

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*

朱智杰¹, 陈默^{1**}, 薛思敏¹, 周仕伟¹, 焦一滢², 田小方²

(1: 湖北大学资源环境学院, 区域开发与环境影响湖北省重点实验室, 武汉 430062)

(2: 湖北工业大学土木建筑与环境学院, 河湖生态修复及藻类利用湖北省重点实验室, 武汉 430068)

摘要: 香溪河是三峡库区最大的入库支流, 目前关于香溪河沉积物微生物群落结构特征及其主要影响因素尚不明确。本研究监测香溪河上、中、下游上覆水及沉积物的主要理化指标, 通过 16S rDNA 高通量测序研究香溪河表层沉积物中微生物群落结构特征, 使用统计学软件分析细菌与理化指标间的关系。结果表明, 上覆水中氨氮(NH₃-N)、叶绿素 *a* (Chl. *a*) 浓度自下游向上游逐渐升高, 其中 NH₃-N 浓度从下游的 2.04 mg/L 升高到上游的 3.14 mg/L。不同点位上覆水中磷酸盐(PO₄³⁻) 浓度在 0.14~0.18 mg/L 之间波动; 同一点位间隙水中 NH₃-N、PO₄³⁻ 浓度明显高于上覆水, 10~15 cm 沉积物间隙水中 NH₃-N 与 PO₄³⁻ 浓度分别是 0~5 cm 沉积物间隙水的 3.4 倍和 1.7 倍。沉积物中 Fe(II)、Fe(III)、酸可挥发性硫化物和铬还原性硫化物含量均表现为上游点位高于中游、下游, 底层沉积物含量高于中层和表层。香溪河中游沉积物的微生物多样性和丰富度高于下游和上游, 其中变形菌门(Proteobacteria) 是表层沉积物中的优势菌门, 鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*) 为主要菌属。不同代谢功能的微生物在空间分布上存在差异, 比如具有降解多环芳烃能力的外新鞘脂菌属(*Novosphingobium*) 和土生单胞菌属(*Terrimonas*) 在下游点位的相对丰度最高, 分别达到 5.8% 和 5.4%, 硝化螺旋菌属(*Nitrospira*) 和黄杆菌属(*Flavobacterium*) 在中游的相对丰度最高, 而铁氧化菌水杆菌属(*Aquabacterium*) 主要分布在上游点位。冗余分析(RDA) 表明总有机碳、硫酸根、Fe(II)、氨氮和总磷是影响香溪河沉积物中微生物群落结构的主要环境因子。本研究有助于进一步了解周边环境 and 人为活动对香溪河水质稳定及沉积物中微生物的影响, 为三峡库区水环境改善和管理提供参考。

关键词: 香溪河; 上覆水; 沉积物; 微生物群落; 环境因子; 三峡库区

Nitrogen and phosphorus as major factors shaping microbial community structures in surface sediments in Xiangxi River, Three Gorges Reservoir*

Zhu Zhijie¹, Chen Mo^{1**}, Xue Simin¹, Zhou Shiwei¹, Jiao Yiyang² & Tian Xiaofang²

(1: Key Laboratory of Regional Development and Environmental Response of Hubei Provincial, College of Resources and Environment, Hubei University, Wuhan 430062, P.R.China)

(2: Key Laboratory of River and Lake Ecological Restoration and Algae Utilization of Hubei Provincial, College of Civil Architecture and Environment, Hubei University of Technology, Wuhan 430068, P.R.China)

Abstract: Xiangxi River is the largest inflow tributary in the Three Gorges Reservoir area. Structural characteristics and influence factors of the microbial communities in sediments of Xiangxi River are not clear so far. This study investigated the main physical and chemical parameters of the overlying water (i.e., surface, middle and bottom layers) and sediments of the Xiangxi River. 16S rDNA high-throughput sequencing was used to reveal the characteristics of microbial community structures in the sediments. In addition, the relationship between bacteria and physicochemical parameters were analyzed statistically. Chlorophyll. *a* (Chl. *a*), concentrations of ammonia nitrogen (NH₃-N) in the overlying water increased gradually from the downstream (2.04 mg/L) to the upstream (3.14 mg/L). The concentrations of phosphate (PO₄³⁻) in overlying water fluctuated between 0.14 and 0.18 mg/L at dif-

* 2022-07-24 收稿; 2022-11-03 收修改稿。

国家自然科学基金项目(41807452)资助。

** 通信作者; E-mail: 20170116@hubu.edu.cn。

ferent sampling sites. In addition, the concentrations of $\text{NH}_3\text{-N}$ and PO_4^{3-} in the pore-water at the same site were significantly higher than those in the overlying water. Pore-water $\text{NH}_3\text{-N}$ and PO_4^{3-} concentrations at 10–15 cm depth were 3.4 and 1.7 times higher than those at 0–5 cm depth in sediments, respectively. Higher contents of Fe (II), Fe (III), acid volatile sulfide and chromium reducing sulfide were observed in the upstream sampling sites and bottom layers of the sediments. The microbial diversity and richness in the sediments of midstream were higher compared to the sediments of downstream and upstream. Proteobacteria was the dominant phylum in the surface sediments, and *Sphingomonas* was the main genus. The spatial distributions of microorganisms for different metabolic activities varied. Typical bacteria with the ability to degrade polycyclic aromatic hydrocarbons, such as *Novosphingobium* and *Terrimonas*, were mainly observed in the sediments of downstream sites with percentage reaching 5.8% and 5.4%, respectively. The percentages of *Nitrospira* and *Flavobacterium* were highest in the midstream. The iron-oxidizing bacteria (i. e., *Aquabacterium*) were rich in the upstream sites. Redundancy analysis (RDA) showed that total organic carbon (TOC), sulfate (SO_4^{2-}), Fe (II), $\text{NH}_3\text{-N}$ and total phosphorus (TP) were the main environmental factors shaping the microbial community structures in sediments of Xiangxi River. This study will help to further understand the impacts of surrounding environment and human activities on the stability of water quality and the microorganisms in the sediments of Xiangxi River, and provide a reference for the improvement and management of the water environment in the Three Gorges Reservoir area.

Keywords: Xiangxi River; overlying water; sediments; microbial community structures; environmental factors; Three Gorges Reservoir

香溪河是三峡水库在湖北境内最大的入库支流^[1]。近年来,由于周边磷矿开发和频繁的人为活动导致氮、磷等营养元素不断汇入香溪河,部分河段出现了蓝藻水华问题^[2]。当外源污染物沉降至水体表层沉积物后,将不断累积形成内源污染,并在一定条件下向水体释放,进一步影响香溪河水质稳定^[3]。微生物是淡水生态系统中的重要组成部分,在沉积物的物质循环中发挥了重要的作用^[4]。有研究表明,微生物是沉积物有机碳分解代谢的主要参与者之一^[5],还能通过硝化与反硝化作用介导氮循环过程^[6]。此外,微生物参与了沉积物中磷的迁移、转化等过程^[7]。香溪河中微生物固氮对水体富营养化产生的贡献也不容忽视^[8-9]。

有研究表明,三峡库区沉积物的总氮(TN)含量对硝化细菌群落有明显的影响,pH、硝态氮($\text{NO}_3\text{-N}$)和氨氮是影响反硝化细菌的主要因素^[10]。总无机碳、总有机碳和叶绿素 *a* 浓度是影响三峡库区大宁河、香溪河自养微生物分布的主要环境因子^[11]。沉积物 TN 和 $\text{NO}_3\text{-N}$ 含量对香溪河沉积物中氨氧化古菌和氨氧化细菌的分布有显著的影响, $\text{NO}_3\text{-N}$ 与厌氧氨氧化菌的相对丰度呈显著负相关^[12]。目前对于香溪河沉积物中微生物时空分布特征的研究主要集中于单一类微生物^[13],而对于沉积物中整个微生物群落的空间分布以及其对环境因子的响应尚不明确。

本研究采集了香溪河上、中、下游共计 6 个点位的上覆水和沉积物样品,解析了不同点位上覆水和沉积物中理化指标的空间分布特征,采用 16S rDNA 基因测序分析技术分析表层沉积物中微生物群落多样性和组成,研究了环境因子对微生物群落结构的影响。本研究为进一步探究周边环境对香溪河水质的影响提供了科学依据,有助于揭示香溪河主要水环境问题内在的微生物机制,为改善三峡库区水环境质量和保障流域安全提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

香溪河位于湖北省西部,发源于神农架林区,全长 97.3 km,河口距离三峡大坝 34.5 km,流域面积 3183 km²,自然落差 1054 m^[14]。自三峡大坝蓄水后,香溪河由自然河道转变为河流型水库,当三峡水库蓄水至 175 m 时,库湾回水长度约为 42 km^[15]。香溪河流域矿产资源丰富,其中磷矿储量达 3.85 亿 t,是中国三大富磷矿区之一,磷化工已成为当地支柱产业^[16]。近年来,香溪河沿岸磷矿开发地表径流及生活污水汇入香溪河流域^[17],同时香溪河上游兴山县人口密度大、农业发达,农业生产中所产生的面源污染也为香溪河带来了大量的氮、磷等污染物^[18]。此外,由于香溪河水流速度减慢,水体交换变少,对氮、磷等营养元素的运输能力降低,最终造成了一定程度的富营养化问题^[19]。香溪河局部水域多次发生过水华,影响库区水质安全^[20]。

