

三峡大坝建设对其上、下游沉积物细菌多样性及多功能性的影响

郑开凯, 彭春兰, 高千红, 严海涛, 闫金波**

(长江水利委员会水文局长江三峡水文水资源勘测局 宜昌 443000)

摘 要: 三峡大坝建设显著改变了长江水沙通量, 但其对沉积物中微生物介导的多功能性(碳氮磷循环)的影响尚未明确。本研究基于 16S 扩增子测序、共现网络分析和结构方程模型, 探究三峡大坝对上下游沉积物细菌群落组成、多样性及多功能性的影响。结果表明, 上游沉积物细菌群落以假单胞菌门(~25.5%)为主, 下游以脱硫杆菌门(~24.8%)为主。三峡大坝显著降低下游沉积物的细菌 α 多样性, 且 α 多样性与水分(减少约35.39%)、阳离子交换量(~49.64%)和溶解性有机碳(~49.88%)的减少显著相关。结构方程模型显示, 沉积物细菌 α 多样性能通过减少细菌网络相互作用, 显著降低沉积物多功能性。本研究揭示了三峡大坝对下游沉积物生态功能的负面影响, 建议通过长期监测沉积物中溶解性有机碳和阳离子交换量, 以优化水文管理, 减缓生物多样性损失。

关键词: 三峡大坝; 沉积物; 物质循环; 细菌群落组成; 生态多功能性

The impact of Three Gorges Dam construction on bacterial diversity and multifunctionality in the upstream and downstream sediments, Yangtze River

Zheng Kaikai, Peng Chunlan, Gao Qianhong, Yan Haitao & Yan Jinbo**

(Three Gorges Hydrology and Water Resources Survey Bureau, Hydrology Bureau of Yangtze Water Resources Commission, Yichang, 443000, P.R.China)

Abstract: The construction of the Three Gorges Dam has had a considerable effect on the water and sediment fluxes in the Yangtze River, yet the impact on microbially mediated multifunctionality (carbon, nitrogen, and phosphorus cycling) in sediments remains to be elucidated. The present study employed 16S amplicon sequencing, co-occurrence network analysis, and structural equation modelling to investigate the effects of the dam on bacterial community composition, diversity, and multifunctionality in upstream and downstream sediments. The results of the study indicated that upstream sediments were predominantly composed of Proteobacteria (~25.5%), while downstream sediments exhibited a preponderance of Desulfobacterota (~24.8%). The construction of the dam resulted in a substantial reduction in bacterial α -diversity in the downstream sediments. This reduction was closely correlated with decreases in moisture content (~35.4%), cation exchange capacity (~49.6%), and dissolved organic carbon (~49.9%). The findings of structural equation modeling suggested that a decrease in α -diversity directly impaired ecological functions and indirectly reduced multifunctionality by weakening bacterial network interactions. The present study underscores the deleterious ecological ramifications of the Three Gorges Dam on downstream sediment functions and puts forward the recommendation of long-term monitoring of dissolved organic carbon and cation exchange capacity, in conjunction with optimized reservoir management, as a means of mitigating biodiversity loss.

Keywords: Three Gorges Dam; sediment; material circulation; bacterial community; ecological multifunctionality

位于长江中上游河段的三峡大坝 (Three Gorges Dam, TGD) 是全球最大的大坝之一^[1]。它的建设显著改变了长江流域的水文过程、沉积物运输过程并最终可能影响养分循环及生态系统功能。其中, 尤其需要关注的是沉积物对 TGD 建设的响应, 它是河流生态系统的重要组成部分, 被认为是营养循环的汇聚地或源头, 是水生环境中最为多样化的微生物栖息地之一^[2-3]。沉积物在河流生态系统物质循环中发挥着重要作用, 包括诸多转化和迁移过程, 如吸附-解吸、迁移、溶解和沉积^[4], 及在土壤-水界面上的生物降解和生

物富集等^[5-6]。2007年 Yang 等人研究发现 TGD 建成后导致长江流域沉积物运输减少 31% 左右，并且加剧了河床的侵蚀以及长江三角洲的缩减^[7]。同时，由于沉积物运输与河流流量密切相关^[8]，观察到的沉积物运输减少不仅表明 TGD 建成后长江流量有所下降，也意味着大坝上下游的生态系统功能可能发生了显著变化。鉴于沉积物在河流生态系统中的重要作用，且其中栖息的微生物参与着生物地球化学循环的多个功能（即多功能性），因此有必要探究 TGD 建设对沉积物微生物群落组成及功能的影响。

细菌群落是沉积物生态系统的重要组成部分，其群落组成和多样性对环境变化高度敏感。例如，基于对太湖沉积物中细菌群落的研究比较后发现，细菌比真菌对沉积物 pH、有机碳和总氮含量变化更加敏感^[9]。通过调查长江流域约 50,000 座大坝建设对洞庭湖沉积物微生物生物量和细菌群落结构的影响后发现，诸多大坝建设可能主要通过降低沉积物的粒度，从而增加了包括有机质、水分含量等土壤性质进而增加了沉积物中细菌生物量和 α 多样性^[10]。相反，尽管未准确识别影响大坝上游和下游沉积物中细菌多样性变化的主要因素，但是有研究证明无论是三峡大坝还是溪洛渡大坝，它们的建设均会导致下游沉积物中细菌 α 多样性急剧降低^[11]。这些研究表明大坝上下游间细菌群落组成和多样性存在明显差异，而这些差异可能引起沉积物生态系统功能的改变。尽管过去在了解细菌群落对大坝建设的响应方面取得了显著进展^[3,10-12]，但是大多数研究主要侧重于群落组成和多样性变化上，针对这些变化可能引起的沉积物功能反馈仍待深入研究。

