

春夏季节东湖不同富营养化区域 水体细菌群落的动态变化

成敏玲 刘陈飞 程丹逸 徐 颖 梁运祥

农业微生物学国家重点实验室/华中农业大学生命科学技术学院,武汉 430070

摘要 采用高通量测序技术,对东湖2个不同富营养化区域(官桥湖区和海洋世界区,简称H区和L区)在春夏季节水体细菌群落的动态变化进行了研究。结果表明:H区和L区细菌的群落结构相似,放线菌门(*Actinobacteria*)占优势,其次为蓝藻门(*Cyanobacteria*)和变形菌门(*Proteobacteria*)。2个区域细菌的相对丰度随时间的变化出现差异,在门水平上,H区的蓝藻门(10.2%~33.7%)与放线菌门(15.4%~53.1%)波动较大,且两者呈显著负相关,L区则相对稳定;在纲水平上,H区波动明显的是放线菌纲(*Actinobacteria*)、集球藻亚纲(*Synechococcophycideae*)、颤藻亚纲(*Oscillatoriophycideae*)和Chloroplast,L区出现波动的是颤藻亚纲和Chloroplast。L区的多样性指数高于H区。通过RDA分析发现,pH值、水温、溶解氧与2个区域的细菌群落有较强的负相关关系,氮磷比和总磷分别与H区和L区的细菌群落有较强的正相关关系。

关键词 东湖;富营养化;细菌群落;高通量测序;相对丰度

中图分类号 Q 938.8 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2017)05-0052-08

细菌在淡水生态系统尤其是富营养化湖泊的物质分解和营养传递中起着重要作用^[1],它们通过自身的生命活动影响和调节着水体的环境质量^[2]。细菌的群落结构与水体的营养化水平和水生生态系统功能紧密相关^[3-5],研究其随时间的动态变化对于富营养化湖泊的环境监测和治理具有重要意义^[6]。

武汉东湖的水域面积约32 km²,平均水深2.21 m,是长江中下游的一个中型浅水湖泊,由于自然和人为等因素,东湖的不同区域呈现出不同的富营养化状态^[7],严重的区域经常爆发蓝藻水华^[8],是一个典型的富营养化研究系统。目前,关于东湖细菌群落的研究主要是基于DNA指纹技术、限制性片段长度多态性(RFLP)分析、PCR-DGGE和克隆测序等方法^[9-14]。近年来,高通量测序技术发展迅速,已成为研究环境微生物一个强有力的新工具,与传统方法相比,它具有可以在环境样本中得到数百万的序列和大量的分类操作单元(OTUs)^[15-16],更全面而本质地揭示出微生物的群落结构和多样性的优势^[3]。

笔者选取东湖2个不同富营养化程度的区域,

采集春夏6个月的水样,对细菌的16S rDNA V3-V4区进行MiSeq-Illumina高通量测序,研究东湖水体细菌的群落结构、相对丰度和多样性,旨在揭示东湖不同富营养化程度水体细菌的群落结构演替及与环境因子的关系,从而加深对东湖生态系统的了解,为东湖富营养化水体的治理提供参考。

1 材料与方法

1.1 采样点设置

通过前期调查,选取1个富营养化程度较高的湖区(官桥湖区,简称H区)和1个富营养化程度较低的湖区(海洋世界区,属于郭郑湖,简称L区)作为研究对象。根据水域形态分别在2个区域各设置5个均匀的固定取样点,如图1和表1所示。

1.2 样品采集和环境因子的测定

于2016年4—9月,每月中旬09:00—12:00在上述10个位点采样。在水面以下0.5 m处,现场测定溶解氧(DO)、水温(Tw)、pH值,采集1 L水样带回实验室。总氮(TN)采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(GB11894—1989),总磷(TP)采用钼酸