1.2 样品采集及保存

根据香溪河自然地貌特征及水流方向,自香溪河河口向上游共选择 6 个采样点,其中 S1、S2 靠近河口,

属于下游点位, S3、S4 为中游点位, S5、S6 为上游点位。采样点位见图 1。

2021 年 8 月 30 日, 用取水器分别采集了 S1~S6 点位的表层、中层、底层上覆水, 其中表层上覆水样品采集于水面下 2 m 处, 由于不同河段水深不同, 中层、底层上覆水于不同深度处分别采集。具体而言, 下游 S1、S2 分别在距水面 30 和 65 m 处, 中游 S3、S4 分别在 20 和 40 m 处, 上游 S5、S6 分别在 15 和 30 m 处。上覆水样品采集后装入 500 mL 聚乙烯样品瓶中, 4~6 h 内运回实验室, 立即测定上覆水中氨氮 ($\text{NH}_3\text{-N}$)、磷酸盐 (PO_4^{3-})、可溶性硫化物 ($\Sigma \text{H}_2\text{S}$)、硫酸根 (SO_4^{2-})、总氮 (TN) 和总磷 (TP) 浓度。

上覆水样品采集完毕后, 再使用沉积物柱状采样器分别在每个点位采集 3 根柱状沉积物样品, 每根柱状沉积物代表该点位 1 个平行样品。沉积物样品厚度不少于 30 cm, 以 5 cm 为一层进行切割, 现场将各层沉积物样品装入聚乙烯密封口袋中, 4~6 h 内运回实验室。部分新鲜沉积物样品用于测定酸可挥发性硫化物 (AVS, 主要成分为 FeS)、铬还原性硫化物 (CRS, 主要成分为 FeS_2 、 Fe(II) 和 Fe(III)), 另取部分新鲜沉积物样品于 15 mL 离心管中, 10000 转/min 离心 0.5 min 后取上清液, 过 0.45 μm 滤膜, 测定间隙水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、 PO_4^{3-} 、 $\Sigma \text{H}_2\text{S}$ 和 SO_4^{2-} 浓度。此外, 将部分沉积物自然风干后研磨, 测定 TN、TP 和总有机碳 (TOC) 含量。剩余沉积物样品于 -20°C 保存, 备用。

1.3 上覆水与沉积物理化因子测定

现场使用多参数测量仪 (YSI ProDss, USA) 测定采样点位不同深度上覆水中溶解氧 (DO) 浓度、pH、电导率 (σ) 和 Chl.a 浓度。上覆水及沉积物间隙水 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度采用纳氏试剂分光光度法测定, PO_4^{3-} 浓度采用钼酸铵比色法测定, TN、TP 浓度则在水样中分别加入碱性过硫酸钾, 121°C 消解 30 min, 再通过紫外分光光度法和钼酸铵比色法进行测定。 $\Sigma \text{H}_2\text{S}$ 浓度采用亚甲基蓝比色法测定^[21], SO_4^{2-} 浓度采用 Tabatabai 的浊度比色法进行测定^[22]。沉积物中 AVS、CRS 含量的测定采用冷扩散分级提取法, 即取 2 g 新鲜沉积物于具塞广口瓶中, 以 10% 的碱性乙酸锌为吸收液, 用 9 mol/L 盐酸 (HCl) 对沉积物提取 24 h, 所得吸收液的硫化物浓度换算得到 AVS 含量。更换吸收液后, 用经过 Zn 粒还原的 Cr(II) 溶液对沉积物提取 24 h, 所得吸收液的硫化物浓度经换算得到 CRS 含量^[23]。沉积物中 Fe(II) 、 Fe(III) 含量用 Ferrozine 比色法测定, 在加入 10% 的盐酸羟胺溶液将 Fe(III) 还原为 Fe(II) 后经比色测定^[24], 沉积物 TOC 含量采用重铬酸钾-油浴法测定^[21]。

1.4 沉积物微生物群落结构分析

采用土壤基因组试剂盒 (PowerSoil[®] DNA, MOBIO) 对各点位的 3 份柱状沉积物平行样品分别提取基因组总 DNA, 用超微量分光光度计 (Nanodrop 2000, Wilmington, USA) 测定 DNA 浓度。采用通用引物 338F (5'-ACTCTACGGGAGGCAGCA-3', 806R5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对细菌 16S rDNA 基因的 V3~V4 区进行 PCR 扩增, 扩增体系为 5×FastPfuBuffer 4 μL 、2.5 mmol/L dNTPs 2 μL 、Forward Primer (5 $\mu\text{mol/L}$) 0.8 μL 、Reverse Primer (5 $\mu\text{mol/L}$) 0.8 μL 、FastPfu Polymerase 0.4 μL 、DNA 模板 10 ng, 补充 ddH₂O 至 20 μL 。PCR 扩增的反应体系为: 94°C , 5 min; $30\times(94^\circ\text{C}, 30 \text{ s}; 54^\circ\text{C}, 30 \text{ s}; 72^\circ\text{C}, 45 \text{ s})$; 72°C 10 min。修饰后的通用引物含有不同的 Tag 标签用以区分不同。DNA 样品送测序公司进行高通量测序, Illumina 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。测得微生物数据使用 R.3.4.3 中的 Vegan 包进行数据预处理、 α 多样性和相对丰度的计算, 并在门和属水平上选择 OTU 数量排名前 20 的微生物

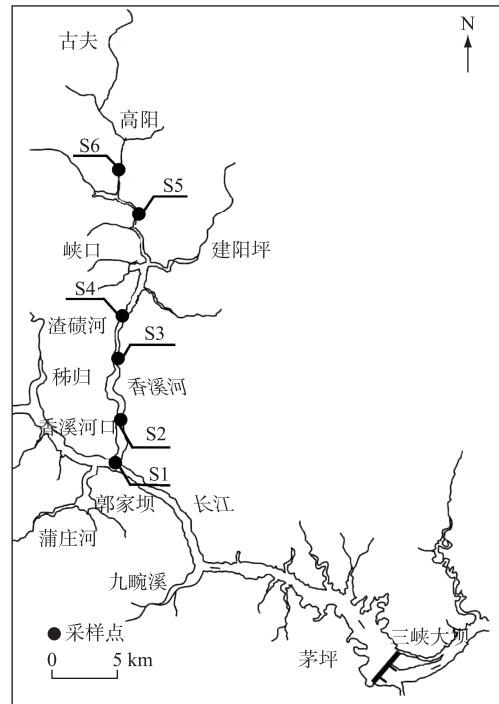


图 1 香溪河采样点位

Fig.1 Sampling sites of Xiangxi River

物进行 β 多样性分析,使用 Origin-pro 2018 绘制热图完成数据的可视化,通过冗余分析(RDA)判断环境因子与微生物群落分布的关系。构建结构方程模型(structural equation modeling, SEM)分析不同理化指标与微生物丰度之间的关系,通过计算通径系数揭示各个理化因子对微生物生长和繁殖影响的强弱。

1.5 数据处理与分析

用 Excel 2012 软件计算数据平均值、标准差,在 SPSS 20 软件中采用单因子方差分析(ANOVA)检验水体理化因子间差异的显著性, $P < 0.05$ 视为具有显著性差异,使用 Duncan 法进行事后检验。

2 结果与讨论

2.1 上覆水中理化因子空间分布特征

如附图 I 所示,从下游河口(S1、S2)到上游点位(S5、S6)水深逐渐变浅,且不同点位的 Chl.a 浓度均表现为随深度先降低后增加的趋势。下游 S1、S2 点位表层上覆水和底层上覆水的 Chl.a 浓度均不超过 $3.75 \mu\text{g/L}$, 低于中游(S3、S4 点位)的平均值 $4.53 \mu\text{g/L}$ 和上游(S5、S6 点位)的平均值 $4.93 \mu\text{g/L}$ 。藻类可以通过光合作用产生有机物^[25],藻类的沉降和死亡将导致藻源有机物累积在表层沉积物,形成以藻类为主的有机质颗粒^[26]。因此,香溪河沉降的藻类为沉积物中微生物提供了潜在的有机物来源。