细菌群落的 α 多样性可以通过维持细菌间复杂的网络相互作用从而调节沉积物系统的单项功能（如有机质分解）或多功能性^[6,13]。竞争、合作和共生等复杂的相互作用形成了错综复杂的微生物互作网络^[14]，有潜力直接或间接影响沉积物生态系统的稳定性和性能。例如，有研究报道随着酸性减弱，沉积物中细菌 α 多样性显著增加，增强了细菌之间的网络相互作用^[15]。不仅如此，微生物间网络相互作用的增强不仅意味着微生物具有更高的抗干扰能力，也意味着微生物具有更高的碳、氮、硫和磷循环功能^[14,16-17]。因此，三峡大坝建设对大坝上游和下游沉积物中细菌间网络相互作用的影响以及这些影响与沉积物生态功能间的关系亟待深入研究，这对全面评估大坝生态影响、保障流域生态健康十分关键。

本研究采集了三峡大坝上游三个区域和下游两个区域的沉积物样品（每个区域采集 0~20 cm 的 10 个样品），基于 16S 扩增子测序技术结合共现网络分析、结构方程模型等多个生物信息学分析方法拟探究以下问题：1）三峡大坝建设如何影响细菌群落 α 多样性及网络相互作用？2）细菌群落 α 多样性变化与网络相互作用间有怎样的关系；又将如何影响沉积物的生态功能？

1. 材料和方法

1.1. 研究区域与样品采集

本研究选取上游官渡口（GDK）、香溪河（XXH）和庙河（MH）三个国家水质采样断面；下游选取黄陵庙（HLM）和南津关（NJG）两个国家水质采样断面，总计五个（图 1）。每个断面从左中右分别采集 0-20 cm 沉积物样品，充分混匀，每个采样点共采集 10 个生物学重复，共计 50 个样品；所采集的样品分两部分保存，一部分在自然条件下风干，4 °C 密封保存，用于测定沉积物的理化性质；另一部分在 -80 °C 保存，用于测定微生物指标。采样时间为 2024 年 5 月、6 月。

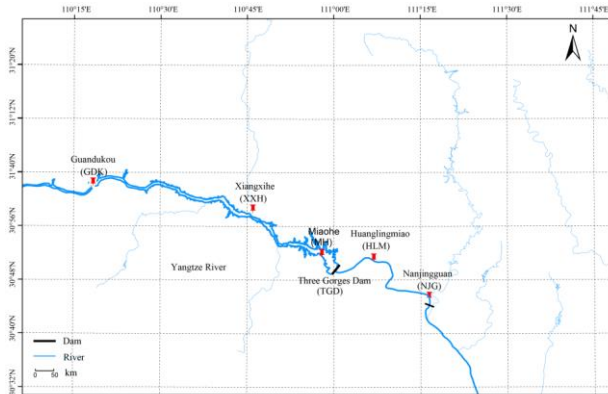


图 1 研究区域概况

Fig.1 Overview of the study area

1.2. 理化指标分析

根据鲁如坤的《土壤农业化学分析方法》对沉积物的化学性质进行了分析^[18]，沉积物 pH 通过将 10 g 干土与去离子水按 2.5:1 的比例混合后，快速搅拌 1 min 并静置 30 min，随后使用玻璃电极进行测定；含水率 (moisture) 采用烘干法测定；沉积物硝态氮 (nitrate nitrogen, NO_3^- -N) 和铵态氮 (ammonium nitrogen, NO_4^+ -N) 用中性盐 (KCl) 浸提后，利用连续流动分析仪 (Skalar San++ System) 测定；沉积物有机质 (Sediment organic matter, SOM) 采用重铬酸钾容量法测定；沉积物溶解性碳 (Dissolved Organic Carbon, DOC) 采用纯水浸提-硫酸-重铬酸钾氧化法；全氮 (total nitrogen, TN) 测定采用半微量开氏法；全磷 (total phosphorus, TP) 采用碳酸钠熔融法，而速效磷 (available phosphorus, AP) 测定采用 Olsen-P 法，钼锑抗比色测定；全钾 (total potassium, TK) 和速效钾 (available potassium, AK) 分别用氢氧化钠和醋酸铵作为提取剂，随后通过火焰分光光度法进行分析；阳离子交换量 (cation exchange capacity, CEC) 采用乙酸铵交换法。