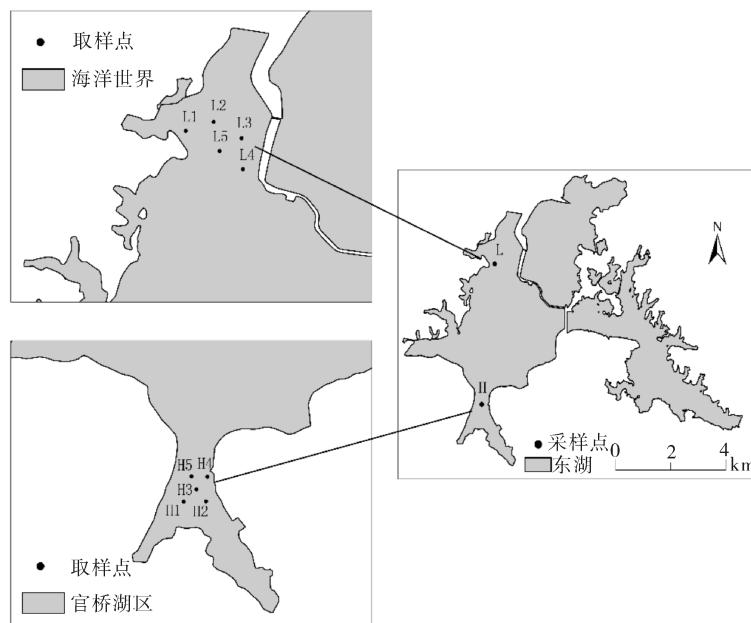


图1 东湖取样点分布

Fig.1 Distribution of sampling sites in Donghu Lake

表1 东湖取样点位置

Table 1 Latitude and longitude of sampling sites in Donghu Lake

采样区域 Sampling area	采样点 Sampling sites	纬度 Latitude	经度 Longitude
官桥湖 区 Guanqiao Lake area	H1	N30°53.609'	E114°38.443'
	H2	N30°53.614'	E114°38.732'
	H3	N30°53.766'	E114°38.608'
	H4	N30°53.926'	E114°38.750'
	H5	N30°53.931'	E114°38.545'
海 洋 世 界 区 Sea World area	L1	N30°58.286'	E114°38.593'
	L2	N30°58.398'	E114°38.956'
	L3	N30°58.196'	E114°39.319'
	L4	N30°57.808'	E114°39.341'
	L5	N30°58.035'	E114°39.035'

铵分光光度法(GB11893-1989), COD 采用重铬酸盐法(GB11914-1989), 叶绿素 a(Chl-a)采用95%乙醇萃取法^[17]。

1.3 水样基因组 DNA 的提取

取 300 mL 水样采取真空抽滤的方式将菌体收集到 0.22 μm 滤膜上, 放入 7 mL 灭菌离心管中, 加入无菌水和玻璃珠, 将菌体完全从滤膜上清洗下来, 按细菌基因组 DNA 提取试剂盒(TIANGEN, DP302)的操作方法提取水样总 DNA, 得到的 DNA 样本用紫外分光光度计检测浓度和纯度符合要求后, 用干冰埋起来送到上海派森诺生物技术股份有限公司进行高通量测序。

1.4 高通量测序

用针对细菌 16S rRNA 基因的引物(ACTC-

CTACGGGAGGCAGCA, GGACTTACHVGGGT-WTCTAAT)对合格的样本 DNA 进行 PCR 扩增, 25 μL 体系: 5×反应缓冲液 5 μL, 5×GC 缓冲液 5 μL, dNTP(10 mmol/L)0.5 μL, 引物(10 μmol/L)各 1 μL, Q5 高保真 DNA 聚合酶 0.25 μL, DNA 1 μL, ddH₂O 11.25 μL。PCR 程序: 98 °C 30 s; 98 °C 15 s, 50 °C 30 s, 72 °C 30 s; 25~27 个循环; 72 °C 5 min。将 PCR 产物进行定量, 按照每个样品所需的数据量进行混样, 用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 进行建库, 对合格的文库在 MiSeq 机器上利用 MiSeq Reagent Kit V3 (600cycles) 进行 2×300 bp 的双端测序。首先, 对得到的原始双端序列进行质量初筛, 使用 FLASH (v1.2.7, <http://ccb.jhu.edu/software/FLASH/>)

拼接通过质量初筛的双端序列,根据 index 信息提取每个样品的有效序列。其次,利用 Qiime(version 1.7.0, <http://qiime.org/>)对有效序列进行质量过滤,并通过 Mothur(version 1.31.2, <http://www.mothur.org/>)去除嵌合体,得到最终用于后续分析的优质序列。然后,调用 UCLUST 对优质序列进行聚 OTU(97% 相似度)。最后,通过 blast 将 OTU 代表序列与 Greengenes 数据库(Release 13.8, <http://greengenes.secondgenome.com/>)比对,对 OTU 代表序列进行注释,获得每个 OTU 的分类学信息。去掉原始 OTU 中可信度较低的序列,所得数据进行后续分析。利用 R 软件计算每个样本的群落多样性(即 Alpha 多样性),包括 Chao1 指数和 Shannon 指数。

1.5 数据分析

采用 Excel 2013 处理数据,用 SPSS 19.0 进行相关性和显著性差异分析,同一时间 2 个区域间的差异用 T-test 检验比较,各区域随时间变化的差异用 one-way ANOVA 单因素方差分析, $P < 0.05$ 表示差异显著,图中只标注后者。绘图使用 Origin 9.0 完成,文中图的数值是 H 区和 L 区 5 个取样点数据的平均值土标准差。采用 Canoco for Windows 4.5 软件对细菌优势门的相对丰度和环境因子进行冗余分析(redundancy analysis, RDA)。