各点位表层上覆水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度均不超过 0.09 mg/L ,随着深度增加,上覆水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度逐渐升高,最大值出现在上游 S5 点位底层上覆水中,浓度达到 0.82 mg/L (附图 II)。沉积物间隙水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度显著高于上覆水($P < 0.05$),其中 $10\sim 15 \text{ cm}$ 间隙水 $\text{NH}_3\text{-N}$ 平均浓度达到 4.25 mg/L ,是 $0\sim 5 \text{ cm}$ 沉积物间隙水的 3.4 倍,是底层上覆水的 6 倍。在 6 个采样点位中,下游 S1、S2 点位间隙水 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度在 $2.04\sim 2.30 \text{ mg/L}$ 之间,低于上游 S5、S6 点位的 3.14 mg/L ,上游沉积物间隙水中更高的 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度为参与氮循环的微生物提供了潜在的反应底物。香溪河上游兴山县耕地面积达 $19.51\times 10^3 \text{ hm}^2$,其施肥季集中在春、夏两季,农业耕作对香溪河中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度影响较大^[27],上游农业面源污染可能是导致上游点位上覆水和间隙水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度较高的原因之一(附图 II)。另外,此次采样正值夏季,长江干流换水量增大,含有较低营养盐浓度的干流水体大量进入下游库湾,对下游水体产生稀释作用,也会导致下游点位 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度低于上游和中游^[28]。

PO_4^{3-} 浓度垂向分布表现为从上覆水到间隙水逐渐上升(附图 II)。所有点位的表层上覆水中 PO_4^{3-} 浓度均未超过 0.09 mg/L ,而底层上覆水达到 0.15 mg/L 以上;间隙水中 PO_4^{3-} 浓度均值进一步从 0.28 mg/L ($0\sim 5 \text{ cm}$ 沉积物)上升到 0.55 mg/L ($10\sim 15 \text{ cm}$ 沉积物)。香溪河流域内磷化工企业分布较多,磷矿废弃地和堆积的矿渣经雨水淋溶后随地表径流流入香溪河^[29],同时农业面源污染也是香溪河流域磷的主要来源之一^[27]。外源磷的不断输入,最终造成了香溪河沉积物中磷的累积。

近年来,不断增加的人类活动和气候变化导致全球淡水水体中 SO_4^{2-} 浓度不断上升,煤炭燃烧和二氧化硫的排放导致中国淡水湖泊、河流中 SO_4^{2-} 浓度上升^[30],香溪河上、中、下游上覆水中 SO_4^{2-} 浓度在 $30\sim 40 \text{ mg/L}$ 之间(附图 II),而间隙水中 SO_4^{2-} 浓度表现出一定的空间差异,中游(S3、S4 点)及上游(S5 和 S6 点位)间隙水的 SO_4^{2-} 浓度分别约为下游的 1.7 倍和 1.5 倍(附图 II)。 SO_4^{2-} 为沉积物中微生物硫酸盐还原提供电子受体^[31],这表明上游与中游沉积物中微生物硫酸盐还原作用可能更为强烈。

沉积物 TOC 含量从下游至上游逐渐升高(附图 III),下游 S1 和 S2 沉积物中 TOC 含量均未超过 1.50 mg/g ,而上游(S5 和 S6)达到 2.08 mg/g 。 Fe(II) 和 Fe(III) 含量自下游 S1 至上游 S6 点位逐渐升高(附图 III), $10\sim 15 \text{ cm}$ 沉积物中 Fe(II) 含量从 S1 点位的 0.91 mg/g 上升至 S6 点位的超过 1.40 mg/g , Fe(III) 含量从 1.08 mg/g 升高至 1.55 mg/g 。铁氧化菌和铁还原菌介导了沉积物中微生物铁元素循环^[32],香溪河沉积物中铁元素含量的空间差异表明不同点位沉积物中参与铁循环的细菌其分布可能存在一定的差异。

沉积物 AVS 含量的分布存在明显的垂直差异和空间差异(附图 III)。在垂直方向上,下游 S1、S2 点位 AVS 含量低,且差异不显著($P > 0.05$),中游、上游各点位 AVS 含量均表现为自表层沉积物向底层沉积物逐渐升高,尤其是中游 S3 点位,AVS 含量自 $0\sim 5 \text{ cm}$ 层的 0.03 mg/g 升高至 $10\sim 15 \text{ cm}$ 层的 0.33 mg/g ,升高约 10 倍。在 6 个采样点位中,自下游至上游沉积物中 AVS 含量逐渐升高,S1、S2 点位的 AVS 含量均不超过 0.07 mg/g ,远低于上游 S5、S6 平均值(0.44 mg/g)。CRS 分布规律与 AVS 类似,表现为从下游至上游、自表层向深层沉积物的 CRS 含量逐渐上升(附图 III)。

2.2 表层沉积物中微生物群落的 α 多样性分析

通过分析不同深度上覆水和沉积物中理化指标的分布特征发现,沉积物是香溪河上覆水中氮、磷等营养元素的重要“源”之一(附图 II)。表层沉积物是泥水界面物质迁移转化最为活跃的区域^[33],其中的微生物在水生态系统的元素地球化学循环中发挥着重要的作用^[34]。因此,本研究选择表层沉积物开展微生物群落结构研究。

Shannon 指数和 Simpson 指数反映群落整体的多样性^[35],Chao1 指数和 ACE 指数反映群落的丰富度^[36]。如附图 IV 所示,中游沉积物中微生物群落的 Shannon 指数、Chao1 指数和 ACE 指数均高于上游和下游。因此,香溪河中游表层沉积物的微生物群落多样性和丰富度高于上游和下游,在整体上呈现出“中间高,两头低”的分布规律。香溪河上游河段与部分支流交汇,下游河段与长江回水交汇,上、下游水体交换较为频繁,而中部水体则相对稳定,为微生物的生长和繁殖提供了良好的环境^[37],造成了香溪河不同河段表层沉积物中微生物群落 α 多样性的差异。此外,在采样过程中发现上游的表层沉积物以无机砂石为主,无法为异养微生物提供足够的有机底物,这可能也是中游微生物相对丰度高于其他河段的原因。

2.3 微生物群落的 β 多样性

非度量多尺度分析(NMDS)是通过将样本的距离矩阵作降维分析简化数据结构,在特定的距离尺度下描述样本的分布特征。如图 2 所示,上游点位主要出现在第二象限,中游点位主要出现在第一象限,下游点位主要出现在第三、四象限,这表明香溪河不同河段沉积物中微生物群落存在明显的空间分布差异。

图 3a 列举了在门水平上相对丰度前 10 的微生物,其中变形菌门(Proteobacteria)占主导地位,在各点位相对丰度均超过 30%。另外,相对丰度超过 5% 的菌门包括酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和放线菌门(Actinobacteriota)。其他主要微生物还有疣微菌门(Verrucomicrobiota)、厚壁菌门(Firmicutes)、硝化菌门(Nitrospirata)、脱硫菌门(Desulfobacterota)和浮霉菌门(Planctomycetota)等。

鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)是属水平上在香溪河沉积物中分布最广的微生物类群,各点位相对丰度均在 5.6%~5.7% 之间(图 3b)。有研究表明,*Sphingomonas* 参与了沉积物有机物的好氧生物降解过程^[38],推测 *Sphingomonas* 在香溪河沉积物有机物降解中发挥了重要作用。外新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)能降解 2~5 环的多环芳烃(PAHs)^[39],土生单胞菌属(*Terrimonas*)对 PAHs 也有一定的降解能力,且 PAHs 对其生长和繁殖有一定的促进作用^[40]。本研究中 *Novosphingobium* 在下游 S1 点位相对丰度约为 6%,高于其他各点位的 4.9%~5.1%;*Terrimonas* 在 S1 点位的相对丰度也高于其他点位(图 3b)。S1 点位地处河口,与长江水体交换频繁,受长江影响较大,有研究表明,丰水期长江干流 PAHs 总量较高,会对香溪河库湾产生一定的扩散作用^[41],这可能是 *Novosphingobium* 和 *Terrimonas* 在下游点位丰度最高的原因之一。

硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)是一种硝化细菌,能将 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 氧化为硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)^[42]。香溪河中游 S3 点位 0~5 cm 沉积物间隙水中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量最高,分别是下游 S2 点位和上游 S6 点位的 3 倍和 5 倍(附图 II),这与不同点位 *Nitrospira* 的分布差异一致(图 3b),这表明中游沉积物中更高的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度为 *Nitrospira* 的生长和繁殖提供了良好的生存条件。另外,有研究表明,部分 *Flavobacterium* 属微生物具有反硝化能力^[43],其分布规律与 *Nitrospira* 类似,相对丰度的峰值也出现在中游 S3 点位(图 3b),推测 *Flavobacterium* 属微生物可能

