

DOI: 10.5846/stxb201302030226

周菁,余正,刘开国,田野,余小青,刘乐冕,张文静,杨军.典型亚热带热分层水库秋季细菌群落垂直分布.生态学报,2014,34(21):6205-6213.

Zhou J, Yu Z, Liu K G, Tian Y, Yu X Q, Liu L M, Zhang W J, Yang J. Bacterial community and its relation to environmental variables in a subtropical stratified reservoir for drinking water supply in autumn. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(21): 6205-6213.

典型亚热带热分层水库秋季细菌群落垂直分布

周 菁^{1,2}, 余 正^{2,3}, 刘开国⁴, 田 野^{1,2}, 余小青²,
刘乐冕², 张文静⁵, 杨 军^{2,*}

(1. 中国地质大学(武汉)环境学院, 武汉 430074; 2. 中国科学院城市环境研究所水生态健康研究组, 厦门 361021;

3. 中国科学院大学, 北京 100049; 4. 福建省莆田市环境保护局, 莆田 351100;

5. 厦门大学海洋与地球学院, 厦门 361102)

摘要: 水库在我国东南沿海地区是重要的饮用水水源地, 对地区经济发展和社会稳定起到重要作用。选择亚热带地区典型的热分层水库——福建莆田东圳水库, 于 2011 年秋季稳定分层期, 以水体温度的垂直变化特征为依据进行分层采样。应用 PCR-DGGE 和克隆测序的方法研究浮游细菌群落的垂直分布特征, 利用多元统计分析揭示细菌群落与热分层水体理化指标之间的关系。结果显示: 溶解氧、电导率、叶绿素 a、总氮、氨氮及硝氮在上下层水体中的分布有显著差异, 下层缺氧区细菌的 Shannon-Wiener 指数和 DGGE 条带数明显高于上层好氧区, 表明东圳水库热分层水体中存在明显的物理、化学及生物分层现象。测序结果表明 β -变形菌可能是东圳水库中占优势的细菌类群, 统计结果提示溶解氧是显著影响细菌群落组成的环境因子。热分层水体的物理化学分层与水体细菌群落结构密切相关, 提示水库生态学研究应对水体热分层给予重视。

关键词: 水库型水源地; 热分层; PCR-DGGE; 细菌群落多样性

Bacterial community and its relation to environmental variables in a subtropical stratified reservoir for drinking water supply in autumn

ZHOU Jing^{1,2}, YU Zheng^{2,3}, LIU Kaiguo⁴, TIAN Ye^{1,2}, YU Xiaoqing², LIU Lemian², ZHANG Wenjing⁵, YANG Jun^{2,*}

1 School of Environmental Studies, China University of Geosciences (Wuhan), Wuhan 430074, China

2 Aquatic EcoHealth Group, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China

3 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

4 Environmental Protection Bureau of Putian City, Putian 351100, China

5 College of Ocean and Earth Sciences, Xiamen University, Xiamen 361102, China

Abstract: Fujian reservoirs in southeast China are important water resources for economic and social sustainable development, although few have been studied previously. Dongzhen Reservoir, a typical subtropical stratified reservoir in Fujian, was chosen for investigation of bacterial distribution, composition and diversity in autumn 2011. As the only built large reservoir in Putian City, it plays an important role in irrigation, flood control, hydroelectric power, and water supply. Dongzhen Reservoir shows an obvious phenomenon of water thermal stratification during summer and autumn, thus creates a unique gradient of environmental variables along the water column. We investigated the bacterial community and its relation to environmental variables in this study for a better understanding of vertical distribution of bacterial community and the

基金项目: 国家重大科学研究计划(2012CB956103); 中国科学院知识创新工程方向项目(KZCX2-YW-QN401); 国家自然科学基金面上项目(31172114); 福建省杰出青年科学基金项目(2012J06009)

收稿日期: 2013-02-03; **网络出版日期:** 2014-03-13

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: jyang@iue.ac.cn

primary environmental drivers in a stratified reservoir. Five water samples were collected from five different depths according to the vertical changes of temperature. Both PCR-DGGE and sequencing were used to investigate the bacterial community and diversity. Moreover, physical and chemical parameters were measured according to the national standard methods. Multivariate statistical techniques were used to examine the relationship between bacterial community and environmental variables. Principal component analysis (PCA) clearly showed that water temperature, dissolved oxygen (DO), chlorophyll a (Chl a), total nitrogen (TN), ammonia nitrogen ($\text{NH}_4\text{-N}$), nitrite/nitrate nitrogen ($\text{NO}_x\text{-N}$) and electric conductivity of the upper aerobic zone were differed from those of the deeper anoxic zone. Both the number of DGGE bands and the Shannon-Wiener index of the deeper anoxic zone were higher than those of the upper aerobic zone. Further, two groups were distinguished by the cluster analysis of bacterial communities based on the Bray-Curtis similarity. Thus, Dongzhen Reservoir presented an obviously physical, chemical, and biological stratified phenomenon. Seven bands that common to all sampling depths were extracted and sequenced, and among which four were identified as Betaproteobacteria, indicating that Betaproteobacteria were the most dominant taxa in Dongzhen Reservoir in autumn. Bacterial community composition and diversity differed greatly among different sampling depths, and these differences were closely related to the physical and chemical stratification of the water body. Redundancy analysis (RDA) demonstrated DO was the significant environmental variable that shaping the bacterial community and diversity ($P < 0.01$). Therefore, we should pay more attention to DO and thermal stratification of reservoirs for sustainable reservoir management.