2 结果与分析

2.1 水体环境因子

2016 年 4—9 月两个区域水温变化(21~34 °C)基本一致(图 2A)。溶解氧波动较大,H 区为 7.27~12.16 mg/L,L 区为 8.65~13.69 mg/L(图 2B)。pH 值的变化范围较小,H 区为 8.2~8.9,L 区为 8.6~9.3(图 2C)。COD 在 H 区(29.855~54.421 mg/L)和 L 区(24.030~29.832 mg/L)都是先上升后下降,但在 H 区的含量明显高于 L 区($P < 0.05$)(图 2D)。TN 在 H 区(3.715~2.715 mg/L)持续下降($P < 0.05$),在 L 区(0.564~0.880 mg/L)缓慢上升($P > 0.05$)(图 2E)。H 区的 TP 质量浓度较高(0.170~0.233 mg/L),L 区(0.069~0.190 mg/L)则是先上升后下降(图 2F)。Chl-a 在 H 区(0.132~0.174 mg/L)显著高于 L 区(0.003~0.055 mg/L)($P < 0.05$),均在 8 月出现最大值(图 2G)。可见,H 区的富营养化程度高于

L 区(水体富营养化的临界值为 $TN \geq 0.2 \text{ mg/L}$, $TP \geq 0.02 \text{ mg/L}$ ^[18])。

2.2 细菌群落的结构和多样性

高通量测序在每个样本中平均获得 30 000~40 000 条高质量序列,4 000 多个 OTUs(以 97% 的相似度划分),20 多个门,详见表 2。细菌在门水平上的分类及其相对丰度随时间的变化如图 3 所示。2 个区域的细菌群落结构相似,主要由在 4—9 月平均相对丰度高于 1% 的 8 个门组成,分别是放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻门(Cyanobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、绿菌门(Chlorobi)和绿弯菌门(Chloroflexi)。放线菌门在 2 个区域中都占优势(H 区为 30.2%,L 区为 34.5%);其次是蓝藻门(22.5%,19.7%)和变形菌门(22.3%,20.6%)。但各个门的相对丰度随时间呈动态变化,在 H 区和 L 区差异较大。放线菌门在 H 区的相对丰度从 4 月(22.5%)到 5 月(53.1%)显著上升($P < 0.05$),然后大幅度下降(6—7 月除外)($P < 0.05$),8 月到达最低值(15.4%);在 L 区从 4 月(23.6%)到 5 月(38.3%)也显著上升($P < 0.05$),此后并未大幅度下降,而是在 7 月到达最高值(40%)。蓝藻门在 H 区 5 月最低(10.2%),6 月开始显著上升($P < 0.05$),8 月达到最高值(33.7%);在 L 区 7 月最低(19.4%),8 月最高(26%),4 月到 6 月变化不显著($P > 0.05$)。可见,与 H 区相比,L 区放线菌门和蓝藻门随时间的变化更稳定。特别的是,H 区的蓝藻门与放线菌门的相对丰度呈显著负相关($r = -0.879, P < 0.01$)。变形菌门在 H 区(15.7%~23%)和 L 区(15.7%~31.5%)的最高值都在 4 月,最低值分别在 5 月和 6 月,在 7—9 月都无显著变化($P > 0.05$)。浮霉菌门在 H 区(6.4%~17.4%)的相对丰度显著高于 L 区(1.9%~6.6%)($P < 0.05$)。

表 2 每个区域样本的平均序列数、OTUs 及门、纲水平上的数量

Table 2 The average sequences, OTUs and numbers of different classification levels in each area

区域 Area	序列数 Sequence	OTU 数 OTUs	门 Phylum	纲 Class
H	37 388	4 060	28	69
L	43 003	4 569	30	78

