges Reservoir with Different Density Currents. *Journal of Changjiang River Scientific Research Institute*, 2018, 35(4):6.DOI:10.11988/ckyyb.201611150.[刘晋高,徐雅倩,马骏,et al.三峡水库香溪河库湾不同异重流下水温分层模式研究.长江科学院院报, 2018, 35(4):6.]
- [14] Yang Z J; Liu D F; Yi Z Q;et al. Diurnal Vertical Migration of Peridiniopsis in Xiangxi Bay of Three Gorges Reservoir.*Research of Environmental Sciences*, 2010(1):7. [杨正健,刘德富,易仲强.三峡水库香溪河库湾拟多甲藻的昼夜垂直迁移特性.环境科学研究, 2010(1):7]
- [15] Huang J J; Wang C; Fang B. Characterization of Phosphorus Fractions in the Soil of Water-Level-Fluctuation Zone and Unflooded Bankside in Pengxi River,Three Gorges Reservoir.*Environmental Science*, 2017, 38(9):9.DOI:10.13227/j.hj.201702204.[黄俊杰,王超,方博,等.三峡澎溪河流域消落区与岸边土壤磷形态特征.环境科学, 2017, 38(9):9.]
- [16] Evans S , Kaiser C , Wallenstein M D .Microbial community responses to changes in rainfall: moving from pattern to process . ESS Convention.2013.
- [17] Shang J Q; Liu J; Li J Y; et al. Cluster analysis method of bacterial 16S rRNA gene sequencing:research progress. *Chinese Journal of Microecology*, 2023, 35(7):864-868. [尚家起,刘婧,李佳颖,等.菌群 16S rRNA 基因测序的聚类分析方法研究进展.中国微生态学杂志, 2023, 35(7):864-868.]
- [18] Wang N, Zhang R X, Wu Pan. Analysis of bacterial community structure and function in the acidic wastewater treatment system of a abandoned coal mine in Guizhou . *Environmental Science Research*, 2021, 34 (9): 10. DOI: 10.13198/j.issn.1001-6929.2021.05.07. [王能,张瑞雪,吴攀.贵州某废弃煤矿酸性废水处理系统中细菌群落结构及功能分析.环境科学研究, 2021, 34(9):10.]
- [19] Ye J F, Zhang Y B, Wan J, et al. Investigation of microbial community structure and diversity in a campus water body based on PacBio 16S rRNA gene full-length sequencing . *Environmental Science and Management*, 2023, 48 (6): 110-115 [叶珏妃,张逸博,万晶,等.基于 PacBio 16S rRNA 基因全长测序调查某校园水体微生物群落结构及多样性研究.环境科学与管理, 2023, 48(6):110-115.]
- [20] Peng K, Dong Z, Di Y M, et al. Comparative analysis of microbial community composition in the North Canal water and sediment based on 16S rRNA high-throughput sequencing . *Environmental Science*, 2021. DOI: 10.13227/j.hj.202104122. [彭柯,董志,邸琰茗,等.基于 16S rRNA 高通量测序的北运河水体及沉积物微生物群落组成对比分析.环境科学, 2021.]
- [21] Luo F F, Fu Y, Li S A, et al. Analysis of bacterial communities in Longjiang sediment and their response to environmental differences . *Environmental Science and Technology*, 2023, 46 (6): 34-44. [罗奉奉,付跃,李书安,等.龙江沉积物细菌群落及其对环境差异响应分析.环境科学与技术, 2023, 46(6):34-44.]
- [22] Hu J X, Chen Y, Yuan W H. Study on the evolution law of bacterial community structure and function in surface sediments of the Taihu Lake Lake estuary . *Journal of Environmental Science*, 2023, 43 (10): 371-381. [胡佳欣,陈瑜,袁伟皓.太湖入湖河口表层沉积物细菌群落结构和功能演变规律研究.环境科学学报, 2023, 43(10):371-381.]
- [23] Gao Y , Wang C , Zhang W ,et al.Vertical and horizontal assemblage patterns of bacterial communities in a eutrophic river receiving domestic wastewater in southeast China.*Environmental Pollution*, 2017, 230(nov.):469-478.DOI:10.1016/j.envpol.2017.

06.081.