1.3. 扩增子测序分析

50 个样品的底泥总基因组 DNA 的提取，按照 Fast DNA Soil 试剂盒 (Q-BioGene, Carlsbad, CA, USA) 说明书进行。通过琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 的完整性，并通过 Nanodrop 2000 和 Qubit 3.0 分光光度计检测基因组 DNA 的浓度和纯度。然后，用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3') 和 907R (5'-CCGTC AATTCM TTTRAGTTT-3') 扩增 16S rRNA 基因的 V4-V5 高变量区域。PCR 扩增的条件为：95°C 预变性 2 min，随后 95°C 变性 20 s，56°C 复性 30 s，72°C 延伸 60 s，进行 30 个循环，最后 72°C 延伸 5 min。对 PCR 产物进行凝胶纯化，纯化后的产物使用 Illumina Novaseq 6000 测序平台进行测序，测序仪读取的序列数量为 449867-574611 reads，平均读取序列数量为 524106 reads。

Illumina 数据处理和分析：使用 Quantitative Insights into Microbial Ecology (QIIME2) 软件对高通量测序得到的原始序列数据进行过滤、拼接和去除嵌合体，使用 cutadapt 插件去除测序接头与引物序列；随后利用 DADA2 插件进行序列质量过滤，基于单核苷酸精度识别扩增子序列变体 (Amplicon Sequence Variants, ASVs)；最后采用基于 Greengenes 数据库 (版本 13.8) 预训练的朴素贝叶斯分类器，在置信度阈值 0.8 条件下对 ASV 代表序列进行微生物分类学注释。生物样本数据 NMDC20311573 存储在国家微生物科学数据中心 (NMDC)，链接为 <https://nmdc.cn/resource/genomics/sample/detail/NMDC20311573>。

1.4. 沉积物多功能性计算

本研究测量了所有样品中与养分相关的 9 个变量，如 NO_3^- -N、 NO_4^+ -N、SOM、DOC、TN、TP、AP、TK 和 AK。这些变量均是涉及物质和能量储存的关键指标，代表着缓慢的非生物和生物过程，并可作如沉积物碳封存和养分储存能力等长时间尺度中净过程速率的适宜指标^[19]。为了评估沉积物多功能性，本研究利用平均值法构建了能代表沉积物系统养分循环和气候调节能力的多功能性指标。简单来说，本研究首先基于 Zscores 方法计算了每个变量的 Z 得分，随后采用平均值法计算沉积物多功能性^[6]。

1.5. 数据处理

相关性分析、方差分析 (ANOVA) 和线性回归分析均采用 R 语言软件 (v4.0.2) 进行。相关性分析采用了 Pearson 相关法，而方差分析的事后检验则使用了 LSD 法进行。本研究对微生物群落进行了深入分析，包括 Mantel test 相关性分析、微生物群落的 alpha 多样性指数分析和网络分析 (Network analysis) 等。结构方程模型 (SEM) 利用 Amos Graphics 22 (SPSS Inc, Chicago, 美国) 构建，用于确定环境因子，细菌多样性和网络参数对沉积物多功能性的直接或间接影响。所有的统计分析和图表的制作均借助于 R 软件 (v4.0.2) 中的 'vegan' 和 'ggplot2' 数据包及 Gephi 等软件。

2 结果与分析

2.1. 三峡大坝上下游沉积物理化性质变化

50 个沉积物样品的物理化学性质表现出相当大的差异，其主要变化因子，moisture 变化范围为 27.8-57.9%；CEC、 NH_4^+ -N、AK、pH、SOC、DOC 含量变化范围为 6.37-21.69 cmol/kg、15.20-54.77 mg/kg、20.15-28.80 mg/kg、7.67-8.15、8.74-13.55 g/kg、95-299 mg/kg。本研究通过比较三峡大坝上下游沉积物理化性质变化，发现相比于三峡大坝上游沉积物对应理化指标，下游沉积物 moisture、CEC、SOC、TN、

TK、DOC、AP 和 AK 显著 ($p < 0.001$) 降低了 35.39%、49.64%、10.99%、38.10%、19.11%、49.88%、33.75%和 36.03% (表 1) ; 其中 DOC、TN、AP 和 AK 等养分指标降低幅度较大 ($p < 0.001$) , 而 moisture 和 CEC 是变化较大的物理和化学指标 ($p < 0.001$) 。相比之下, 本研究发现三峡大坝上下游沉积物的 pH 并无明显差异。

表 1 三峡大坝上下游沉积物理化性质差异

Tab.1 Differences in the physicochemical properties of sediment upstream and downstream of the Three Gorges Dam			
	上游	下游	显著性 (p)
Moisture (%)	46.51±6.50	30.05±1.51	< 0.001
pH	7.97±0.17	7.94±0.08	0.65
CEC (cmol·kg ⁻¹)	16.46±2.46	8.29±1.09	< 0.001
SOC (g·kg ⁻¹)	11.46±1.24	10.20±1.13	< 0.001
TN (g·kg ⁻¹)	1.26±0.17	0.78±0.09	< 0.001
TP (g·kg ⁻¹)	0.91±0.04	0.89±0.04	< 0.05
TK (g·kg ⁻¹)	25.90±1.53	20.95±0.60	< 0.001
DOC (mg·kg ⁻¹)	239.19±51.00	119.89±17.68	< 0.001
NO ₃ ⁻ -N (mg·kg ⁻¹)	0.45±0.07	0.40±0.10	0.35
NH ₄ ⁺ -N (mg·kg ⁻¹)	34.87±13.31	28.47±10.03	0.07
AP (mg·kg ⁻¹)	43.47±7.08	28.80±3.79	< 0.001
AK (mg·kg ⁻¹)	147.10±24.82	94.10±11.51	< 0.001