Key Words: reservoir for drinking water supply; thermal stratification; PCR-DGGE; bacterial diversity

水库是一种介于河流和湖泊间的半人工半自然水体,其生态系统直接受到人类活动调节,具有独特的生态学特征^[1]。近十多年来,由于地下水不足和河流污染日趋严重,远离大城市的水库逐渐成为重要的饮用水水源,且呈逐年增加的趋势。水库生态系统关系到居民饮水健康、社会稳定、以及经济的可持续发展^[2-3],特别是担负着城市饮用水安全的水库需要更多的监测、评估和研究。生态系统的多样性和可持续性一直是水环境保护研究的重点^[4]。浮游细菌具有分布广泛,代谢快,对环境变化反应迅速等优点^[5],且与水体质量特别是水体富营养化密切相关,因此受到越来越多的关注和研究^[6-11]。水体理化指标,如水温、溶解氧、营养盐等是生命活动的基础,也是水生态系统的基本参数^[12-14]。因此,研究水库水体浮游细菌多样性及其影响因子有利于提高对水库生态系统的认知水平^[15],可为水库的评估和管理提供基础资料和科学依据。以往对水库型水源地的研究侧重于水平尺度评价水库生态系统的时空变化,而对我国亚热带热分层水库细菌群落结构特征与变化的研究还远远不够^[2]。典型热分层水库随着水体温度分层的出现,其他物理化学参数也呈现梯度变化,使得不同水层的生境特征差异显著,这为研究水体浮游细菌的垂直分布规律提供了良好的实验

材料。

东圳水库是典型亚热带分层水库,位于海峡西岸地区福建省木兰溪支流延寿溪上,是莆田市唯一一座已建成大型水库。该水库于 1960 年建成,主要用途为灌溉、防洪、发电及生活和工业用水,水库流域面积 321 km²,总库容 4.35 亿 m³,水域面积达 17.7 km²,设计正常蓄水位 80.5 m,相应库容 2.83 亿 m³,库区多年平均径流量 3.02 亿 m³^[16]。

本研究以水体温度、溶解氧和叶绿素 a 垂直变化特征为依据对东圳水库进行分层采样,区别于只研究表层或混合水样的传统方式。通过在水体表层-好氧区-缺氧区的分层采样,利用 PCR-DGGE 和克隆测序的方法,研究不同水层细菌群落组成与多样性;结合采样现场和实验室测定的十项理化指标,分析细菌群落与水体理化指标特别是氮磷营养元素之间的定量关系,进而为水库型水源地水质优化管理与饮用水安全保障提供科学资料。

1 材料和方法

1.1 样品采集与理化指标测定

2011 年 10 月选择东圳水库坝前湖泊区进行垂直分层采样(图 1)。采样站最大水深为 36 m,现场以 1 m 为间隔测定温度、溶解氧和叶绿素 a 浓度,并

绘制相应的垂直变化曲线,据此确定采样深度。本研究共选择采集 5 个水层的样品:0 号样品采集于表层水体;10 号、20 号样品采集于温跃层以上,属于溶解氧含量较高的好氧区,其对应的水深分别是 10 m 和 20 m;26 号、33 号样品采集于温跃层以下,属于溶解氧含量低的缺氧区,对应水深分别是 26 m 和 33 m。每个采样深度取 5 L 水,并快速运送至实验室进行分析。

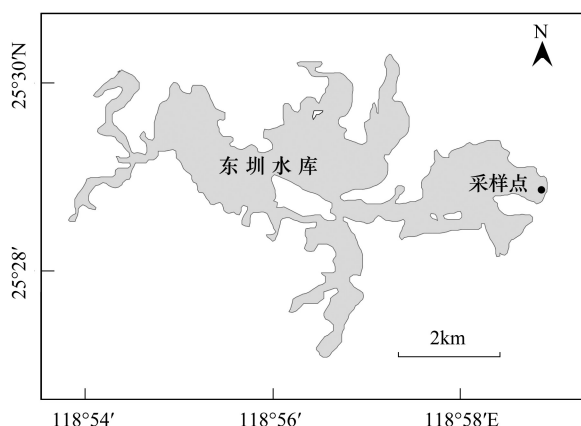


图 1 东圳水库采样点示意图

Fig.1 Sampling location in Dongzhen Reservoir

本研究分析测定的环境参数通过现场测定和实验室测定完成。现场测定采用 HACH 多参数水质测量仪进行,包括温度、电导率、pH、溶解氧和叶绿素 a;总氮、氨氮、硝氮、总磷及磷酸盐的测定,则依据国家环保部的标准方法在实验室进行^[17]。

1.2 细菌 DNA 提取

将水样摇匀后取 1 L,经 0.22 μm 微孔滤膜过滤,将载有细菌的滤膜保存于 -80°C 冰箱。取出冰箱中的滤膜,在超净工作台中用灭菌的剪刀将其剪碎,装入灭菌离心管中,按照试剂盒说明书(E.Z.N.ATM Soil DNA Kit, Omega Bio-Tek, USA)进行 DNA 提取, DNA 提纯后重悬于 80 μL 缓冲液中。提取的 DNA 样品分装于小管中,置于 -20°C 冰箱中保存备用。