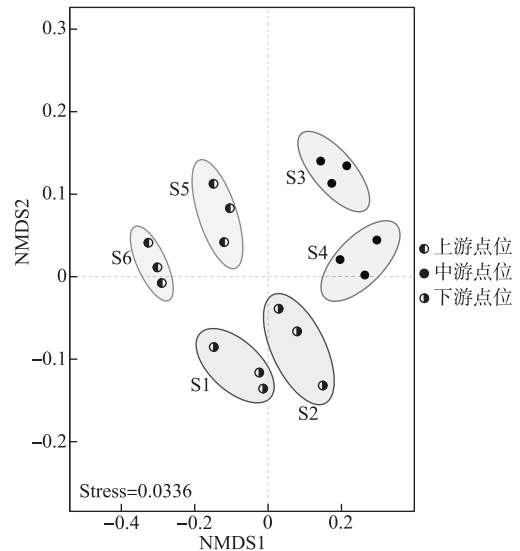


图 2 不同点位沉积物微生物群落结构非度量多维尺度(NMDS)排序图
Fig.2 NMDS analysis of microbial community structures in sediments of different sampling sites

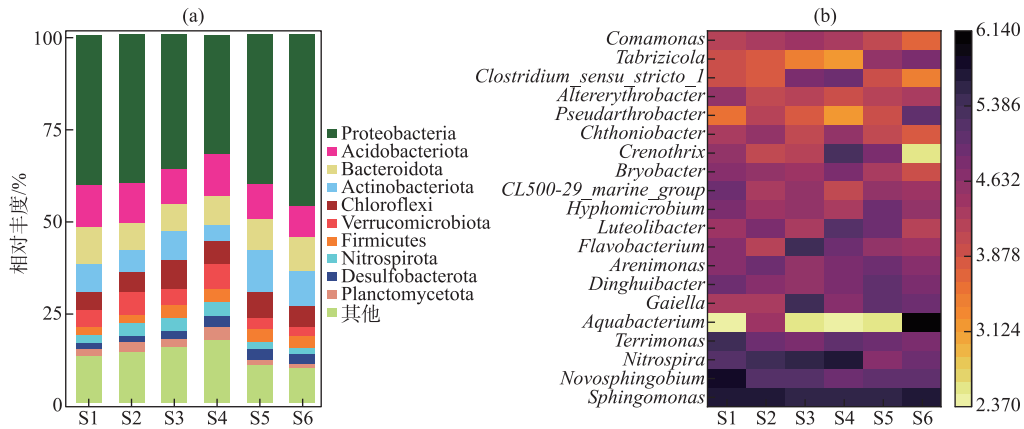


图3 不同点位沉积物中微生物门水平相对丰度(a)及属水平 OTU 数量(b)

Fig.3 Relative abundances of microbiota at the phylum level (a) and OTU numbers at the genus level (b) in sediment samples at different sampling sites

参与了香溪河沉积物的 N 循环过程,尤其在中游沉积物中。

水杆菌属(*Aquabacterium*)作为一种铁氧化细菌,能够能将 $Fe(II)$ 氧化为 $Fe(III)$ ^[44]。本研究中 *Aquabacterium* 相对丰度在 S6 点位为 6.2%,约为其他点位的 2.5 倍(图 3b)。同样作为铁氧化菌^[45],泉发菌属(*Crenothrix*)分布特征与 *Aquabacterium* 相反,其在 S6 点位相对丰度最低(图 3b),这表明 *Crenothrix* 与 *Aquabacterium* 在香溪河沉积物的铁氧化过程中可能存在一定的竞争关系。另外,有研究表明,*Crenothrix* 主要分布在近海海域、河口以及深海热泉喷口处,当溶解氧浓度较高时其相对丰度升高^[46]。香溪河口与长江干流交汇处水体流速较快、水体交换频繁,溶解氧浓度较高,自河口向上游溶解氧浓度逐渐降低^[47],这可能是 *Crenothrix* 在河口分布较广,上游分布较少的原因。

2.4 微生物群落结构与环境因子间的关系

为研究不同环境因子与微生物生长和繁殖的关系,建立路径分析模型探究各因子对微生物丰度的影响,本研究中构建以各个环境因子为影响因素的结构方程模型(图 4a),标准化的路径系数绝对值越大,相对应的理化指标对微生物丰度的影响越强烈。 NH_3-N 和 PO_4^{3-} 的标准化路径系数分别为 -2.25 和 2.46,其系数的绝对值远高于其他理化指标,这说明 NH_3-N 和 PO_4^{3-} 对微生物丰度的影响起主导作用, NH_3-N 浓度与微生物丰度呈负相关,而 PO_4^{3-} 浓度与微生物丰度呈正相关,此外, SO_4^{2-} 、TP 和 $Fe(II)$ 对微生物丰度也有着一定影响。

采用冗余分析方法(RDA)分析属水平微生物物种丰富度与环境因子间的关系,由于许多环境因子间存在着较强的共线性,因此在进行 RDA 分析前先采用方差膨胀因子(variance inflation factor, *VIF*)分析过滤掉 *VIF* 值大于 10 的环境因子^[48]。如图 4b 所示,第 1 排序轴与第 2 排序轴的解释度分别为 57.63% 和 12.63%。环境因子向量的长短代表其对于细菌群落影响的大小,环境变量与物种箭头之间的夹角反映它们之间的相关性,锐角是正相关,夹角越小,正相关性越强,钝角是负相关,钝角越大,负相关性越强^[49]。TOC、 SO_4^{2-} 、 $Fe(II)$ 、 NH_3-N 和 TP 对香溪河表层沉积物中微生物的群落结构有着显著的影响(图 4b),这一发现与周边的农业生产和磷矿开采的现状相呼应,反映了人为活动导致的环境污染对香溪河沉积物微生物群落结构的影响。具体到微生物水平来看,在属水平上与 TOC 含量呈正相关的是 *Sphingomonas*、*Novosphingobium* 和 *Terrimonas* 属(图 4b)。另外, NH_3-N 浓度与 *Nitrospira* 和 *Flavobacterium* 属的分布呈正相关性,这进一步印证了 *Nitrospira* 和 *Flavobacterium* 属在氮循环中发挥了一定作用。有研究表明当金属离子的浓度过高超过微生物的耐性值时,会引起微生物的群落结构发生改变^[50],本研究中 $Fe(II)$ 与大多数微生物分布呈负相关(图 4a 和 4b), $Fe(II)$ 对香溪河微生物群落的影响值得进一步研究。

本研究表明,香溪河上覆水中 NH_3-N 浓度自下游至上游逐渐升高,底层沉积物中 NH_4^+-N 浓度高于表层沉积物, PO_4^{3-} 浓度在垂直方向上表现为自表上层上覆水至底层沉积物逐渐升高。香溪河各点位底层、中上层上

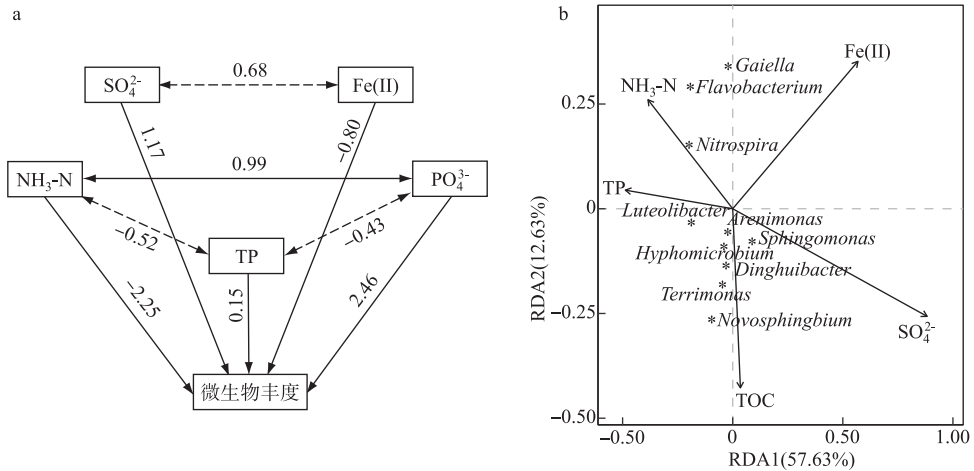


图4 理化因子对微生物丰度影响的结构方程模型(路径旁显示标准化的路径系数,实线和虚线分别表示 $P < 0.05$ 和 $P > 0.05$ 。箭头上数值的正负分别表示正相关关系和负相关关系)(a)及沉积物微生物群落结构与环境因子的冗余分析(b)

Fig.4 Structural equation model of effects of physical and chemical parameters on the abundance of microorganism (The standardized path coefficient is displayed next to the path, and the solid line and dotted line indicate $P < 0.05$ and $P > 0.05$, respectively.