2.2. 上下游细菌群落组成、多样性及网络相互作用变化

为研究沉积物中细菌群落组成对三峡大坝建设的响应, 本研究使用扩增子测序技术探究细菌群落多样性和组成变化。本研究发现相比于大坝上游沉积物细菌群落, 下游细菌 α 多样性和丰富度 (降低 5.37%) 均显著降低 ($p < 0.001$, 图 2a)。主坐标分析 (PCoA) 显示沉积物中细菌群落组成变化可被主坐标前两轴解释 88.33%, 且大坝上游样品与下游样品存在明显差异的聚类簇 (图 2b)。进一步分析不同采样点细

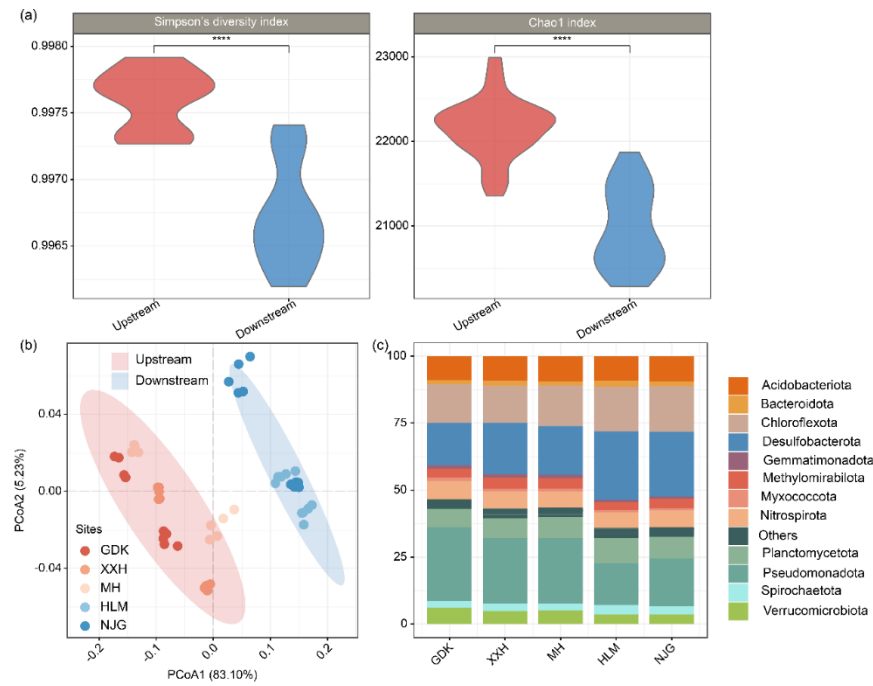


图 2 上下游细菌群落的比较。(a) 细菌 α 多样性在上下游之间的差异性, (b) 基于 ASVs 的主坐标分析 (PCoA), (c) 门水平不同采样点细菌群落组成变化。

Fig.2 Comparison of upstream and downstream bacterial communities. Differences in bacterial α -diversity between upstream and downstream sites (a), principal coordinate analysis (PCoA) based on amplicon sequence variants (ASVs) (b), variations in bacterial community composition across sampling sites at phylum level (c).

群落相对丰度显示在上游沉积物样品中假单胞菌门（*Pseudomonadota*, 25.46%）是主要的优势类群，其次为脱硫杆菌门（*Desulfobacterota*, 17.77%）和绿弯菌门（*Chloroflexota*, 14.47%）（图 2c）。而在下游沉积物样品中，优势菌则为脱硫杆菌门（*Desulfobacterota*, 24.84%），其次为假单胞菌门（*Pseudomonadota*, 16.60%）和绿弯菌门（*Chloroflexota*, 16.88%）。这些结果表明三峡大坝的建设明显改变了沉积物中细菌群落的多样性和群落组成。

鉴于微生物群落组成与其物种间的相互作用具有密切关联，本研究基于共现网络分析探究了上下游沉积物中细菌间的潜在相互作用差异。结果表明上游细菌共现网络中以前两个模块占主导，而在下游共现网络中则主要为前 4 个模块（图 3a）。不仅如此，分析共现网络拓扑参数显示，相比于上游细菌共现网络，在下游的共现网络中具有显著（ $p < 0.001$ ）更高的网络节点数量、更大的网络直径、更少的网络边数（包括正相互和负相互作用边数）以及更差的网络传递性（图 3b）。这些结果表明三峡大坝建设可能会显著削弱沉积物中细菌间的潜在相互作用，致使下游沉积物中细菌网络具有更差的稳定性。