- [24]Wang J, Peng J F, Song Y H, et al. Seasonal variation characteristics of microbial communities in sediment of the Hunhe River . Environmental Science Research, 2016, 29 (2): 9. DOI: 10.13198/j.issn.1001-6929.2016.02.06. [王佳,彭剑峰,宋永会,等.浑河底泥微生物群落季节性变化特征.环境科学研究, 2016, 29(2):9.]
- [25]Qin Y, Zheng W, Zhang X, et al. Study on the correlation between microbial community structure and environmental factors in the middle section of the Three Gorges Reservoir Area . Resources and Environment of the Yangtze River Basin, 2021, 30 (5): 10. [秦宇,郑望,张曦,等.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.长江流域资源与环境, 2021, 30(5):10.]
- [26]FRANCO D C, SIGNORI C N, DUARTE R T, et al. High prevalence of gammaproteo bacteria in the sediments of admiralty bay and north Bransfield Basin, northwestern Antarctic Peninsula. Frontiers in Microbiology, 2017, 8 (e11832) :153
- [27]HARRISON B K, MYRBO A, FLOOD B E, et al. Abrupt burial imparts persistent changes to the bacterial diversity of turbidite-associated sediment profiles. Geobiology, 2018, 16 (2): 190-202
- [28]SUI X, ZHANG R T, ZHONG H X, et al. Study on bacterial diversity of Deyeuxia angustifolia wetland by application of high-throughput sequencing technology in Sanjiang plain. Soils, 2015, 47 (5): 919- 925.[隋心, 张荣涛, 钟海秀, 等. 利用高通量测序对三江平原小叶章湿地土壤细菌多样性的研究. 土壤, 2015, 47 (5): 919-925.]
- [29]Kou W B, Huang Z Y, Zhang J, et al. Bacterial community structure and composition in Lake Poyang: A case study in the Songmenshan Region, China. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35 (23): 7608-7614.[寇文伯, 黄正云, 张杰, 等. 鄱阳湖湖泊细菌群落组成及结构——以松门山为例. 生态学报, 2015, 35 (23): 7608-7614.]
- [30]Dang C Y, Liu W, Lin Y X, et al. Dominant role of ammonia-oxidizing bacteria in nitrification due to ammonia accumulation in sediments of Danjiangkou Reservoir, China[J] . Applied Microbiology and Biotechnology, 2018, 102(7) : 3399-3410.
- [31]Martins G, Terada A, Ribeiro D C, et al. Structure and activity of lacustrine sediment bacteria involved in nutrient and iron cycles[J] . FEMS Microbiology Ecology, 2011, 77(3) : 666-679.
- [32]Zumft W G, Kroneck P M H. Respiratory transformation of nitrous oxide (N₂O) to dinitrogen by Bacteria and Archaea [J] . Advances in Microbial Physiology, 2006, 52: 107-227.
- [33]Zhang W; Wang M; Guo X Y; et al. Analysis of the dispersal process of abundant and rare subcommunities in highly artificial urban rivers:A case study of the North Canal River. China Environmental Science 2022, (1—9).[张伟, 王敏, 郭道宇, 等. 高度人工化城市河道微生物优势和稀有组分扩散过程分析——以北运河为例. 中国环境科学 2022, (1—9).]
- [34]Chen Q R; Xia X; Wang C; et al. Seasonal Variation Characteristics of Microbial Communities in the Sediments of Urban Blackodorous River in Lower Reaches of ShaYing River. 水生生物学报, 2021, 45(1) : 182—189. [陈倩茹, 夏雪, 王川, 等. 沙颍河下游城市黑臭内河沉积物微生物群落季节变化特征. 水生生物学报, 2021, 45(1) : 182—189.]
- [35]Lijuan,Ren,Erik,et al.pH Influences the Importance of Niche-Related and Neutral Processes in Lacustrine Bacterioplankton Assembly.Applied and Environmental Microbiology, 2015.DOI:10.1128/aem.04042-14.
- [36]Sommaruga R, Casamayor E O. Bacterial 'cosmopolitanism' and importance of local environmental factors for community composition in remote high-altitude lakes[J] . Freshwater Biology, 2009, 55(5) : 994-1005.
- [37]Stepanauskas R , Moran M A ,B.A. Bergamaschi,et al.Covariance of bacterioplankton composition and environmental variables in a temperate delta system.Aqua.microb.ecol, 2003, 31(1):1565-1577.DOI:10.1006/jsvi.1995.0550.
- [38]You B S, Ma S Z, Geng M D, et al. Distribution pattern and driving factors of bacterial community in water and sediment of the Taihu Lake Lake . Lake Science, 2023,35 (5): 1774-1785. [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(5):1774-1785.]
- [39]Sun Y J, Chen C, Ding A Z, et al. Response of water quality characteristics and microbial diversity in Guanting Reservoir 2015 (5). [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. 中国环境科学, 2015, 35(5).]
- [40]Research advances of the phosphorus-accumulating organisms of Candidatus Accumulibacter, Dechloromonas and Tetrasphaera: Metabolic mechanisms, applications and influencing factors
- [41]Juliette L Y , Hyman M R , Arp D J .Inhibition of Ammonia Oxidation in Nitrosomonas europaea by Sulfur Compounds: Thioethers Are Oxidized to Sulfoxides by Ammonia Monooxygenase.Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(11):3718

-3727.DOI:10.1002/bit.260420917.

[42] Herbert R A .Nitrogen cycling in coastal marine ecosystems.FEMS Microbiology Reviews, 1999, 23(5):563-590.DOI:10.1016/S0168-6445(99)00022-4.