1.3 PCR 扩增和变性梯度凝胶电泳(DGGE)

为研究细菌群落,选择 16S rDNA 通用引物 341F (5'-GCC TAC GGG AGG CAG CAG-3') 和 907R (5'-CCG TCA ATT CMT TTG AGT TT-3') 作为 PCR 扩增引物,其中引物 341F 的 5'末端加上结构为 5'-CGC CCG CCG CGC CCC GCG CCC GTC CCG CCG CCC CCG CCC-3' 的 GC 链^[18]。PCR 反应体系为 50 μL , 包括 5 μL 10 $\times$ Ex PCR 缓冲液(10 mmol/L, Mg^{2+} 终

浓度为 1.5 mmol/L), 4 μL dNTP (10 mmol/L), 0.5 μL Ex Taq 酶(5 U/ μL), PCR 前后引物各 1 μL (10 $\mu\text{mol/L}$), 36.5 μL ddH₂O 和 2 μL DNA 模板。PCR 反应程序如下:预变性条件为 94°C , 5 min; 35 个循环为 94°C 变性 30 s, 52°C 退火 30 s, 72°C 延伸 1 min; 最后 72°C 延伸 10 min。

使用美国 Bio-Rad 公司的 Dcode Universal Mutation Detection System 电泳系统进行变性梯度凝胶电泳。本实验中采用浓度为 6% 的聚丙烯酰胺,变性剂梯度为 35%—55%。电泳缓冲液为 1 $\times$ TAE,电泳运行设置:恒温 60°C , 恒压 100 V, 电泳 16 h。电泳完毕后,使用 SYBR Green I 染液染色 30 min, 经 ddH₂O 冲洗后,在 Gel Doc EQ imager (Bio-Rad, USA) 成像系统下扫描拍照。

1.4 系统发育分析

从 DGGE 凝胶上切下清晰、明亮的条带,置于 50 μL ddH₂O 中 4°C 过夜。以溶出的 DNA 作为模板, 341F/907R 为引物进行 PCR 扩增,反应条件同 1.3。PCR 产物纯化后连接到 pMD18-T 载体,随后转入大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞中孵育、培养并进行蓝白斑筛选。挑取白色克隆进行 PCR 检测,将正确插入目的片段的克隆样品进行测序分析。序列在 NCBI 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>) 中进行比对,查找与其最相似的已知序列以确定其分类归属。

1.5 统计分析

利用 Quantity One 软件对 DGGE 图谱上的条带进行数字化处理。以每个泳道上条带有无为标准构建 0/1 矩阵。利用 PRIMER 5.0 软件计算细菌群落物种丰度(条带数, S) 和多样性指数(Shannon-Wiener 指数, H'); 基于 Bray-Curtis 系数计算各采样水层间细菌群落组成的相似系数,并进行聚类分析^[19]。

利用 CANOCO 4.5 软件分析细菌群落与环境因子之间的定量关系。为了显示环境变量的梯度变化,采用主成分分析(PCA)对理化指标进行分析,除 pH 外的其他参数均经过 $\ln(x+1)$ 转换。细菌群落数据的除趋势对应分析(DCA)结果显示最大的梯度长度小于 3,表明符合线性分布,适合采用冗余分析(RDA)来分析细菌群落与环境因子之间的关系。

1.6 序列登录号

本研究获得的细菌 16S rDNA 序列在 GenBank

的登录号为:KC282459-KC282465。

2 结果

2.1 水库水体理化分层特征

本研究中,采样站点最大水深为 36 m。现场测定结果显示,水体的温跃层在水深 23—26 m 处,温度由 23.44℃骤降至 17.03℃;溶解氧急剧变化区在水深 23—24 m 处,其含量由 3.96 mg/L 降至 0.24 mg/L,水深 24 m 以下为缺氧区;叶绿素 a 含量

表现为:0—5 m 表层水体中,随着水深增加而增加,水深 10—15 m 含量有所下降,15—21 m 波动上升,而后在温跃层快速下降至 0.2 μg/L 左右,并保持平衡;其他指标随水深亦呈梯度变化,且在温跃层表现最为显著。东圳水库 5 个采样水层水体理化参数见表 1。总氮、氨氮、硝氮显示出较明显的规律性,随着水深增加,总氮及氨氮含量逐渐增加;硝氮含量则在好氧区 0—20 m 内的水深较稳定,20—26 m 间有一定下降,此后随着水深增加,呈逐渐降低趋势。

表 1 东圳水库各采样水层水体环境参数
Table 1 The environmental variables at different depths in Dongzhen Reservoir

	采样深度 Depth/m				
	0	10	20	26	33
水温 Temperature/℃	23.90	23.55	23.47	17.03	15.06
电导率 Electric conductivity/(μS/cm)	20.5	19.8	19.8	39.1	68.6
pH	7.10	6.68	6.64	6.65	6.81
溶解氧 DO (mg/L)	4.79	4.57	4.01	0.22	0.20
总氮 TN/(mg/L)	2.912	3.536	4.332	4.778	8.838
氨氮 NH ₄ -N/(mg/L)	0.200	0.236	0.210	0.340	0.516
硝氮 NO _x -N/(mg/L)	1.102	1.152	1.192	0.937	0.909
总磷 TP/(mg/L)	0.039	0.041	0.030	0.039	0.025
磷酸盐 PO ₄ -P/(mg/L)	0.020	0.037	0.016	0.035	0.025
叶绿素 a Chl a/(μg/L)	1.07	1.73	1.58	0.47	0.55