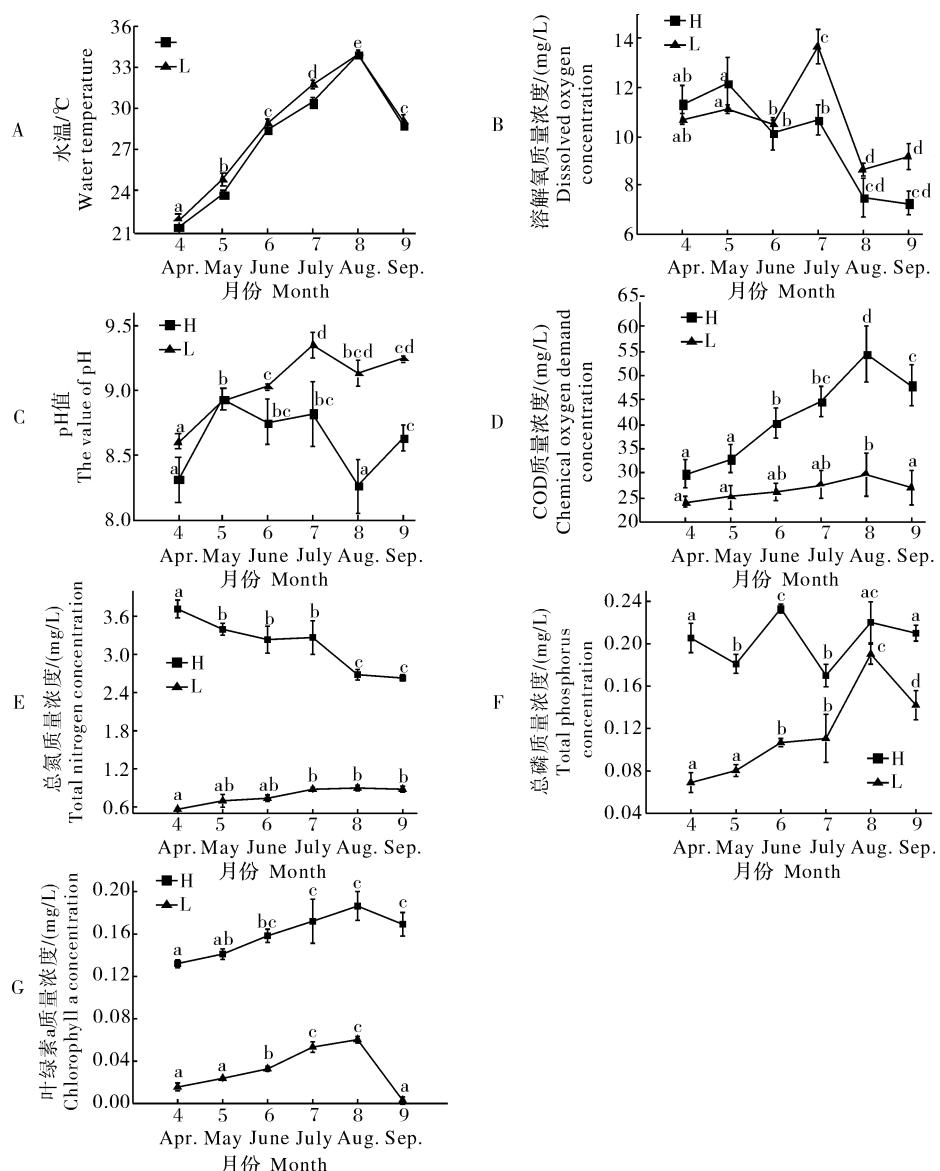


图2 采样区水环境因子随时间的变化

Fig.2 Variation of water environmental factors in sampling areas with time

细菌在纲水平的分类及其相对丰度随时间的变化如图4。在东湖水体中,放线菌门主要由酸微菌纲(Acidimicrobia)和放线菌纲(Actinobacteria)组成,H区是酸微菌纲(16.5%)的平均相对丰度最高,L区则是放线菌纲(19.4%)最高。相对丰度随时间变化较显著的是H区的放线菌纲,从5月(22.8%)到8月(5.9%)一直下降($P<0.05$)。蓝藻门主要由集球藻亚纲(Synechococcophycideae)、颤藻亚纲(Oscillatoriophycideae)和Chloroplast组成。集球藻亚纲均在8月达到峰值,H区和L区分别为17.8%和22.2%,在H区主要是6月(0.16%)到7月(14.5%)大幅度增长($P<0.05$),在L区则是从4月(5.8%)开始持续增长到8月;Chloroplast均

4月达到峰值,H区和L区分别为22.7%和15.7%,到5月,H区锐减为0.7%,L区仍有10.9%。颤藻亚纲(Oscillatoriophycideae)在H区的相对丰度(2%~11.6%)随时间变化显著($P<0.05$),在L区变化较小(0.4%~1.3%)($P<0.05$),且两者的相对丰度差异显著($P<0.05$)。变形菌门主要由 β -变形菌纲(Betaproteobacteria)、 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)和 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)组成,在春夏季节变化较小,三者平均相对丰度之和在H区和L区分别为17.9%和18.7%,其中 β -变形菌纲所占比例最高(46%)。在H区, β -变形菌纲与集球藻亚纲的相对丰度呈显著负相关($r=-0.508$, $P<0.01$)。