The positive and negative values on the arrow indicate positive correlation and negative correlation, respectively) (a) and redundancy analysis between microbial community structure and environmental factors in sediments (b)

覆水中 TP 浓度均超过长江干流宜昌断面夏季所监测 TP 浓度 (1.0 mg/L)^[51], 可能对长江水质稳定产生一定的影响, 需要加强对香溪河流域氮、磷含量的监测和控制。此外, $\text{NH}_3\text{-N}$ 和 PO_4^{3-} 的浓度是影响沉积物中微生物生长和繁殖的最主要因素。当前, 国家对三峡流域水环境保护高度重视, 香溪河沿岸的农业生产、磷矿开采以及周边城镇的生活污水是导致香溪河水体中氮、磷浓度波动的主要原因^[52]。为了有效解决香溪河流域水环境污染问题, 要坚持在农业生产中对化肥农药减量增效, 对磷矿和磷化工企业进行产业升级, 对农副产品加工等行业深度治理、综合利用, 同时还要完善城镇和农村生活污水收集及处理设施建设, 做到点面结合、综合治理。此外, 硫酸根浓度的升高是淡水水体发生黑臭的重要诱因之一^[53], 今后的工作需加强对香溪河流域 SO_4^{2-} 浓度水平的监控。

3 结论

1) 相较于下游河段, 香溪河上、中游上覆水与沉积物中 N、P 含量更高, 上游上覆水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 平均浓度是下游的 1.5 倍, 上游沉积物间隙水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 平均浓度为下游的 1.4 倍。上、中游沉积物间隙水中 PO_4^{3-} 平均浓度分别是下游的 1.5 倍、1.6 倍。此外, 沉积物中 TOC、AVS、CRS、 Fe(II) 和 Fe(III) 含量在上游更高。

2) 中游表层沉积物中微生物多样性和物种丰富度均高于上游和下游。各点位在门水平和属水平上分别以变形菌门和鞘脂单胞菌属为主。参与氮循环的微生物硝化螺旋菌属和黄杆菌属主要分布在 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度较高的中游点位; 对多环芳烃 (PAHs) 有一定降解作用的外新鞘脂菌属和土生单胞菌属主要分布在下游河口点位; 由于上游点位 Fe(II) 含量较高, 铁氧化菌水杆菌属主要分布在上游点位。

3) $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP、TOC、 SO_4^{2-} 和 Fe(II) 是影响香溪河沉积物中微生物群落结构的主要环境因子, 这在一定程度上印证了香溪河流域氮、磷污染现状对沉积物中微生物群落的影响。另一方面, 不同河段沉积物中微生物群落结构的差异也可能在一定条件下改变环境因子的分布, 进而影响香溪河水质稳定。今后应进一步加强香溪河流域农业生产和磷化工行业监管, 完善周边区域生活污水收集与处理。

4 附录

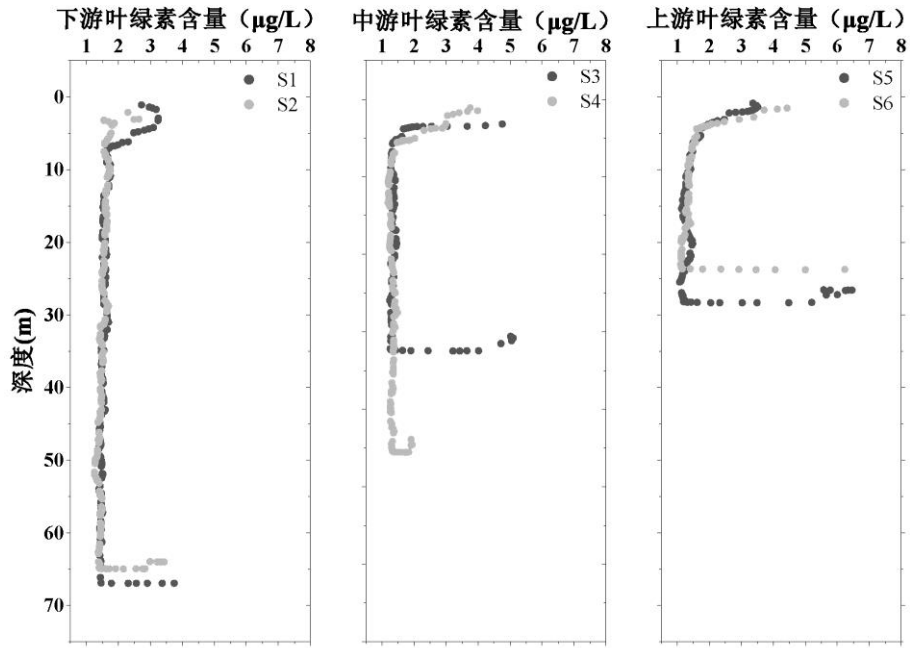
附图 I ~ IV 见电子版 (DOI: 10.18307/2023.0208)。

5 参考文献

- [1] Tan L, Shen HL, Wang L *et al.* Trophic status of the mainstream of Three Gorges Reservoir and Xiangxi Bay and its response to hydrological conditions. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2021, **30**(6): 1488-1499. [谭路, 申恒伦, 王岚等. 三峡水库干流与香溪河库湾水体营养状态及其对水文条件的响应. 长江流域资源与环境, 2021, **30**(6): 1488-1499.]
- [2] Liu XY, Song LX, Ji DB *et al.* Effect of the rainfall on extinction of cyanobacteria bloom and its mechanism analysis. *Environmental Science*, 2018, **39**(2): 774-782. DOI: 10.13227/j.hjxk.201708203. [刘心愿, 宋林旭, 纪道斌等. 降雨对蓝藻水华消退影响及其机制分析. 环境科学, 2018, **39**(2): 774-782.]
- [3] Wang B, Huang TL, Li N *et al.* Spectral characteristics of dissolved organic matter in sediment and overlying water of water source reservoir. *China Environmental Science*, 2022, **42**(3): 1309-1317. [王斌, 黄廷林, 李楠等. 水源水库沉积物及其上覆水 DOM 光谱特征. 中国环境科学, 2022, **42**(3): 1309-1317.]
- [4] Li PY, An QR, Wang XH *et al.* Analysis on diversity and structure of microbial community in river sediment of Siping section of Liaohe River. *Environmental Science*, 2022, **43**(5): 2586-2594. DOI: 10.13227/j.hjxk.202107032. [李鹏洋, 安启睿, 王新皓等. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析. 环境科学, 2022, **43**(5): 2586-2594.]
- [5] Wu QL, Xing P, Li HB *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. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.2013.01.003. [吴庆龙, 邢鹏, 李化炳等. 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): 87-97.]
- [6] Chen ZY, Zhang ZW, Zhang TN *et al.* Temporal and spatial distribution characteristics and driving factors of denitrification bacterial community structure from landscape water in Hebei Province: Taking Shijiazhuang as example. *Environmental Science*, 2022, **43**(2): 813-825. DOI: 10.13227/j.hjxk.202104341. [陈召莹, 张紫薇, 张甜娜等. 河北省典型景观水体反硝化细菌群落时空分布特征及驱动因素: 以石家庄为例. 环境科学, 2022, **43**(2): 813-825.]
- [7] Li QG, Tian Y, Liu L *et al.* Research progress on release mechanisms of nitrogen and phosphorus of sediments in water bodies and their influencing factors. *Wetland Science*, 2022, **20**(1): 94-103. [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, **20**(1): 94-103.]
- [8] She WY, Feng C, Yang J *et al.* Nitrogen-fixing microbial diversity and its influencing environmental variables in waters Three Gorges Reservoir. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, **59**(6): 1127-1142. [余伟钰, 冯灿, 杨渐等. 三峡库区水体中固氮微生物多样性及其影响因素. 微生物学报, 2019, **59**(6): 1127-1142.]
- [9] Yang Y, Wang H, Li KH *et al.* Community structure and function prediction of bacterial communities in the upper reaches of the Three Gorges of the Yangtze River. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(4): 1401-1415. [杨艳, 王浩, 李凯航等. 长江三峡上游水域细菌群落结构与功能预测. 微生物学报, 2022, **62**(4): 1401-1415.]
- [10] Liu M, Huang L, Gao X *et al.* Impact of microorganism in subsurface flow wetland on purification efficiency for slightly polluted river water in Three Gorges Reservoir Region. *J Lake Sci*, 2012, **24**(5): 687-692. DOI: 10.18307/2012.0507. [刘明, 黄磊, 高旭等. 潜流湿地中微生物对三峡库区微污染水净化效果的影响. 湖泊科学, 2012, **24**(5): 687-692.]
- [11] Zheng JX, Hu JX, Chi SY *et al.* Distribution of bacterial communities in Daning River and Xiangxi River. *Environmental Science & Technology*, 2016, **39**(8): 171-177. [郑金秀, 胡菊香, 池仕运等. 大宁河与香溪河细菌群落分布. 环境科学与技术, 2016, **39**(8): 171-177.]
- [12] Zhao ZH, Li YQ, Pi HT *et al.* Temporal and spatial distribution of anaerobic ammonium oxidizing bacteria in sediments of Xiangxi River of the Three Gorges Reservoir Area. *Journal of Biology*, 2021, **38**(2): 70-74. [赵折红, 李月秋, 皮海廷等. 三峡库区香溪河沉积物厌氧氨氧化菌的时空分布. 生物学杂志, 2021, **38**(2): 70-74.]
- [13] Chen GH, Yuan YJ, Bi YH *et al.* Distribution characteristics of heterotrophic bacteria and phosphate-solubilizing bacteria in Xiangxi Bay. *Ecological Science*, 2018, **37**(3): 107-113. [陈国华, 袁轶君, 毕永红等. 香溪河库湾水体异养细菌及无机磷细菌分布特征. 生态科学, 2018, **37**(3): 107-113.]
- [14] Yang F, Ji DB, Wang LJ *et al.* Vertical distribution characteristics of dissolved oxygen and chlorophyll a in typical tributaries during the impoundment period of the Three Gorges Reservoir. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2107-2115. DOI: 10.13227/j.hjxk.201909026. [杨凡, 纪道斌, 王丽婧等. 三峡水库汛后蓄水期典型支流溶解氧与叶绿素 a 垂向分布特征. 环境科学, 2020, **41**(5): 2107-2115.]
- [15] Tang T, Cai QH, Liu JK. Using epilithic diatom communities to assess ecological condition of Xiangxi River system. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2006, **112**(1/2/3): 347-361. DOI: 10.1007/s10661-006-7666-6.
- [16] Jiang LG, Liang B, Zhang MZ *et al.* Phosphorus leaching characteristics of phosphate waste rock deposited within Xiangxi River watershed. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2015, **9**(7): 3531-3537. [姜利国, 梁冰, 张梦舟等. 三峡库区香溪河流域磷矿废石磷素浸出特性. 环境工程学报, 2015, **9**(7): 3531-3537.]