主成分分析(PCA)结果显示,PCA 前两轴累计贡献率为 95.8%,其中第一轴贡献率为 91.2%,综合了绝大多数信息。对 PCA 第一轴贡献率大的因子分别是:温度($r=-0.9979$)、溶解氧($r=-0.9900$)、电

导率($r=0.9732$)、硝氮($r=-0.9571$)、氨氮($r=0.9423$)、叶绿素 a($r=-0.9004$)、总氮($r=0.8693$);而对第二轴贡献率较大的是总磷($r=0.5051$)。沿 PCA 第一轴,5 个采样水层可大致分为 2 组,第 1 组包括 0 m、10 m 和 20 m 样品,属于上层温度较高的好氧区;第 2 组为 26 m 和 33 m 样品,属于下层低温的缺氧区(图 2)。

2.2 细菌群落组成与多样性

DGGE 指纹图谱(图 3)共显示出 45 个不同的条带,其中 19 个条带在 5 个样品中均有出现,占总条带数的 42%;8 个条带为单个水层特有,占总条带数的 18%,其中 2 个条带仅在 0 m 出现,1 个条带仅在 10 m 出现,3 个条带仅在 26 m 出现,而 2 个条带仅在 33 m 水层处出现。5 个采样水层的 DGGE 条带数平均值为 30.6,其中,20 m 处最低,为 25;26 m 处最高,为 38。Shannon-Wiener 指数均值 3.409,20 m 水层最小,为 3.219;26 m 水层最大,为 3.638。DGGE 条带数和 Shannon-Wiener 指数均呈现底层(26—33 m)显著高于表层(0—20 m)的特征(图 4)。

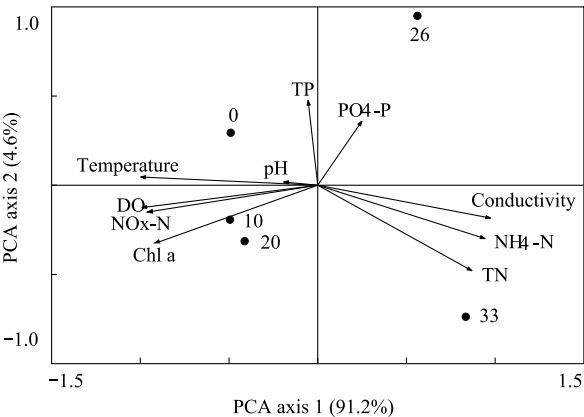


图 2 东圳水库环境因子主成分分析(圆点表示采样点,数字表示采样深度)
Fig. 2 PCA plots of environmental variables from water samples at different depths in Dongzhen Reservoir (Black dots and numbers indicate sampling sites and their water depths, respectively)

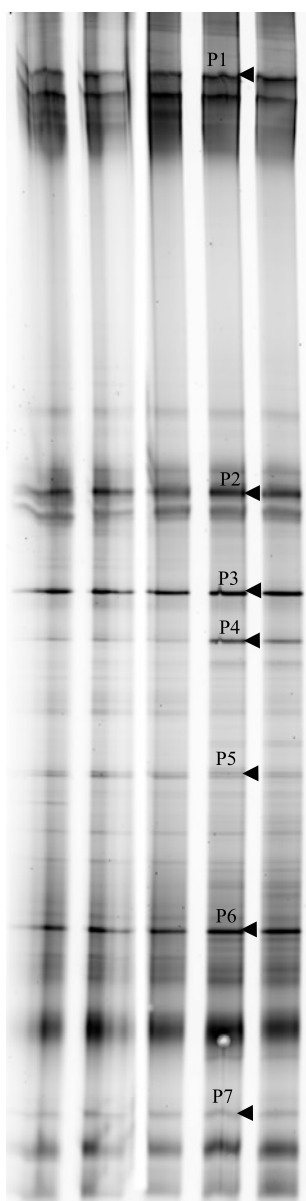


图3 16S rDNA 的 DGGE 指纹图谱及切胶示意图

Fig.3 The 16S rDNA fingerprinting of bacterial communities by PCR-DGGE. Bands indicated with an arrow head were excised and sequenced

基于 Bray-Curtis 相似性系数的聚类分析中,当相似度为 74.0%时,5 个水层被划分为两组:第 1 组由上层温度较高,硝氮含量较高的好氧区水体 0、10 m 和 20 m 样品组成;第 2 组是由底层温度较低,氨氮含量较高的缺氧区样品组成,即 26 m 和 33 m 样品(图 5)。

对 DGGE 优势条带测序分析,成功获得 7 条序列(图 3, 表 2),均为 5 个采样水层所共有。同 NCBI 数据库比对分析发现,绝大多数与不可培养的细菌序列相似性较高。系统发育分析表明,其中 4 条序