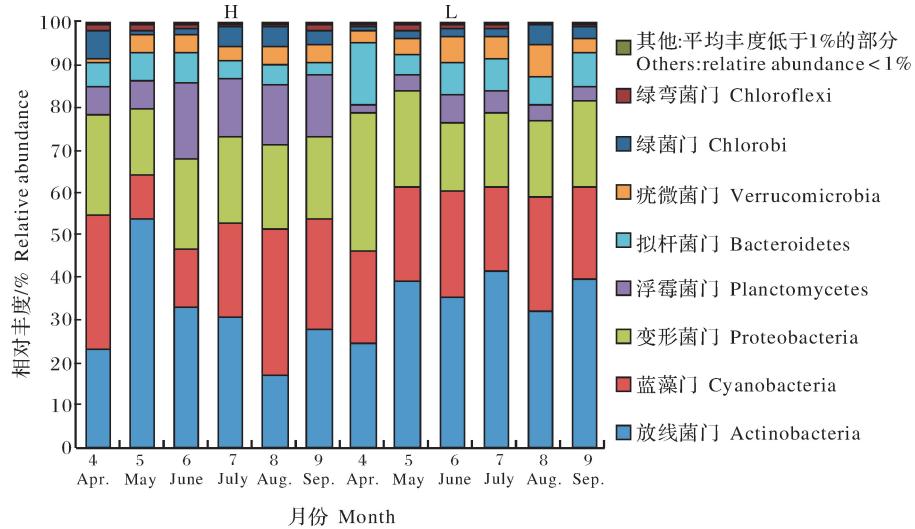


图3 细菌门水平相对丰度随时间的变化

Fig.3 Changes in phylum-level relative abundance of bacterial with time

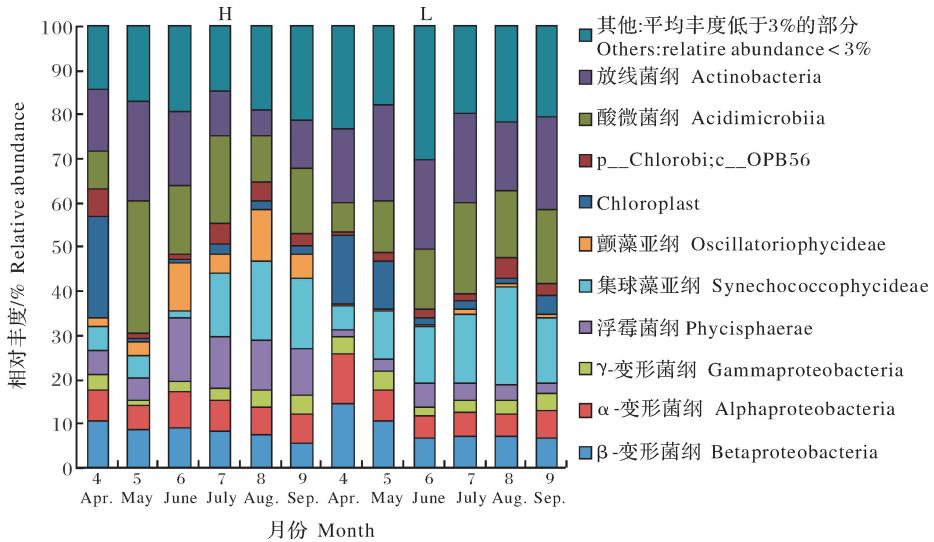


图4 细菌纲水平相对丰度随时间的变化

Fig.4 The variation of Class-level relative abundance of bacteria

H区Chao1指数在7月最大(813.2),L区在9月达到最大(796.8),除7月以外,L区的Chao1指数显著高于H区($P < 0.05$)(图5A)。两个区域的Shannon指数在6—8月差别不大($P > 0.05$),其余月份,L区显著高于H区($P < 0.05$)(图5B)。从整体上看,富营养化程度低的L区细菌多样性指数大于富营养化程度较高的H区。

2.3 水体环境因子对细菌群落结构的影响

对优势菌门的相对丰度与环境因子进行RDA分析(图6)。H区RDA排序图的第一和第二主轴分别解释了细菌门水平相对丰度变化的56%和7.9%,第一轴上,相关性较大的是pH($r = -0.706$)

和DO($r = -0.548$),第二轴上是Tw($r = -0.654$)、COD($r = -0.541$)和N/P($r = 0.531$)(图6A)。L区RDA图的第一和第二主轴分别解释了细菌门水平相对丰度变化的46.3%和12.6%,第一轴上,相关性较大的是pH值($r = -0.769$)和Tw($r = -0.657$),第二轴上是DO($r = -0.465$)、TP($r = 0.384$)和N/P($r = -0.371$)(图6B)。综上,pH、Tw、DO是影响2个区域水体细菌群落结构主要的环境因子,且都有较强的负相关性。N/P和TP分别与H区和L区的细菌群落结构有较强的正相关关系。COD与H区细菌群落结构也有较强的负相关关系。

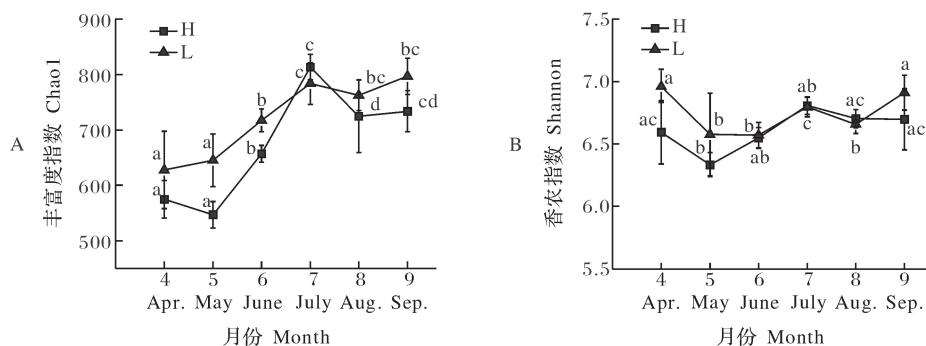
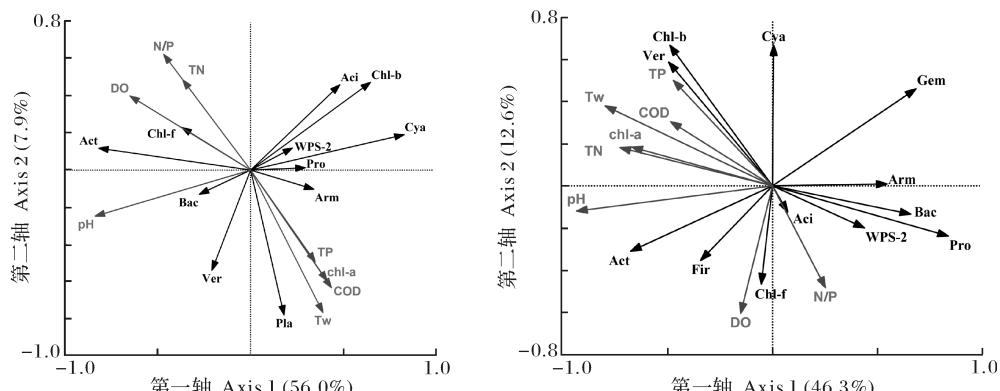