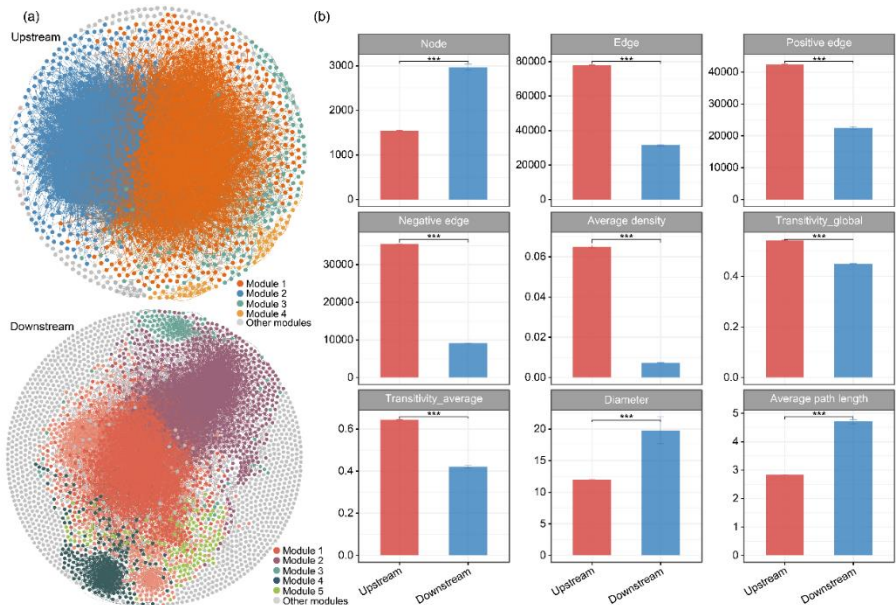


图 3 上、下游细菌群落之间的关系，细菌群落的网络图（a）、细菌群落网络参数的比较（b）

Fig.3 Relationships between upstream and downstream bacterial communities Network diagram of bacterial community (a) and comparison of network parameters related to bacterial community (b)

2.3. 细菌多样性和相互作用变化对沉积物多功能性的影响

分析沉积物理化因子及它们与细菌 α 多样性间的关系显示，moisture 和 CEC 与大多数养分指标如 DOC、TN、AP 和 AK 显著正相关（ $p < 0.001$ ），而 pH 与沉积物有机碳含量表现为显著（ $p < 0.001$ ）负相关（图 4a）。不仅如此，Mantel 分析表明 moisture 和 CEC 是显著（ $p < 0.001$ ）影响细菌 α 多样性的主要因子，其次为 DOC、TN、TK、AP 和 AK。

另外，研究沉积物上下游多功能性表明，相比于上游沉积物的多功能性，下游沉积物多功能性指标显著降低（ $p < 0.001$ ，图 4b）。线性拟合分析显示无论是细菌 α 多样性（拟合优度 $R^2 = 0.40$ ， $p < 0.001$ ），还是细菌丰富度（ $R^2 = 0.56$ ， $p < 0.001$ ，图 4c）均显著正相关于沉积物的多功能性。

为进一步探究 moisture、CEC、pH 与细菌 α 多样性、网络相互作用及多功能性之间的直接和间接联系，本研究使用了结构方程模型（SEM）。模型结果显示 moisture 既能通过影响细菌 α 多样性从而影响沉积物多功能性，也能直接影响沉积物多功能性（路径系数 $r = 0.40$ ， $p < 0.001$ ，图 5a）。相比之下，CEC 主要通过影响细菌 α 多样性（ $r = 0.20$ ， $p < 0.05$ ）和细菌间的相互作用（ $r = 0.69$ ， $p < 0.001$ ）从而影响沉积物多功能性。对于细菌 α 多样性，其不仅能直接正相关于沉积物多功能性（ $r = 0.52$ ， $p < 0.001$ ），也能通过调节细菌间的相互作用从而影响多功能性。标准效应分析表明细菌 α 多样性是影响沉积物多功能性的主要正向因子（图 5b）。

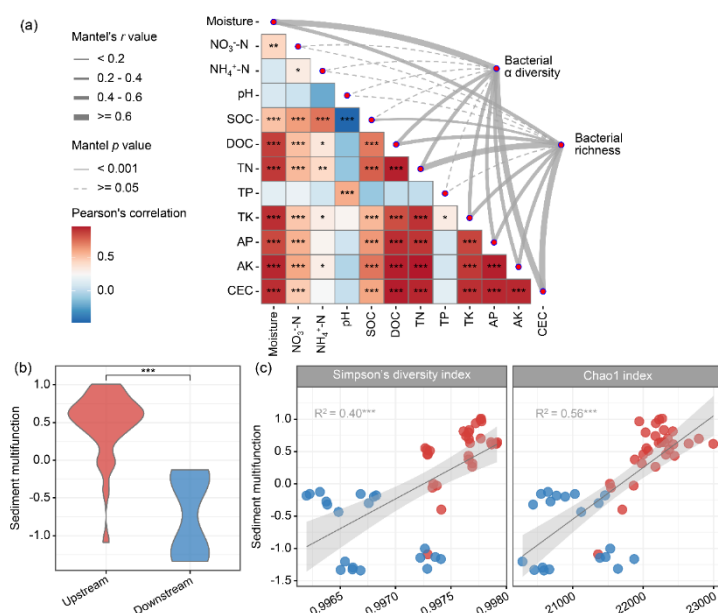


图 4 理化因子、细菌群落多样性及沉积物多功能性之间的关系 细菌多样性与理化因子的 Mantel 分析 (a)、上游和下游沉积物多功能性比较 (b)、细菌多样性和沉积物多功能性的关系 (c)