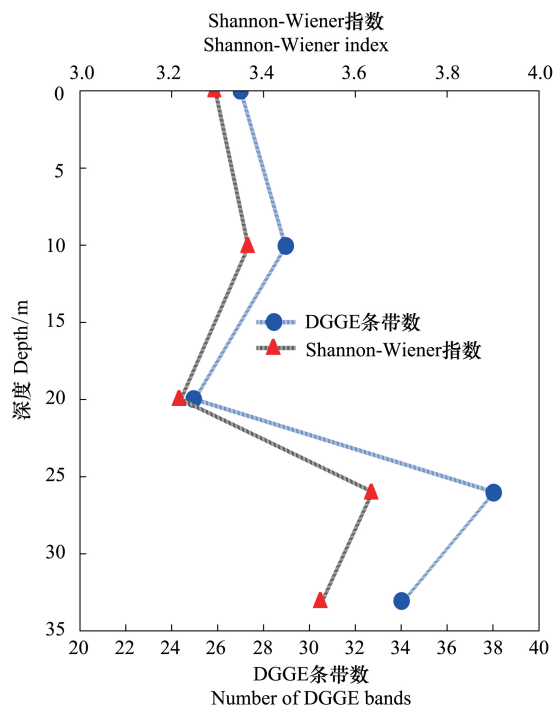


图4 东圳水库细菌群落 DGGE 条带数和 Shannon-Wiener 指数垂直分布

Fig.4 Vertical distribution of DGGE band number and Shannon-Wiener index of bacterial community in Dongzhen Reservoir

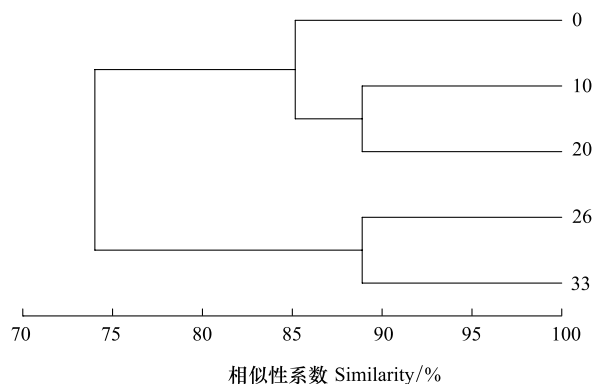


图5 东圳水库细菌群落聚类分析

Fig.5 Cluster analysis of bacterial community based on Bray-Curtis similarity in Dongzhen Reservoir

列属于 β -变形菌 (Betaproteobacteria), 1 条序列属于 α -变形菌 (Alphaproteobacteria), 2 条序列属于放线菌 (Actinobacteria)。

2.3 细菌群落与环境因子的关系

冗余分析(RDA)结果显示,10 个环境因子共同解释了 74.3% 的细菌群落组成变化,仅溶解氧与第一排序轴呈显著的相关关系($P < 0.01$),其余 9 个环境因子与细菌群落相关性不显著(图 6)。在 RDA

的前 4 个排序轴中,第一轴的特征值最大(0.576),因此,环境因子沿第一轴的变化对浮游细菌的分布影响最大,而且溶解氧是最显著的环境因子。沿第一轴,上层好氧区水体 0 m、10 m 和 20 m 位于 RDA 双序图左侧,而底层缺氧区 26 m 和 33 m 位于右侧。

表 2 DGGE 测序条带序列系统发育分析
Table 2 Phylogenetic affiliation of 16S rRNA gene from the sequenced DGGE bands

DGGE 条带 DGGE Band	序列最相似物种(序列登录号) Closest relative (accession number)	相似度 Similarity	分类类群 Taxon
P1	Uncultured Comamonadaceae bacterium (EU640908)	97%	Betaproteobacteria
P2	<i>Acidovorax</i> sp.(DQ854967)	99%	Betaproteobacteria
P3	Uncultured Methylophilaceae bacterium (HM856563)	99%	Betaproteobacteria
P4	Uncultured Rickettsiales bacterium (EF667921)	93%	Alphaproteobacteria
P5	Uncultured Actinobacterium (AM690889)	99%	Actinobacteria
P6	Uncultured Comamonadaceae bacterium (EU639923)	98%	Betaproteobacteria
P7	Uncultured Actinobacterium (EU492467)	100%	Actinobacteria

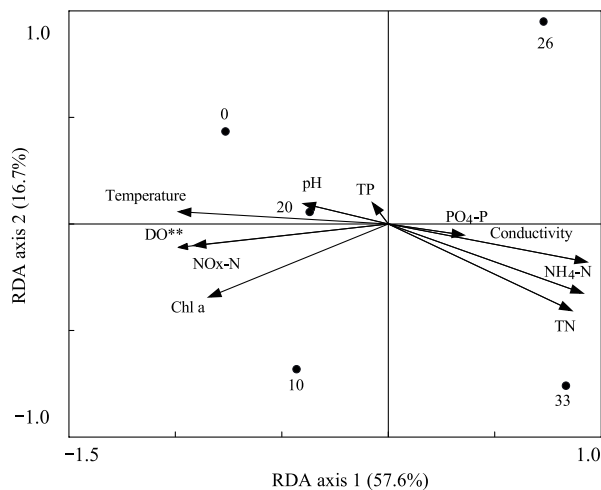


图 6 东圳水库细菌群落与环境因子的 RDA 排序图
Fig. 6 RDA ordination showing the bacterial community composition in Dongzhen Reservoir in relation to the environmental factors
* * 表示 $P < 0.01$