图5 水体细菌多样性指数随时间的变化

Fig.5 Changes of bacterial diversity index in water with time



Aci: Acidobacteria; Act: Actinobacteria; Arm: Armatimonadetes; Bac: Bacteroidetes; Chl-b: Chlorobi; Chl-f: Chloroflexi; Cya: Cyanobacteria; Fir: Firmicutes; Gem: Gemmatimonadetes; Pla: Planctomycetes; Pro: Proteobacteria; Ver: Verrucomicrobia.

图6 环境因子与细菌群落的RDA分析

Fig.6 RDA analysis of environmental factors and bacterial community

3 讨 论

在东湖生态系统中, H 区的富营养化程度尽管高于 L 区,但是 2 个区域在春夏季节水体细菌的群落结构相似,主要由放线菌门、蓝藻门、变形菌门、浮霉菌门、拟杆菌门、疣微菌门、绿菌门和绿弯菌门组成,和水库、湖泊等生态系统的细菌群落结构相似^[3,19-20]。放线菌门是东湖水体最丰富的细菌类群,其次为蓝藻门和变形菌门。Zhang 等^[14]使用 PCR-DGGE 研究了东湖水体细菌的时空变化,通过对水生态系统中常见的几种细菌类群进行检测,发现变形菌门(包括 α -、 β -、 γ -变形菌纲)所占的比例最高,其后依次为放线菌门、拟杆菌门、蓝藻门、浮霉菌门、厚壁菌门。而关于东湖底泥,所报道的优势菌主要为变形菌门、酸杆菌门和厚壁菌门^[11-13],与本研究结果中东湖水体优势菌门不尽相同。在不同的富营养化环境下,细菌的相对丰度随时间变化的差异较大,主要体现在相对丰度的大小和随时间的演变规律上。H 区的放线菌门和蓝藻门的相对丰度随时

间变化波动很大,且两者呈显著负相关($r = -0.879, P < 0.01$)。关于放线菌门和蓝藻门的相互作用机制尚不清楚,有研究表明,蓝藻水华的爆发会使放线菌的数量减少和新陈代谢活动减弱^[21];也有研究发现放线菌可通过释放 L-赖氨酸等胞外物质裂解蓝藻^[22]。浮霉菌门在 H 区的相对丰度显著高于 L 区($P < 0.05$),可能与 H 区的蓝藻降解时可产生多糖硫酸酯为浮霉状菌提供更多的生长能源有关^[23]。

放线菌门主要由放线菌纲和酸微菌纲组成,在淡水系统中家族分支单一^[24]。Haukka 等^[25]对富营养化湖泊治理的前后 2 年进行研究,发现放线菌门在富营养程度较低的水体中更丰富。变形菌门的(β -、 α -、 γ -)变形菌纲在春夏季节较为稳定,三者的平均相对丰度之和在 18% 左右。 β -变形菌纲在很多淡水系统中都有较高的分布^[23],其组成与蓝藻以及悬浮物密切相关^[26-27],在 H 区, β -变形菌纲与集球藻亚纲呈显著负相关($r = -0.508, P < 0.01$),进一步说明其与蓝藻的密切联系。蓝藻门的集球藻亚纲、

颤藻亚纲和 Chloroplast 的相对丰度在不同时间和不同区域均有较大的差异,而蓝藻的群落结构变化与环境因子密不可分^[28],也对浮游细菌的整体群落结构造成了较大影响^[29]。