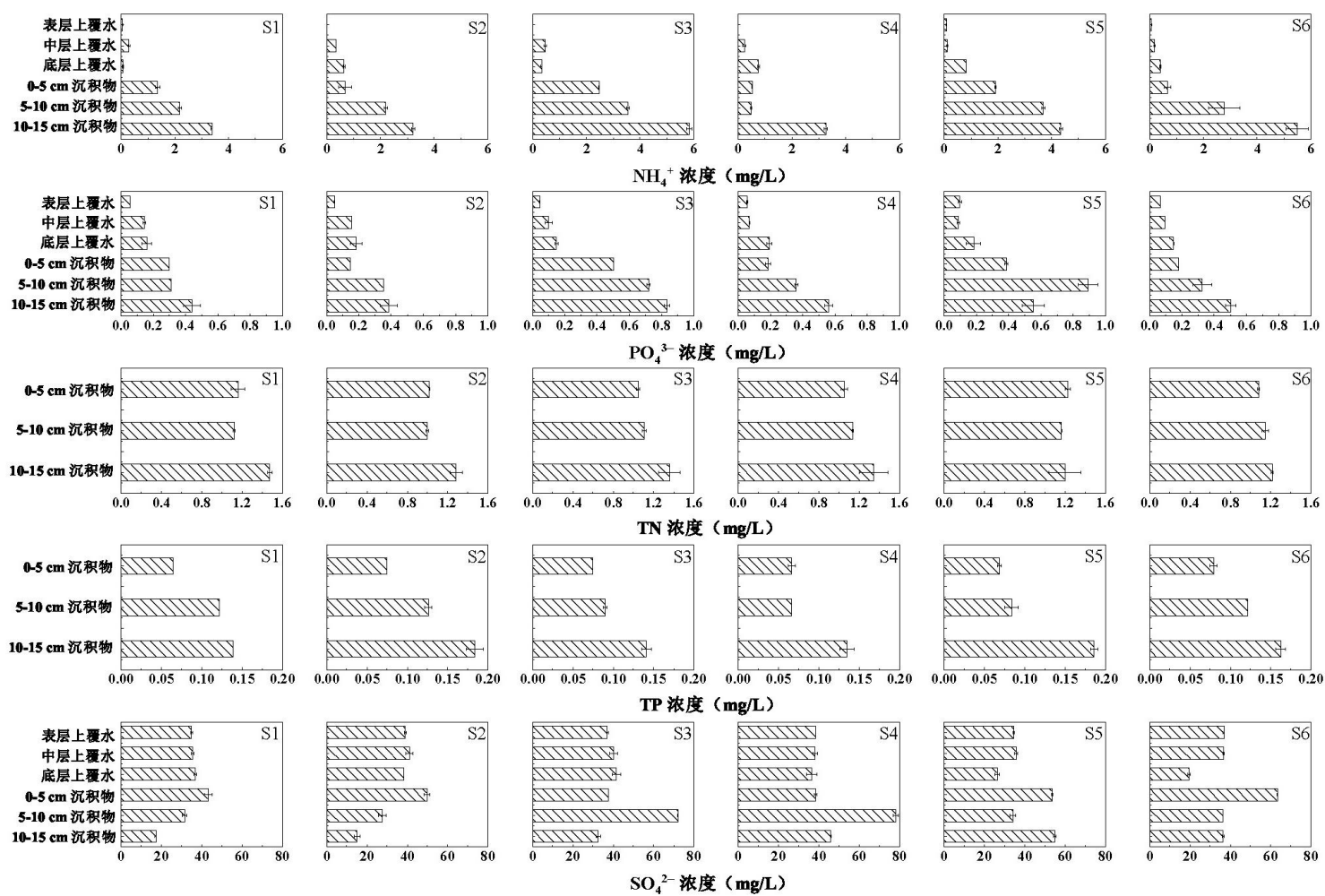
- [17] Zheng FY, Tan L, Chen X *et al.* Spatial distribution of nitrogen and phosphorus, and pollution evaluation for sediment in Xiangxi Bay, Three Gorges Reservoir. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2018, **13**(4): 49-59. [郑飞燕, 谭路, 陈星等. 三峡水库香溪河库湾氮磷分布状况及沉积物污染评价. *生态毒理学报*, 2018, **13**(4): 49-59.]
- [18] Tian P, Wang LJ, Song LX *et al.* Water pollution characteristics and influencing factors of typical tributaries of Three Gorges Reservoir in different periods. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2021, **41**(6): 2182-2191. DOI: 10.13671/j.hjkxxb.2021.0101. [田盼, 王丽娟, 宋林旭等. 三峡水库典型支流不同时期的水质污染特征及其影响因素. *环境科学学报*, 2021, **41**(6): 2182-2191.]
- [19] Sang WL, Yang X, Song LX *et al.* Variation of temporal and spatial distributions of nutrients in Xiangxi Bay (2008-2015). *Journal of Hydroecology*, 2018, **39**(4): 38-45. DOI: 10.15928/j.1674-3075.2018.04.006. [桑文璐, 杨霞, 宋林旭等. 香溪河营养盐时空分布趋势研究. *水生态学杂志*, 2018, **39**(4): 38-45.]
- [20] Chen SM, Wang W, Zhao Y *et al.* Water eutrophication status and control strategy of tributaries in the Three Gorges Reservoir region. *Environmental Engineering*, 2019, **37**(4): 32-37. DOI: 10.13205/j.hjgc.201904007. [陈昭明, 王伟, 赵迎等. 三峡水库支流水体富营养化现状及防治策略. *环境工程*, 2019, **37**(4): 32-37.]
- [21] Chen M, Jiang HL. Relative contribution of iron reduction to sediments organic matter mineralization in contrasting habitats of a shallow eutrophic freshwater lake. *Environmental Pollution*, 2016, **213**: 904-912. DOI: 10.1016/j.envpol.2016.03.061.
- [22] Huang JF, Ni JZ, Tong C *et al.* Methane production and inhibition via sulfate reduction in a brackish marsh of the Min River Estuary. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, **35**(3): 862-872. DOI: 10.13671/j.hjkxxb.2014.0850. [黄佳芳, 倪进治, 仝川等. 闽江口半咸水沼泽湿地土壤甲烷产生过程及硫酸盐还原对其抑制作用研究. *环境科学学报*, 2015, **35**(3): 862-872.]
- [23] Chen M, Li XH, He YH *et al.* Increasing sulfate concentrations result in higher sulfide production and phosphorous mobilization in a shallow eutrophic freshwater lake. *Water Research*, 2016, **96**: 94-104. DOI: 10.1016/j.watres.2016.03.030.
- [24] Pan XF, Yan BX, Wang LX. Research on iron in marshy rivers of the Sanjiang plain. *Environmental Science*, 2010, **31**(9): 2042-2047. DOI: 10.13227/j.hjkk.2010.09.011. [潘晓峰, 阎百兴, 王莉霞. 三江平原河水中铁的形态研究. *环境科学*, 2010, **31**(9): 2042-2047.]
- [25] Zhang HF, Wu XS, Wang B *et al.* Research progress of the enrichment mechanism of sedimentary organics in lacustrine basin. *Acta Sedimentologica Sinica*, 2016, **34**(3): 463-477. [张慧芳, 吴欣松, 王斌等. 陆相湖盆沉积有机质富集机理研究进展. *沉积学报*, 2016, **34**(3): 463-477.]
- [26] Mao XJ, Huang YL, Li N *et al.* Sources and distribution of phosphorus in sediments of the Jinpen Reservoir. *Environmental Science*, 2019, **40**(6): 2738-2744. DOI: 10.13227/j.hjkk.201810220. [毛雪静, 黄廷林, 李楠等. 金盆水库沉积物磷的来源及分布特征. *环境科学*, 2019, **40**(6): 2738-2744.]
- [27] Ye XC, Meng YK, Zhang YS *et al.* Variation characteristics of trophic states of Xiangxi River backwater area in Three Gorges Reservoir and its driving factors. *Water Resources Protection*, 2018, **34**(4): 80-85, 92. [叶许春, 孟元可, 张永生等. 三峡库区香溪河回水区营养状态变化特征与驱动因子. *水资源保护*, 2018, **34**(4): 80-85, 92.]
- [28] Jiang DG, Dai HC, Wang BW *et al.* Causing analysis on nutrients spatial difference in Xiangxi Bay of the Three Gorges Reservoir. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2013, **44**(5): 562-569. [蒋定国, 戴会超, 王冰伟等. 香溪河库湾春季营养盐空间差异性成因分析. *水利学报*, 2013, **44**(5): 562-569.]
- [29] Wu XH, Li C, Chen L *et al.* Response mechanism of *Peridiniopsis* bloom to phosphorus in Xiangxi River Bay of Three Gorges Reservoir. *J Lake Sci*, 2017, **29**(5): 1054-1060. DOI: 10.18307/2017.0503. [吴兴华, 李翀, 陈磊等. 三峡水库香溪河库湾拟多甲藻 (*Peridiniopsis*) 水华对环境中的磷的响应机制. *湖泊科学*, 2017, **29**(5): 1054-1060.]
- [30] Chen M, Jiao YY, Zhang YQ *et al.* Succession of sulfur bacteria during decomposition of cyanobacterial bloom biomass in the shallow Lake Nanhu: An *ex situ* mesocosm study. *Chemosphere*, 2020, **256**: 127101. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2020.127101.
- [31] Wang YX, Wu Y, Zhang HL *et al.* Microbial sulfur metabolism and the bioecological relationships driven by sulfur metabolism. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(3): 930-948. [王亚鑫, 吴玉, 张洪琳等. 微生物硫代谢及其驱动下建立的生物生态关系. *微生物学报*, 2022, **62**(3): 930-948.]
- [32] Wu SJ, Wang X, Ji QY *et al.* Iron-sulfur distribution and its environmental significance in three typical areas of western Lake Taihu. *J Lake Sci*, 2019, **31**(4): 950-960. DOI: 10.18307/2019.0408. [吴松峻, 汪旋, 季秋忆等. 太湖西岸典型区域沉积物的硫铁分布特征及环境意义. *湖泊科学*, 2019, **31**(4): 950-960.]
- [33] Zhang Q, Dong J, Ji FY *et al.* Spectral characteristics of dissolved organic matter in overlying water and pore water of newly-built artificial lake sediments. *J Lake Sci*, 2018, **30**(1): 112-120. DOI: 10.18307/2018.0111. [张倩, 董靖, 吉芳英等. 新建人工深水湖泊沉积物上覆水和孔隙水中溶解性有机物的光谱特征. *湖泊科学*, 2018, **30**(1): 112-120.]
- [34] Wang DS, Men B, Zhang MY. Sediment water ecotone and sediment removal of shallow lake: A case study of Baiyangdian lake in Xiongan New Area. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(5): 1550-1559. DOI: 10.13671/j.hjkxxb.2019.0457. [王东升, 门彬, 张美一. 论浅水湖泊中的水固交错带与科学清淤规划——以雄安新区白洋淀为例. *环境科学学报*, 2020, **40**(5): 1550-1559.]
- [35] Chen ZY, Zhang TN, Zhang ZW *et al.* Aerobic denitrifying bacteria community structure and response of aerobic denitrifying bacteria to dissolved organic matter in the sediments in Lake Baiyangdian in the spring. *J Lake Sci*, 2022, **34**(2): 538-552. DOI: 10.18307/2022.0215. [陈召莹, 张甜娜, 张紫薇等. 白洋淀春季沉积物好氧反硝化菌群落结构特征及对溶解性有机物的响应. *湖泊科学*, 2022, **34**