3 讨论

3.1 水库热分层的形成及其对水环境的影响

深水湖泊与水库的水环境和水体季节性热分层紧密联系^[20-21]。典型的亚热带深水水库中,夏秋季节上层水体温度明显高于下层水体,由于水体的热能传输不均匀,冷、热水体密度的差异导致水体的物理分层,进而导致不同水层之间化学性质也产生差异,同时表现在水体溶解氧在温跃层的剧烈变化。东圳水库位于亚热带季风气候区,水温常年在 15℃ 以上,本次秋季采样研究中,表层水温为 23.90℃,底

层水温为 15.06℃,在水深 23—26 m 处,水温由 23.44℃ 骤降至 17.03℃。因此,上层水体温度较高,浮游植物光合作用加强,产生的氧气释放到水体,使上层水体溶解氧浓度升高,甚至过饱和;而在下层水体中,则可能发生与此相反的过程,在下层水体和沉积物中的细菌分解有机质以及浮游生物遗体等,消耗水体中溶解氧,致使溶解氧浓度下降,进而形成缺氧环境。而热分层结构的形成和维持稳定限制了水体的垂直交换,其强度足以阻断上层水体向下层水体的耗氧补偿^[22]。这也从本研究中上、下层水体溶解氧的显著变化得到了印证,在水深 23—24 m 处,溶解氧由 3.96 mg/L 降至 0.24 mg/L,由好氧环境跃变为缺氧环境。此外,综合环境变量的主成分分析 (PCA) 结果也证明,东圳水库水体热分层使上下不同水层具有多样的水环境,这势必将影响水库内水化学(如氧化-还原变化)、物质地球化学循环,甚至导致水体浮游生物群落结构在不同水层之间存在显著的差异^[20]。

水体的季节性热分层对湖泊水库氮、磷等营养元素的循环转化过程都起着关键性控制或影响作用^[23-24]。东圳水库的研究表明,随着水深的增加,总氮和氨氮的含量呈升高趋势,而硝氮的含量在好氧区比较稳定,在缺氧区显著降低,预示着在缺氧区,可能存在强烈的反硝化作用,将硝态氮还原。磷酸盐则呈现交替变化现象,总的趋势是底层缺氧区磷酸盐含量要高于上层好氧区,这也支持 Carpenter 的研究模型^[21]。大型湖泊或者水库底部有大量富含磷酸盐的沉积物,在氧化环境下沉积物/水界面形成

的铁、锰氧化物会吸附、沉淀可溶性磷酸盐,进而降低磷的释放量^[25-26];但当底层水体含氧量低时,铁、锰和其他重金属元素被还原^[27],磷酸盐释放进入水体导致水体富营水平升高。来自沉积物的内源磷释放也很好的解释了当外源的磷被有效控制后,水体富营养化状态并没有立即得到改善^[28-29]。

3.2 热分层对浮游细菌群落的影响

细菌不仅是水生态系统中的生产者而且也是主要的分解者,在有机质分解矿化和生态系统物质循环中发挥必不可少的关键作用^[30-31]。热分层水体的物理化学分层直接导致上下水层细菌群落结构的差异,其中,溶解氧与细菌群落结构显著相关(图6)。东圳水库秋季细菌群落存在明显的垂直分层现象,5个水层被分成两组,即上层好氧区和下层缺氧区。下层缺氧区细菌多样性指数和 DGGE 条带数显著高于上层好氧区。合理的解释是,上层死亡的生物体和碎屑沉降到下层水体中,为分解者提供了良好的食物来源,而绝大多数分解者为细菌,故下层缺氧区细菌 DGGE 条带数和多样性指数较高。也有研究显示,溶解氧的降低可能为一些专性或兼性厌氧细菌创造了良好的条件,导致水体浮游细菌多样性的增多^[32]。此外,在氮循环过程中,好氧条件下,具有氨氧化基因的微型生物能将 NH_4^+ 转化为 NO_3^- ,而缺氧条件下, NO_3^- 能被具有反硝化功能基因的微型生物还原为 N_2 ,这些过程直接或间接影响水体氮元素的存在形态和转化,以及水体浮游细菌的分布。从 DGGE 条带克隆测序结果来看,7 个条带中,4 个属于 β -变形菌,2 个属于放线菌,1 个属于 α -变形菌。 β -变形菌是湖泊中优势细菌类群,可能与它们氨氧化和参与降解污染物的能力有关^[34-35],由此可见,东圳水库溶解氧浓度及氧化还原反应对细菌群落组成与多样性的影响是不可忽视的。

3.3 应加强水库热分层现象的研究

近百年来,世界各地所建水库的贮水量在内陆水体中占有相当的比重。水库的热量、溶解氧和营养物收支依其排水方式而异。分层水库中,大坝的表层出水或者深层出水对下游河流都有很大的影响。表层放水可以使得大量的浮游生物、营养盐和漂浮植物随水流进入下游河流进而对下游河流产生影响;而深层放水,特别是当水库底层水在缺氧条件下产生有毒的硫化氢时,将会对下游生物群落产生