东湖水体细菌群落结构的主要影响因子为 pH 值、水温和 DO,且它们间都有较强的负相关性。随着温度的上升,东湖的浮游藻类开始复苏,藻类的上浮和大量繁殖使藻类生物量(Chl-a)显著上升(图 2-D,4—8 月),同时藻类的生长和裂解过程又影响着水中的 DO 和 pH 值^[30]。Lindstrom 等^[31]对欧洲北部 15 个典型淡水湖泊进行研究,发现 pH 值和温度是影响细菌群落结构的主要因素;刘倩纯^[32]对鄱阳湖的研究表明,DO 也是影响细菌群落结构的重要因素。东湖 H 区的水质长期处于劣五类,其 N、P 质量浓度远高于 L 区(图 2),与 2 个区域细菌群落结构有较强正相关的因素也不同,H 区为 N/P,L 区为 TP,较高的营养会直接影响到浮游细菌的组成,也会间接影响到浮游植物和浮游动物的生物量及组成^[25]。根据地表水环境质量标准(GB 3838—2002),H 区的 COD 已达到或超过 V 类的标准,L 区则是处于Ⅳ类。COD 与 H 区的细菌群落有较强的负相关关系,而对 L 区细菌的影响较小,说明高浓度的 COD 不利于细菌群落结构的稳定^[33]。

富营养化程度低的 L 区细菌多样性指数大于富营养化程度较高的 H 区,说明 L 区的抗干扰能力更强,群落稳定性更高。已有研究表明,湖泊富营养化后,藻类的大量生长或蓝藻的爆发会造成水体细菌多样性的改变^[5,10]。

本研究在门水平和纲水平对东湖水体细菌群落的动态变化进行了分析,发现东湖水体细菌丰富。不同富营养化程度湖区细菌的群落结构相似,但相对丰度随时间的变化及多样性差异较大,部分细菌类群如浮霉菌门和颤藻亚纲的相对丰度在 2 个区域也明显不同。我们推断由于 2 个区域同处于东湖这一生态系统中,在同一时间,它们的水温高低、pH 值大小和溶解氧质量浓度差别也较小,但是 H 区和 L 区的污染程度具有显著差异,各种环境因素对细菌群落结构的影响不同,使得 2 个区域的细菌群落差异主要体现在细菌的相对丰度及其随时间的动态变化上。后续可在其他的分类水平上作进一步的分析,以更全面地了解东湖水体细菌的群落结构。

参 考 文 献

[1] BAI Y, SHI Q, WEN D, et al. Bacterial communities in the sed-

- iments of Dianchi Lake, a partitioned eutrophic waterbody in China [J]. PLoS ONE, 2012, 7(5): e37796.
- [2] 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.
- [3] 王绍祥,杨洲祥,孙真,等.高通量测序技术在水环境微生物群落多样性中的应用[J].化学通报,2014,77(3):196-203.
- [4] 高良春,张巨源,王莉,等.培养基中几种重要营养元素对 *Anabaena* sp. strain PCC 7120 及 *Synechocystis* sp. strain PCC 6803 生长的影响[J].华中农业大学学报,2016,35(6):17-24.
- [5] 冯胜,秦伯强,高光.细菌群落结构对水体富营养化的响应[J].环境科学学报,2007,27(11):1823-1829.
- [6] DILLON J G, MCMATH L M, TROUT A L. Seasonal changes in bacterial diversity in the Salton Sea[J]. Hydrobiologia, 2009, 632(1): 49-64.
- [7] 周帆琦,沙茜,张维昊,等.武汉东湖和南湖沉积物中磷形态分布特征与相关分析[J].湖泊科学,2014,26(3):401-409.
- [8] 余博识,吴忠兴,朱梦灵,等.水果湖湾蓝藻水华的形成及其对东湖影响的评价[J].水生生物学报,2008,32(2):286-289.
- [9] 颜庆云,余育和,张文静.武汉东湖浮游生物群落 DNA 多态性与富营养化[J].生态学报,2005,25(3):461-465.
- [10] YANG J K, CHENG Z B, LI J, et al. Community composition of nirS-type denitrifier in a shallow eutrophic lake[J]. Microbial ecology, 2013, 66(4): 796-805.
- [11] YANG J K, CHENG Z B. Community composition and spatial variation of bacteria in the sediments of a eutrophic fresh water urban lake, East Lake, Wuhan, China [J]. Acta microbiologica sinica, 2016, 56(6): 943-955.
- [12] 彭磊,赵建伟,张钰,等.城市富营养化湖泊沉积物微生物多样性季节变化[J].应用与环境生物学报,2015,21(6):1012-1018.
- [13] 赵媛莉,李彤彤,刘新华,等.东湖通道工程对沿线底泥细菌群落结构和多样性的影响[J].水生生物学报,2016,40(3):565-573.
- [14] ZHANG X, YAN Q, YU Y, et al. Spatiotemporal pattern of bacterioplankton in Donghu Lake[J]. Chinese journal of oceanology and limnology, 2014, 32: 554-564.
- [15] WAN Y, RUAN X, ZHANG Y, et al. Illumina sequencing-based analysis of sediment bacteria community in different trophic status freshwater lakes [J/OL]. Microbiology open, 2017(2): e00450. <http://onlinelibrary.wiley.com/wol1/doi/10.1002/mbo3.450/full>.
- [16] 石焱,马徐发,吴志新,等.水蕹菜浮床养殖模式下黄颡鱼肠道菌群结构分析[J].华中农业大学学报,2016,35(2):69-76.
- [17] WINTERMANS J F G M, DE MOTS A. Spectrophotometric characteristics of chlorophylls a and b and their phenophytins in ethanol[J]. Biochimica et biophysica acta (bba)-biophysics including photosynthesis, 1965, 109(2): 448-453.
- [18] 孔繁翔.湖泊富营养化治理与蓝藻水华控制[J].江苏科技信息, 2007(9): 7-11.
- [19] 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[J].生态学报,2015,35(23):7608-7614.
- [20] 徐超,张军毅,朱冰川,等.夏季太湖梅梁湾水体中细菌的群落结构[J].环境监控与预警,2015,7(1):37-40.