- (2): 538-552.]
- [36] Hu YX, Peng Y, Li RW *et al.* Plankton diversity and community characteristics in Danjiangkou Reservoir based on environmental DNA metabarcoding. *J Lake Sci*, 2021, **33**(6): 1650-1659. DOI:10.18307/2021.0604. [胡愈焮, 彭玉, 李瑞雯等. 基于环境 DNA 宏条形码的丹江口水库浮游生物多样性及群落特征. 湖泊科学, 2021, **33**(6): 1650-1659.]
- [37] Zhao YL, Zhang QQ, Liu XH *et al.* Impacts of three georges dam on structure and diversity of the benthic microorganism community in Xiangxi River. *Journal of Hydroecology*, 2017, **38**(3): 45-50. DOI: 10.15928/j.1674-3075.2017.03.007. [赵媛莉, 张倩倩, 刘新华等. 三峡大坝对香溪河底栖微生物群落结构和多样性的影响. 水生态学杂志, 2017, **38**(3): 45-50.]
- [38] Asaf S, Numan M, Khan AL *et al.* *Sphingomonas*: from diversity and genomics to functional role in environmental remediation and plant growth. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2020, **40**(2): 138-152. DOI: 10.1080/07388551.2019.1709793.
- [39] Yan SD, Liu LJ, Cao YZ *et al.* Isolation, identification, and degradation characteristics of three effective PAHs degradation strains. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(12): 4439-4446. DOI: 10.13287/j.1001-9332.202112.028. [闫双堆, 刘利军, 曹燕篆等. 3株多环芳烃高效降解菌株的分离鉴定及降解特性. 应用生态学报, 2021, **32**(12): 4439-4446.]
- [40] Wang Q, Zheng R, Sun XT *et al.* Effects of *Comamonas testosteroni* on PAHs degradation and bacterial community structure in *Leymus chinensis* rhizosphere soil. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2020, **36**(12): 2657-2673. DOI: 10.13345/j.cjb.200381. [王乔, 郑瑞, 孙学婷等. 羧基羧基单胞菌对羊草根际土壤 PAHs 降解及细菌群落结构的影响. 生物工程学报, 2020, **36**(12): 2657-2673.]
- [41] Huang YP, Jin L, Zhu C *et al.* Temporal-spatial distribution and risk assessment of polycyclic aromatic hydrocarbons in soil of Xiangxi Bay in Three Gorges Reservoir area. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3808-3819. DOI: 10.13227/j.hjxx.202012149. [黄应平, 金蕾, 朱灿等. 三峡库区香溪河库湾土壤多环芳烃时空分布特征及风险评估. 环境科学, 2021, **42**(8): 3808-3819.]
- [42] Shi WY, Zhang J. Research progress of *Nitrobacter* and *Nitrospira* in the nitrogen removal system. *Applied Chemical Industry*, 2020, **49**(10): 2581-2585. [史文燕, 张健. 硝化杆菌(*Nitrobacter*)和硝化螺菌(*Nitrospira*)在脱氮系统中的研究进展. 应用化工, 2020, **49**(10): 2581-2585.]
- [43] Lu Y, Zeng J, Zhao J *et al.* Spatial characteristics of denitrifying bacterial communities in different habitats from typical steppe. *Microbiology China*, 2019, **46**(4): 707-720. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.180274. [芦燕, 曾静, 赵吉等. 典型草原区不同生境反硝化菌群的空间特征. 微生物学通报, 2019, **46**(4): 707-720.]
- [44] Xu L, Su JF, Ali A *et al.* Denitrification performance of nitrate-dependent ferrous (Fe^{2+}) oxidizing *Aquabacterium* sp. XL4: Adsorption mechanisms of bio-precipitation of phenol and estradiol. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **427**: 127918. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2021.127918.
- [45] Bai S, Yang ML, Chen Z *et al.* Distribution of functional microorganisms and its significance for iron, sulphur, and nitrogen cycles in reservoir sediments. *Acta Geochimica*, 2021, **40**(6): 961-972. DOI: 10.1007/s11631-021-00492-0.
- [46] Huang Y, Liu SJ, Jiang CY. Microbiologically influenced corrosion and mechanisms. *Microbiology China*, 2017, **44**(7): 1699-1713. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.170197. [黄焯, 刘双江, 姜成英. 微生物腐蚀及腐蚀机理研究进展. 微生物学通报, 2017, **44**(7): 1699-1713.]
- [47] Yang LN, Li ZY, Zhang XQ. Distribution characteristics of dissolved oxygen and mechanism of hypoxia in the upper estuarine zone of the Daliaohe River. *Environmental Science*, 2011, **32**(1): 51-57. DOI: 10.13227/j.hjxx.2011.01.007. [杨丽娜, 李正炎, 张学庆. 大辽河近入海河段水体溶解氧分布特征及低氧成因的初步分析. 环境科学, 2011, **32**(1): 51-57.]
- [48] Zhang J, Shang YM, Xie JY *et al.* Geographic distribution and co-occurrence characteristics of soil bacterial and archaeal community in the five largest freshwater lake wetlands in China. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(12): 4131-4139. DOI: 10.13292/j.1000-4890.202012.038. [张杰, 尚妍萌, 谢钧宇等. 我国五大淡水湖泊湿地土壤细菌和古菌群落的地理分布及其共现性特征. 生态学杂志, 2020, **39**(12): 4131-4139.]
- [49] Li B, Yang AJ, Hu X *et al.* Bacterial community structure in reservoir sediments under the influence of antimony ore waste water. *Microbiology China*, 2021, **48**(9): 2956-2971. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.201128. [李彬, 杨爱江, 胡霞等. 锑矿废水影响下水库沉积物中细菌群落结构特征研究. 微生物学通报, 2021, **48**(9): 2956-2971.]
- [50] Yu H, An YJ, Jin DC *et al.* Effects of chromium pollution on soil bacterial community structure and assembly processes. *Environmental Science*, 2021, **42**(3): 1197-1204. DOI: 10.13227/j.hjxx.202010209. [于皓, 安益君, 金德才等. 铬污染对土壤细菌群落结构及其构建机制的影响. 环境科学, 2021, **42**(3): 1197-1204.]
- [51] Yang P, Lu L, Xiang CG *et al.* Analysis of variation trend of nitrogen and phosphorus concentrations in the main stream of the Yangtze River. *Environmental Engineering*, 2019, **37**(2): 178175-178183. DOI:10.13205/j.hjgc.201902033. [杨盼, 卢路, 向晨光等. 长江干流氮、磷浓度变化趋势分析. 环境工程, 2019, **37**(2): 178175-178183.]
- [52] Sun TT, Tang T, Shen HL *et al.* Spatial distributions of carbon, nitrogen and phosphorus in various mediums of the Xiangxi River watershed and their correlations. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2015, **24**(5): 853-859. [孙婷婷, 唐涛, 申恒伦等. 香溪河流域不同介质中碳、氮、磷的分布特征及其相关性研究. 长江流域资源与环境, 2015, **24**(5): 853-859.]
- [53] Cai P, Wu YC, Liu X *et al.* The contribution of sediment and algal to the formation of black bloom and their potential to supply the black substance in waters in Lake Taihu. *J Lake Sci*, 2015, **27**(4): 575-582. DOI:10.18307/2015.0403. [蔡萍, 吴雨琛, 刘新等. 底泥和藻体对太湖湖泛的诱发及水体致黑物的供应潜力. 湖泊科学, 2015, **27**(4): 575-582.]