更显著的负面影响^[34]。王雨春等^[22]在百花湖水库的研究表明,西南地区深水水库,在夏季会出现一定的水体热分层现象,并导致显著的水体水化学如溶解氧分层,进而影响水库水环境质量,而近年来百花湖水库时有发生季节性水质恶化事件,则是由于秋季温度突然降低引起的水体分层结构失稳,上下水团在垂直交替过程中耗氧和复氧机制不平衡所致。夏品华等^[35]对红枫湖水库的研究也发现突发性水质恶化与水体分层失稳有关,在初秋季节,由于气温的骤变,上下层水体发生等温对流,下层富集的还原物质及营养盐向上迁移,还原物质氧化消耗水中溶解氧,使水体缺氧,在缺氧和 H_2S 等有毒物质的作用下,容易发生水质恶化事件,出现鱼虾等水生生物死亡的现象。浮游细菌作为水库生物群落中的关键与优势类群,对水体环境变化十分敏感^[7-10]。本研究表明,浮游细菌的群落结构具有明显的垂直分布特征,特别是在亚热带热分层水库的上层和下层水体间存在显著差异,提示我们在对分层水库的研究中不应只研究表层水体。研究季节性热分层水库细菌群落结构与环境因子变化的关系可能是解答富营养化过程和机理的关键之一,而溶解氧在今后的研究中也应引起足够的重视。这些都将为水库富营养化治理、蓝藻藻类水华防控、水质优化管理等提供基础资料和科学依据。

References:

- [1] Lin Q Q, Han B P. Reservoir limnology and its application in water quality management: An overview. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21(6): 1034-1040.
- [2] Han B P. Reservoir ecology and limnology in China: A retrospective comment. *Journal of Lake Sciences*, 2010, 22(2): 151-160.
- [3] Chen H H. Focusing on the reservoir safety: The last retreat of drinking water safety. *Science Times*, 2007-01-09.
- [4] Smith V H, Joye S B, Howarth R W. Eutrophication of freshwater and marine ecosystems. *Limnology and Oceanography*, 2006, 51(1): 351-355.
- [5] Wei C L, Bao S M, Zhu X Y, Huang X M. Spatio-temporal variations of the bacterioplankton community composition in Chaohu Lake, China. *Progress in Natural Science*, 2008, 18(9): 1115-1122.
- [6] Liu Y Q, Yao T D, Zhu L P, Jiao N Z, Liu X B, Zeng Y H, Jiang H C. Bacterial diversity of freshwater alpine Lake Puma Yumco on the Tibetan Plateau. *Geomicrobiology Journal*, 2009,

- 26(2): 131-145.
- [7] Lv M J, Wang J, Fan Z, Huang Y. The spatial variations of bacterioplankton community composition in Lake Dianchi and their relation to environmental factors. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2011, 31(2): 299-305.
- [8] Yu Y, Wang X Y, Zhang P F. Spatial distribution of planktonic bacterial community and its relationship to water quality in Beiyun River. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2012, 7(3): 337-344.
- [9] Jiang C H, Zhang M L, Tao Y J, Yu N, Chen L Q. Bacterial community structure in four different rivers of Shanghai in spring. *Microbiology*, 2009, 36(4): 522-527.
- [10] Yu Y, Yan Q Y, Feng W S. Spatiotemporal heterogeneity of plankton communities in Lake Donghu, China, as revealed by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis and its relation to biotic and abiotic factors. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 63(3): 328-337.
- [11] Yang J, Yu X Q, Liu L M, Zhang W J, Guo P Y. Algae community and trophic state of subtropical reservoirs in southeast Fujian, China. *Environmental Science and Pollution Research*, 2012, 19(5): 1432-1442.
- [12] Stevenson R J, Smol J P. Use of algae in environmental assessments. In: Wehr J D, Sheath R G. (Eds.) *Freshwater Algae of North America: Classification and Ecology*. New York: Academic Press, 2003: 775-804.
- [13] Jiang J G, Shen Y F. Development of the microbial communities in Lake Donghu in relation to water quality. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2007, 127(1/3): 227-236.
- [14] Laque T, Farjalla V F, Rodado A S, Esteves F A. Spatiotemporal variation of bacterial community composition and possible controlling factors in tropical shallow lagoons. *Microbial Ecology*, 2010, 59(4): 819-829.
- [15] Melissa A R, Laura G L. Nutrients and other abiotic factors affecting bacterial communities in an Ohio River (USA). *Microbial Ecology*, 2007, 54(2): 374-383.
- [16] Fan Z H, Zha X. State of water quality and its influencing factors in Dongzhen Reservoir. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2008, 28(1): 25-29.
- [17] Wei F S. *Water and Wastewater Monitoring and Analysis Methods*. 4th ed. Beijing: China Environmental Science Press, 2002.
- [18] Liu L M, Yang J, Yu X Q, Yu Z, Zhang Y Y, Tian Y, Zhang D H. Bacterioplankton diversity in Xiamen Houxi River watershed along an urban-rural gradient and its relation to environmental factors. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2012, 18(4): 591-598.
- [19] Clarke K R, Gorley R N. *PRIMER v5: User Manual/tutorial*. Plymouth: PRIMER-E, 2001.
- [20] Yu Z, Yang J, Zhou J, Yu X Q, Liu L M, Lv H. Water stratification affects the microeukaryotic community in a subtropical deep reservoir. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 2014, 61(2): 126-133.
- [21] Carpenter S R. Eutrophication of aquatic ecosystems: Bistability and soil phosphorus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(29): 10002-10005.
- [22] Wang Y C, Zhu J, Ma M, Yin C Q, Liu C Q. Thermal stratification and paroxysmal deterioration of water quality in a canyon-reservoir, southwestern China. *Journal of Lake Sciences*, 2005, 17(1): 54-60.
- [23] Kelly V J. Influence of reservoirs on solute transport: A regional-scale approach. *Hydrological Processes*, 2001, 15(7): 1227-1249.
- [24] Conley D J, Paerl H W, Howarth R W, Boesch D F, Seitzinger S P, Havens K E, Lancelot C, Linkens G E. Controlling eutrophication: Nitrogen and phosphorus. *Sciences*, 2009, 323(5917): 1014-1015.
- [25] Qin B Q. Approaches to mechanisms and control of eutrophication of shallow lakes in the middle and lower reaches of the Yangze River. *Journal of Lake Sciences*, 2002, 14(3): 193-202.
- [26] Li D P, Huang Y. Effect of sediment disturbance on development of water eutrophication. *China Water & Wastewater*, 2009, 25(14): 10-16.
- [27] Su Y P, Zheng D X, Lin W Z, Liang X D, Huang N Y. Research of the characteristic of the seasonal thermal stratification in Shanzhi Reservoir, Fujian province. *Journal of Fujian Normal University (Natural Science Edition)*, 2007, 23(3): 1-4, 25-25.
- [28] Smith V H. Eutrophication of freshwater and coastal marine ecosystems: A global problem. *Environmental Science and Pollution Research*, 2003, 10(2): 126-139.
- [29] Smith V H, Schindler D W. Eutrophication science: Where do we go from here? *Trends in Ecology & Evolution*, 2009, 24(4): 201-207.
- [30] Liu L M, Yang J, Zhang Y Y. Genetic diversity patterns of microbial communities in a subtropical riverine ecosystem (Jiulong River, southeast China). *Hydrobiologia*, 2011, 678(1): 113-125.
- [31] Hansel C M, Fendorf S, Jardine P M, Francis C A. Changes in bacterial and archaeal community structure and functional diversity along a geochemically variable soil profile. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(5): 1620-1633.
- [32] Fisher M M, Klug J L, Lauster G, Newton M, Triplett E W. Effects of resources and trophic interactions on freshwater bacterioplankton diversity. *Microbial Ecology*, 2000, 40(2): 125-138.
- [33] Brümmer I H M, Fehr W, Wagner-Döbler I W. Biofilm community structure in polluted rivers: Abundance of dominant phylogenetic groups over a complete annual cycle. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(7): 3078-3082.
- [34] Kalf J. *Limnology: Inland Water Ecosystems*. California: Prentice