Fig.4 The relationship between physical and chemical factors, bacterial community diversity and sediment multifunctionality The relationship between bacterial diversity and physical and chemical factors (a), comparison of upstream and downstream sediment multifunctionality (b), bacterial diversity and sediment multifunctionality (c)

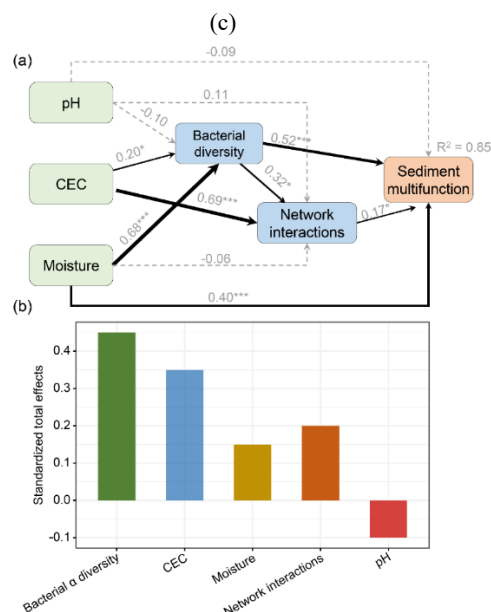


图 5 环境因子、群落及沉积物多功能性三者的结构方程模型 (a)、及其对多功能性标准化直接和间接影响 (b)。其中 $\chi^2 = 0.102$, $df = 2$, $p = 0.750$; bootstrap $p = 0.814$; RMSEA = 0.000, $p = 0.762$.

Fig5 A priori model for the structural equation modeling between environmental factors and microbial communities and multifunctionality(a), and the direct and indirect effects of standardization(b)

3. 讨论

作为全球最大的大坝之一，三峡大坝的建设对长江流域及其周边生态系统产生了重大生态影响。这里基于16S扩增子测序技术和多种生物信息学分析方法，探究了三峡大坝上下游沉积物中细菌群落组成、物种潜在相互作用、沉积物生态多功能性的差异及它们之间的直接和间接关联。主坐标分析显示大坝上下游

细菌群落存在明显差异性的聚类簇（图2b），表明了大坝建设对细菌群落组成和结构产生了显著影响。并且，本研究发现上游沉积物样品中的主要优势菌为假单胞菌门（原名变形菌门，占比 25.46%），而在下游沉积物样品中，优势菌则为脱硫杆菌门（占比 24.84%）（图2c）。这一发现与过去报道的三峡大坝上下游沉积物中主要优势菌为变形菌门^[11,20]存在一定差异。研究表明，变形菌门中 α -、 γ -和 β -变形菌纲中的多数成员具有富营养型特征，偏爱生长于有机质和营养物质丰度的生境中^[16,21-22]；相反 δ -变形菌和脱硫杆菌多分布于贫营养、厌氧环境（如海洋沉积物、深层地下水、湖泊沉积物），依赖于难降解有机质的分解和硫酸盐还原代谢^[22-24]。在本研究中大坝上下游沉积中营养物质（如DOC、AP、AK等）可用性显著降低（ $p < 0.001$ ，表1），因此可能导致具有不同养分状态偏好的细菌丰度发生显著变化。另一方面，由于最近一些研究将变形菌门如 α -、 β -、 γ -、 δ -和 ϵ -变形菌整体命名为假单胞菌门；而脱硫杆菌门过去被归类为 δ -变形菌纲的一部分，但现在被单独划分为独立的细菌门^[25-27]。因此，分类学上的差异也可能导致本研究发现的群落组成与过去报道的不一致。需要注意的是，在本次研究及过去多数研究中使用的测序方法属于相对丰度测序法，该方法探明的群落组成可能与使用绝对定量测序得到的结果有一定的差异^[28-29]。在未来的研究中应分别使用绝对和相对定量测序方法以更加准确的评估大坝上下游沉积物中细菌群落组成变化。

与过去报道的三峡大坝上下游细菌多样性变化规律一致^[11]，本研究也发现相比于上游沉积物中细菌多样性，下游沉积物中细菌多样性和丰富度显著降低（ $p < 0.001$ ，图2a）。不同的是过去部分研究将这种多样性的降低简单归咎于河床冲刷引起的物理、化学和生物的改变^[11]，而本研究发现CEC、moisture以及有效养分的显著降低可能是细菌多样性减少的重要原因（表1和图3a）。沉积物中的微生物对于外界环境以及养分的变化非常敏感^[30]，有研究表明高浓度的养分显著提高了细菌群落的 α 多样性^[31]，本研究中大坝上游更多的养分，可能带来了更高的细菌多样性。此外，本研究发现下游生态多功能性显著低于上游（ $p < 0.001$ ，图3b）。一方面这可能是因为大坝下游沉积物中细菌 α 多样性显著降低；另一方面也可能是因为下游沉积物细菌之间的潜在相互作用同样显著低于大坝上游（ $p < 0.001$ ，图4a和b）。研究表明微生物的 α 多样性越高，微生物类群之间的功能互作就越显著，从而可以更加有效地促进生态系统的碳、氮和磷等营养物质的循环^[19]。这意味着微生物间的物种多样性有助于维持它们之间的相互作用。对于微生物间的相互作用，过去的研究表明更高的微生物网络相互作用可能有助于提高生态系统的碳氮循环效率^[32-33]，并且有助于提高微生物的抗干扰（如外来物种入侵、养分限制等）能力^[34]。因此，高 α 多样性和微生物网络相互作用一般意味着高生态多功能性。