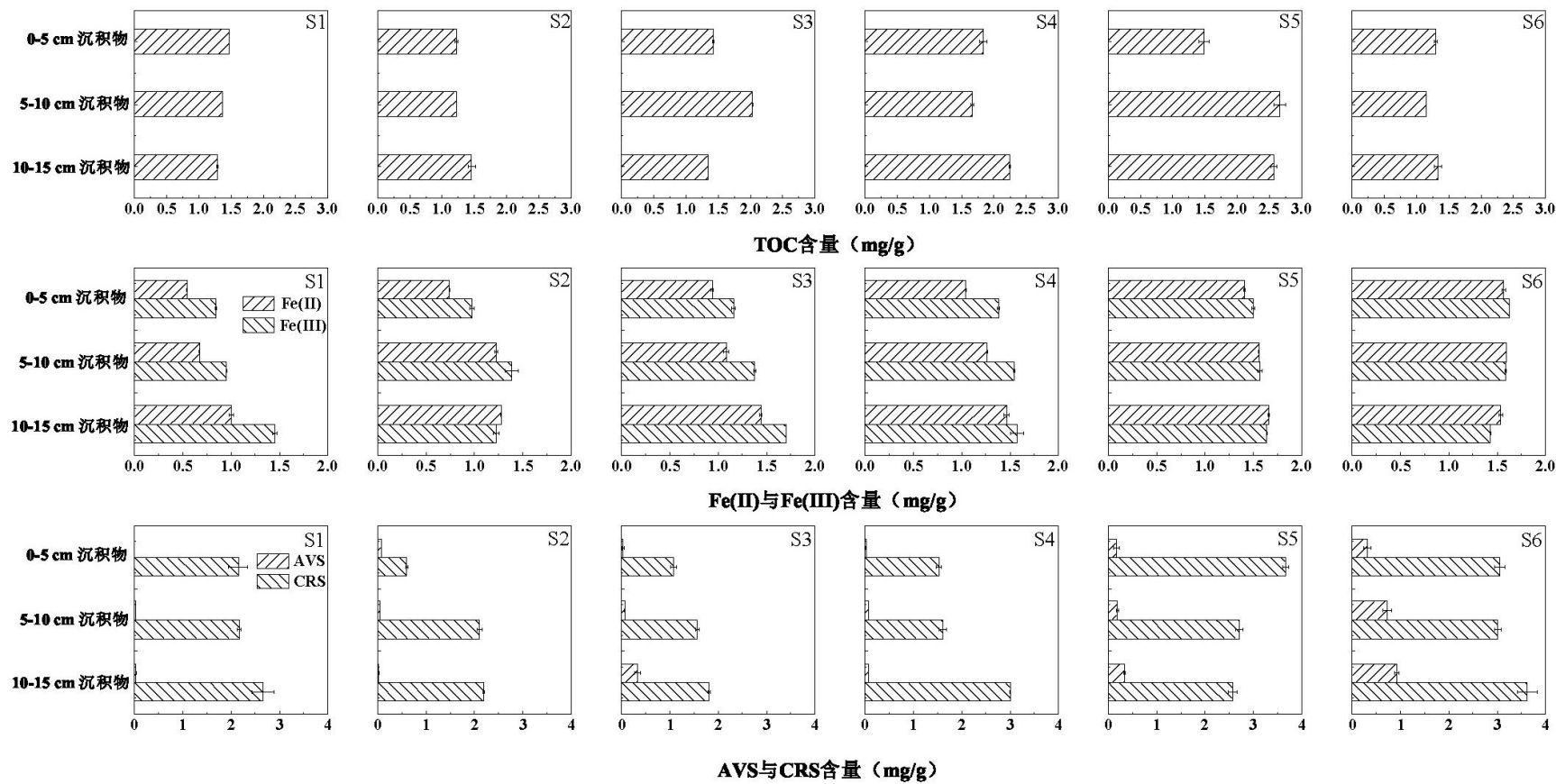
附图 I 不同深度上覆水中叶绿素浓度

Attached Fig.I Distribution of Chlorophyll-a concentration in the overlying water at different depth



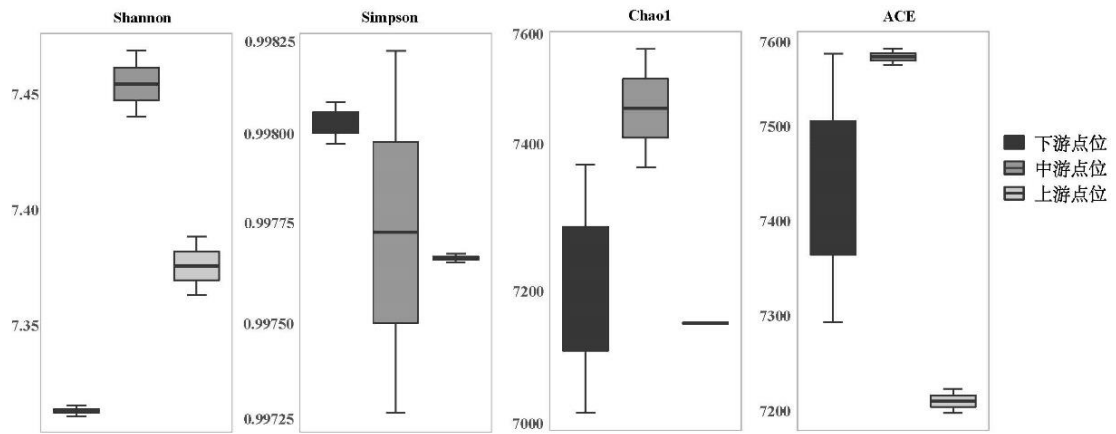
附图 II 上覆水与间隙水理化指标剖面特征

Attached Fig.II Profiles of physicochemical parameters in overlying water and pore-water



附图 III 表层沉积物理化指标剖面特征

Attached Fig.III Profiles of physicochemical parameters in surface sediments



附图 IV 微生物群落 α 多样性指数

Attached Fig.IV Alpha diversity parameters of microbial community