[43] Bai J, Li H Y, Zhang J, et al. Analysis of 16S rDNA diversity of bacterial communities in sediments from the northwest of the Yellow Sea . Chinese Environmental Science, 2009 (12): 8. DOI: 10.3321/j. issn: 1000-6923.2009.12.009. [白洁,李海艳,张健,等.黄海西北部沉积物中细菌群落 16S rDNA 多样性解析.中国环境科学, 2009(12):8.]

附表 1 沉积物环境因子时空变化含量

Appendix Tab. 1 Temporal and spatial variation of environmental factors in sediments

时间	样点	NaOH-P/ (mg/kg)	HCl-P/ (mg/kg)	IP/ (mg/kg)	OP/ (mg/kg)	TP/ (mg/kg)	有机质/ (g/kg)
春季	CJXX	146.03	560.41	756.56	275.83	1032.39	11.14
	XX02	139.23	560.41	736.48	194.90	931.38	12.51
	XX04	229.02	709.43	1063.49	324.51	1388.01	13.22
	XX06	276.64	693.23	1069.16	299.49	1368.65	14.07
	XX08	217.23	748.30	1035.31	419.52	1454.83	14.23
夏季	CJXX	123.81	312.60	472.27	159.54	631.81	8.26
	XX02	79.82	186.26	317.93	76.13	394.06	9.11
	XX04	155.56	437.32	624.78	123.10	747.88	10.46
	XX06	169.16	379.01	618.04	173.31	791.35	9.78
	XX08	155.56	487.53	655.56	186.26	841.82	11.21
秋季	CJXX	105.67	380.63	511.61	158.73	670.34	9.18
	XX02	81.18	346.61	457.95	86.65	544.61	9.65
	XX04	154.20	531.26	692.81	141.72	834.53	11.47
	XX06	146.94	472.95	637.95	174.93	812.88	11.68
	XX08	158.28	482.67	651.85	139.29	791.14	10.56
冬季	CJXX	167.80	416.57	638.54	207.27	858.00	10.67
	XX02	106.12	454.71	605.32	94.83	760.95	10.15
	XX04	210.43	744.07	1026.11	249.47	1280.56	12.81
	XX06	220.41	705.98	966.42	233.27	1227.49	13.36
	XX08	153.29	737.17	923.33	128.93	1077.83	13.84

附表 2 上覆水环境因子时空变化

Appendix Tab. 2 Temporal and spatial variation of environmental factors in overlying waters

时间	样点	STP (mg/L)	DTP (mg/L)	PO ₄ ³⁻ (mg/L)	Chl-a (mg/m ³)	COD _{Mn} (mg/L)	DO (mg/L)	pH	T (°C)	Spcond (μS/cm)
春季	CJXX	0.05	0.03	0.01	3.60	1.91	8.14	8.99	13.26	454.86
	XX02	0.05	0.04	0.01	3.70	2.00	8.26	9.06	12.87	438.10
	XX04	0.06	0.05	0.02	4.50	1.91	8.44	9.14	12.54	422.61
	XX06	0.05	0.04	0.03	3.26	1.83	8.37	9.29	12.21	408.76
	XX08	0.06	0.05	0.02	2.80	1.91	8.65	9.37	12.16	401.92
夏季	CJXX	0.12	0.06	0.03	6.60	1.75	6.04	7.73	24.01	412.90

	XX02	0.08	0.05	0.03	7.52	1.75	6.53	7.86	22.87	435.40
	XX04	0.10	0.09	0.04	6.65	2.24	6.40	7.89	22.51	374.90
	XX06	0.12	0.08	0.04	8.03	1.91	6.81	8.17	22.61	350.70
	XX08	0.10	0.07	0.05	7.80	2.31	7.05	8.69	24.75	359.50
	CJXX	0.09	0.05	0.02	6.13	1.67	7.41	7.33	22.63	360.50
秋季	XX02	0.08	0.06	0.02	6.70	1.83	6.68	7.64	22.54	362.50
	XX04	0.10	0.06	0.02	6.70	2.16	6.82	7.37	21.07	355.90
	XX06	0.12	0.08	0.02	7.20	2.49	6.84	7.69	20.79	352.70
	XX08	0.11	0.07	0.04	7.89	1.83	7.59	7.91	19.18	337.60
	CJXX	0.06	0.03	0.02	4.30	1.51	8.40	8.83	16.95	429.40
冬季	XX02	0.06	0.04	0.03	3.24	2.00	8.09	8.91	17.06	414.40
	XX04	0.08	0.05	0.03	4.11	2.16	8.25	9.17	16.32	411.10
	XX06	0.07	0.05	0.04	4.12	1.76	8.24	9.04	15.81	402.60
	XX08	0.07	0.06	0.03	4.20	2.16	8.46	9.11	14.95	393.70