Hall, 2011.

- [35] Xia P H, Lin T, Li C X, Xue F, Zhang B X, Jiang Y. Features of the water column stratification and the response of water quality of Hongfeng Reservoir in Guizhou, China. *China Environmental Science*, 2011, 31(9): 1477-1485.

参考文献:

- [1] 林秋奇, 韩博平. 水库生态系统特征研究及其在水库水质管理中的应用. *生态学报*, 2001, 21(6): 1034-1040.
- [2] 韩博平. 中国水库生态学研究的回顾与展望. *湖泊科学*, 2010, 22(2): 151-160.
- [3] 陈欢欢. 聚焦水库安全: 饮用水安全的最后退路. *科学时报*, 2007-01-09.
- [7] 吕明姬, 汪杰, 范铮, 黄艺. 滇池浮游细菌群落组成的空间分布特征及其与环境因子的关系. *环境科学学报*, 2011, 31(2): 299-305.
- [8] 于洋, 王晓燕, 张鹏飞. 北运河水体浮游细菌群落的空间分布特征及其与水质的关系. *生态毒理学报*, 2012, 7(3): 337-344.
- [9] 姜彩虹, 张美玲, 陶琰洁, 禹娜, 陈立侨. 上海市内不同水质的河道春季浮游细菌群落结构分析. *微生物学通报*, 2009, 36(4): 522-527.
- [16] 范章怀, 查轩. 重要水源地东圳水库水质变化及其影响因素研究. *水土保持通报*, 2008, 28(1): 25-29.
- [17] 魏复盛. 水和废水监测分析方法(第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [18] 刘乐冕, 杨军, 余小青, 余正, 张永雨, 田野, 张冬红. 厦门后溪流域沿城乡梯度浮游细菌多样性及其与环境因子的关系. *应用与环境生物学报*, 2012, 18(4): 591-598.
- [22] 王雨春, 朱俊, 马梅, 尹澄清, 刘丛强. 西南峡谷型水库的季节性分层与水质的突发性恶化. *湖泊科学*, 2005, 17(1): 54-60.
- [25] 秦伯强. 长江中下游浅水湖泊富营养化发生机制与控制途径初探. *湖泊科学*, 2002, 14(3): 193-202.
- [26] 李大鹏, 黄勇. 底泥扰动在水体富营养化发展进程中的作用. *中国给水排水*, 2009, 25(14): 10-16.
- [27] 苏玉萍, 郑达贤, 林婉珍, 梁晓丹, 黄娜瑜. 福建省山仔水库水体季节性分层特征研究. *福建师范大学学报(自然科学版)*, 2007, 23(3): 1-4, 25-25.
- [35] 夏品华, 林陶, 李存雄, 薛飞, 张邦喜, 蒋瑶. 贵州高原红枫湖水库季节性分层的水环境质量响应. *中国环境科学*, 2011, 31(9): 1477-1485.