- [21] KOLMONEN E, SIVONEN K, RAPALA J, et al. Diversity of cyanobacteria and heterotrophic bacteria in cyanobacterial blooms in Lake Joutikas, Finland[J]. Aquatic microbial ecology, 2004, 36(3): 201-211.
- [22] YAMAMOTO Y, KOUCHIWA T, HODOKI Y, et al. Harada distribution and identification of actinomycetes lysing cyanobacteria in a eutrophic lake[J]. Journal of applied phycology, 1998, 10(2): 391-397.
- [23] CAI H Y, YAN Z, WANG A J, et al. Analysis of the attached microbial community on mucilaginous cyanobacterial aggregates in the eutrophic Lake Taihu reveals the importance of Planctomycetes[J]. Microbial ecology, 2013, 66(1): 73-83.
- [24] NEWTON R J, JONES S E, EILER A, et al. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria[J]. Microbiology and molecular biology reviews, 2011, 75(1): 14-49.
- [25] HAUKKA K, KOLMONEN E, HYDER R, et al. Effect of nutrient loading on bacterioplankton community composition in lake mesocosms[J]. Microbial ecology, 2006, 51(2): 137-146.
- [26] LEMARCHAND C, JARDILLIER L, CARRIAS J F, et al. Community composition and activity of prokaryotes associated to detrital particles in two contrasting lake ecosystems[J].
- [27] EILER A, OLSSON J A, BERTILSSON S. Diurnal variations in the auto- and heterotrophic activity of cyanobacterial phycospheres (*Gloeotrichia echinulata*) and the identity of attached bacteria[J]. Freshwater biology, 2006, 51(2): 298-311.
- [28] 刘庆, 郭亮, 邢鹏, 等. 富营养化浅水湖泊蓝藻的种群结构和多样性研究[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(3): 570-579.
- [29] NIU Y, SHEN H, CHEN J, et al. Phytoplankton community succession shaping bacterioplankton community composition in Lake Taihu, China[J]. Water research, 2011, 45 (14): 4169-4182.
- [30] 刘丽贞, 秦伯强, 朱广伟, 等. 太湖蓝藻死亡腐烂产物对狐尾藻和水质的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(10): 3154-3159.
- [31] LINDSTROM E S, KAMST-VAN AGTERVELD M P, ZWART G. Distribution of typical freshwater bacterial groups is associated with pH, temperature, and lake water retention time[J]. Applied and environmental microbiology, 2005, 71(12): 8201-8206.
- [32] 刘倩纯. 鄱阳湖表层水体细菌群落结构时空变化[D]. 南昌: 南昌大学, 2013.
- [33] 赵阳国, 任南琪, 王爱杰, 等. 有机污染物对水体真细菌群落结构的影响[J]. 微生物学报, 2007, 47(2): 313-318.

Dynamic changes of bacterial community in two eutrophic areas of Donghu Lake in spring and summer

CHENG Minling LIU Chenfei CHENG Danyi XU Ying LIANG Yunxiang

State Key Laboratory of Agricultural Microbiology/College of Life Science and Technology,
Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract The dynamic changes of bacterial community in two eutrophic areas including Guanqiao Lake and Sea World, referred to as H and L, of Donghu Lake in spring and summer were studied with high-throughput sequencing. The results showed that the bacterial community structures in H and L areas were similar. Actinobacteria were dominated in these area, following by Cyanobacteria and Proteobacteria. The relative bacterial abundance varied with time in both areas tested. A large fluctuation was observed in H area that Cyanobacteria (10.2%-33.7%) and Actinobacteria (15.4%-53.1%) abundance varied with significantly negative correlation, while bacteria were relatively stable in L area at the phylum level. The abundance of several classes including Actinobacteria, Synechococcophycideae, Oscillatoriophycideae and Chloroplast in H area, and the Oscillatoriophycideae and Chloroplast in L area fluctuated greatly. The diversity index of L area was higher than that of H area. Results of RDA analyses showed that pH, water temperature and dissolved oxygen were significantly negatively correlated with bacterial community in both areas, while N/P and TP were strongly positively correlated with bacterial community of H and L areas.

Keywords Donghu Lake; eutrophication; bacterial community; high-throughput sequencing; relative abundance

(责任编辑:张志钰)