在本研究中，结构方程模型显示细菌 α 多样性显著正相关于细菌间的网络潜在相互作用并最终影响沉积物生态系统多功能性（图5）。这可能是因为以下几个方面的原因：1）更高的细菌 α 多样性通常意味着更丰富的功能特征分化，使不同细菌在生态系统中扮演互补角色，进而促进物质的高效循环^[19]。例如，一些细菌偏爱分解化学稳定的有机物质（如纤维素、木质素）并释放小分子代谢物，而其他细菌则以这些代谢物为能源，形成共生关系，从而提高生态系统功能^[35]。在沉积物等厌氧环境中，不同物种之间的代谢协作可能更为普遍。例如，研究发现厌氧环境中细菌能够将有机物降解为氢气、乙酸等，而产甲烷古菌可以利用这些中间产物产生甲烷，从而促进碳循环和能量流动过程^[36]；2）高细菌多样性往往意味着更活跃的基因交流，有助于不同细菌通过水平基因转移（HGT）进行基因交换^[35]。这不仅增强了微生物的环境适应性，还促进了群落内部的合作，例如协同降解污染物或共同抵御环境压力^[37-38]；3）在高多样性的细菌群落中，细菌更容易形成结构化的生物膜^[39]。在生物膜中，细菌通过群体感应（quorum sensing）进行交流，并分泌细胞外聚合物（EPS），从而增强协作能力，提高对环境胁迫的抵抗力^[40]。因此，细菌 α 多样性可能正相关于它们之间的网络相互作用从而有助于提高生态多功能性。我们的研究表明高细菌 α 多样性可以通过维持高网络相互作用而调控其所在系统的功能稳定性。在未来的研究中应注重验证 α 多样性与网络相互作用间的潜在联系。

4 结论

基于16S扩增子测序技术及多种生物信息学分析方法本研究评估了三峡大坝建设对其河道上游和下游沉积物中多功能性的影响及其主要影响因素。本研究发现三峡大坝会显著降低细菌 α 多样性及细菌间的潜在相互作用，从而降低沉积物的生态多功能性。其中，影响细菌 α 多样性的主要因素为moisture和CEC，其

次为DOC、TN、AP和AK等速效养分的可用性。本研究结果表明三峡大坝的建设会对下游沉积物的生物多样性和生态多功能性产生较大的负面影响，未来应持续关注其生物多样性变化。

5参考文献

- [1] Guo H, Hu Q, Zhang Q, Feng S. Effects of the Three Gorges Dam on Yangtze River flow and river interaction with Poyang Lake, China: 2003–2008. *J HYDROL*, 2012, 416-417: 19~27.
- [2] Wang W, YujunYi, Yang Y et al. Impact of anthropogenic activities on the sediment microbial communities of Baiyangdian shallow lake. *INT J SEDIMENT RES*, 2020, 35(2): 180~192.
- [3] Wang S, Hou W, Jiang H et al. Microbial diversity accumulates in a downstream direction in the Three Gorges Reservoir. *J ENVIRON SCI*, 2021, 101: 156~167.
- [4] Yi Y, Lin C, Wang W, Song J. Habitat and seasonal variations in bacterial community structure and diversity in sediments of a Shallow lake. *ECOL INDIC*, 2021, 120: 106959.
- [5] Pu H, Yuan Y, Qin L et al. pH Drives Differences in Bacterial Community β -Diversity in Hydrologically Connected Lake Sediments. *MICROORGANISMS*, 2023, 11(3): 676.
- [6] Gao H, Chen J, Wang C et al. Long-term contamination of decabromodiphenyl ether reduces sediment multifunctionality: Insights from nutrient cycling, microbial ecological clusters, and microbial co-occurrence patterns. *J HAZARD MATER*, 2024, 480: 135792.
- [7] Yang S L, Zhang J, Xu X J. Influence of the Three Gorges Dam on downstream delivery of sediment and its environmental implications, Yangtze River. *GEOPHYS RES LETT*, 2007, 34(10):40401.
- [8] Chen X, Zong Y, Zhang E et al. Human impacts on the Changjiang (Yangtze) River basin, China, with special reference to the impacts on the dry season water discharges into the sea. *GEOMORPHOLOGY*, 2001, 41(2-3): 111~123.
- [9] Wang S, Yuan S, Che F et al. Strong bacterial stochasticity and fast fungal turnover in Taihu Lake sediments, China. *ENVIRON RES*, 2023, 237: 116954.
- [10] Wu H, Zeng G, Liang J et al. Changes of soil microbial biomass and bacterial community structure in Dongting Lake: Impacts of 50,000 dams of Yangtze River. *ECOL ENG*, 2013, 57: 72~78.
- [11] Liu T, Zhang A N, Wang J et al. Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River. *MICROBIOME*, 2018, 6(1):16.
- [12] Wang S, Dong R M, Dong C Z et al. Diversity of microbial plankton across the Three Gorges Dam of the Yangtze River, China. *GEOSCI FRONT*, 2012, 3(3): 335~349.
- [13] Mouillot D, Villéger S, Scherer-Lorenzen M et al. Functional structure of biological communities predicts ecosystem multifunctionality. *PLOS ONE*, 2011, 6(3): e17476.
- [14] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models. *NAT REV MICROBIOL*, 2012, 10(8): 538~550.
- [15] Wang M, Wang X, Zhou S et al. Strong succession in prokaryotic association networks and community assembly mechanisms in an acid mine drainage-impacted riverine ecosystem. *WATER RES*, 2023, 243: 120343.
- [16] Huang R, Crowther T W, Sui Y et al. High stability and metabolic capacity of bacterial community promote the rapid reduction of easily decomposing carbon in soil. *COMMUN BIOL*, 2021, 4(1):1376.
- [17] Huang R, McGrath S P, Hirsch P R et al. Plant-microbe networks in soil are weakened by century-long use of inorganic fertilizers. *MICROB BIOTECHNOL*, 2019, 12(6): 1464~1475.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法: 中国农业科技出版社, 2000.
- [19] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems. *NAT COMMUN*, 2016, 7(1):10541.
- [20] Yu B, Zeng Q, Li J et al. Vertical variation in prokaryotic community composition and co-occurrence patterns in sediments of the Three Gorges Reservoir, China. *ENVIRON RES*, 2023, 237: 116927.
- [21] Górska E B, Stepień W, Hewelke E et al. Response of soil microbiota to various soil management practices in 100-year-old agriculture field and identification of potential bacterial ecological indicator. *ECOL INDIC*, 2024, 158: 111545.
- [22] Leff J W, Jones S E, Prober S M et al. Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands

across the globe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2015, 112(35): 10967~10972.

- [23] Kadnikov V V, Ravin N V, Sokolova D S et al. Metagenomic and Culture-Based Analyses of Microbial Communities from Petroleum Reservoirs with High-Salinity Formation Water, and Their Biotechnological Potential. *Biology*, 2023, 12(10): 1300.
- [24] Rincón-Tomás B, Lanzén A, Sánchez P et al. Revisiting the mercury cycle in marine sediments: A potential multifaceted role for Desulfobacterota. *J HAZARD MATER*, 2024, 465: 133120.
- [25] Oren A, Garrity G M. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. *INT J SYST EVOL MICR*, 2021, 71(10):71.
- [26] Filippidou S, Price A, Spencer-Jones C et al. Diversity of Microbial Mats in the Makgadikgadi Salt Pans, Botswana. *MICROORGANISMS*, 2024, 12(1): 147.
- [27] Turrini P, Chebbi A, Riggio F P et al. The geomicrobiology of limestone, sulfuric acid speleogenetic, and volcanic caves: basic concepts and future perspectives. *FRONT MICROBIOL*, 2024, 15(000):22.
- [28] Tito R Y, Verbandt S, Aguirre Vazquez M et al. Microbiome confounders and quantitative profiling challenge predicted microbial targets in colorectal cancer development. *NAT MED*, 2024, 30(5): 1339~1348.
- [29] Jing J, Garbeva P, Raaijmakers J M et al. Strategies for tailoring functional microbial synthetic communities. *The ISME Journal*, 2024, 18(1):1.
- [30] Zhang W, Wei H L, Gao H W et al. Advances of studies on soil microbial diversity and environmental impact factors. *CHINESE JOURNAL OF ECOLOGY*, 2005, 15 (3): 48-52.
- [31] Dai T J, Wen D H , Bates C T et al. Nutrient supply controls the linkage between species abundance and ecological interactions in marine bacterial communities. *NAT COMMUN*, 2022.13:175.
- [32] Mu X, Yang J, Chang G et al. Microbial driving mechanism for nitrogen removal performance of anammox with combined fillers addition: Microbial community dynamics, metabolic function and network analysis. *BIOCHEM ENG J*, 2023, 199: 109047.
- [33] Morriën E, Hannula S E, Snoek L B et al. Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses. *NAT COMMUN*, 2017, 8(1).
- [34] Machado D, Maistrenko O M, Andrejev S et al. Polarization of microbial communities between competitive and cooperative metabolism. *NAT ECOL EVOL*, 2021, 5(2): 195~203.
- [35] Goldford J E, Lu N, Bajić D et al. Emergent simplicity in microbial community assembly. *SCIENCE*, 2018, 361(6401): 469~474.
- [36] Stams A J M, Plugge C M. Electron transfer in syntrophic communities of anaerobic bacteria and archaea. *NAT REV MICROBIOL*, 2009, 7(8): 568~577.
- [37] Moura De Sousa J, Lourenço M, Gordo I. Horizontal gene transfer among host-associated microbes. *CELL HOST MICROBE*, 2023, 31(4): 513~527.
- [38] Aminov R I. Horizontal Gene Exchange in Environmental Microbiota. *FRONT MICROBIOL*, 2011, 2.
- [39] Besemer K. Biodiversity, community structure and function of biofilms in stream ecosystems. *RES MICROBIOL*, 2015, 166(10): 774~781.
- [40] Dang H, Lovell C R. Microbial Surface Colonization and Biofilm Development in Marine Environments. *MICROBIOL MOL BIOL R*, 2016, 80(1): 91~138.