

折远洋,王 鹏,丁明军,等.水文连通性对鄱阳湖碟形湖微生物群落结构的影响 [J]. 中国环境科学, 2025,45(6):3256-3267.

She Y Y, Wang P, Ding M J, et al. Influence of hydrological connectivity on the microbial community structure in sub-lakes of Poyang Lake [J]. China Environmental Science, 2025,45(6):3256-3267.

## 水文连通性对鄱阳湖碟形湖微生物群落结构的影响

折远洋<sup>1,2</sup>,王 鹏<sup>1\*</sup>,丁明军<sup>1</sup>,张 华<sup>1</sup>,曾 欢<sup>1</sup>,聂明华<sup>1</sup>,黄高翔<sup>1</sup>(1.江西师范大学地理与环境学院,鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室,江西 南昌 330022; 2.陇南师范学院历史文化与旅游学院,甘肃 陇南 742500)

**摘要:** 在鄱阳湖典型湿地 10 个碟形湖进行水体细菌、沉积物细菌和真菌样品采集分析,构建了碟形湖水文连通性指标体系,以期定量分析水文连通性对微生物群落结构的影响程度.结果表明:水体细菌、沉积物细菌和真菌群落  $\alpha$  多样性在枯水初、中和后期存在显著差异,其中沉积物细菌和真菌群落枯水中期更高;随着水文连通性的升高,水体细菌  $\alpha$  多样性呈下降趋势,沉积物细菌和真菌在中水文连通性下  $\alpha$  多样性较高.水体细菌群落  $\beta$  多样性在不同时期差异更明显,沉积物细菌和真菌群落  $\beta$  多样性在空间上差异更明显.湖水面积比(WSP)和水深(WD)是影响水体细菌群落结构的主要水文连通性变量.湖盆高程(LE)和 WD 是影响沉积物细菌和真菌的主要水文连通性变量.水文连通性对水体细菌群落结构解释率(7.6%)低于对沉积物细菌和真菌群落结构解释率(分别为 33.3%和 29.7%),其中水文连通性与理化因子对水体细菌群落结构交互解释率为 2.4%,对沉积物细菌和真菌群落结构交互解释率分别为 9.7%和 6.2%.沉积物细菌和真菌分别以随机性和确定性过程主导,水体细菌受确定性和随机性共同主导.中等水文连通性碟形湖水体细菌群落随机性构建过程更强;沉积物细菌和真菌群落构建随着水文连通性的增强,随机性构建过程减弱.

**关键词:** 鄱阳湖; 水文连通性; 碟形湖; 细菌群落; 真菌群落

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2025)06-3256-12

**Influence of hydrological connectivity on the microbial community structure in sub-lakes of Poyang Lake.** SHE Yuan-yang<sup>1,2</sup>, WANG Peng<sup>1\*</sup>, DING Ming-jun<sup>1</sup>, ZHANG Hua<sup>1</sup>, ZENG Huan<sup>1</sup>, NIE Ming-hua<sup>1</sup>, HUANG Gao-xiang<sup>1</sup> (1.Key Laboratory of Poyang Lake Wetland and Watershed Research, Ministry of Education, School of Geography and Environment, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China; 2.School of History Culture and Tourism, Longnan Normal University, Longnan 742500, China). *China Environmental Science*, 2025,45(6): 3256-3267

**Abstract:** This study involved the collection and analysis of bacteria and fungi samples in water and sediment from ten typical sub-lakes of Poyang Lake. A hydrological connectivity index system for sub-lakes was established to quantitatively assess the effect of hydrological connectivity on microbial community structure. The results indicate significant differences in the  $\alpha$ -diversity of water bacteria, sediment bacteria, and fungal communities during different stages of the dry season, sediment bacteria and fungi showed higher  $\alpha$ -diversity during the mid-dry season. The difference in  $\beta$  diversity of water bacterial community was more obvious in different periods, and the  $\beta$  diversity of sediment bacterial and fungal communities showed spatial differences. With the increase of hydrological connectivity, the similarity of sediment bacterial and fungal communities was lower. The water area ratio (WSP) and water depth (WD) were the main hydrological connectivity variables affecting the water bacterial community structure. Lake basin elevation (LE) and WD were the main hydrological connectivity variables affecting sediment bacteria and fungi community structure. Hydrological connectivity explained less variation in water bacterial community structure (7.6%) compared to sediment bacteria (33.3%) and fungal (29.7%) community structures. The co-interpretation rate of hydrological connectivity and physicochemical factors on bacterial community structure in water was only 2.4%, and the co-interpretation rates of bacterial and fungal community structure in sediments were 9.7% and 6.2%, respectively. Sediment bacterial and fungal communities were predominantly shaped by stochastic and deterministic processes, respectively, while both processes jointly influenced water bacterial communities. Under moderate hydrological connectivity, water bacterial communities showed stronger stochastic processes, whereas as connectivity increased, stochastic processes in sediment bacteria and fungi weakened.

**Key words:** Poyang Lake; hydrological connectivity; sub-lakes; bacterial community; fungal community

洪泛平原是一种因其与河湖连通而存在季节性淹没现象的湿地,具有生物多样性和生产力高的特点,其生态系统在维持独特物种和水生生物的高度生物多样性方面发挥着重要作用<sup>[1]</sup>.微生物在水生

系统生物地球化学循环、污染物的生物转化和温

收稿日期: 2024-11-04

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(42167013)

\* 责任作者, 教授, wangpengju@jxnu.edu.cn

室气体排放等关键过程中发挥着关键作用<sup>[2]</sup>.了解微生物群落的结构和构建过程仍然是水生微生物生态学研究重点之一<sup>[3]</sup>.目前普遍认为扩散过程(源-汇动力学)和环境选择(物种分选)共同作用,塑造了微生物群落结构,但每种机制的相对重要性可能会随着时间的推移在系统中发生巨大变化.外源输入角度来看水体微生物主要来自降雨、地下水和沉积物<sup>[4]</sup>,沉积物微生物是通过长期积累、沉积和侵蚀而形成的<sup>[5]</sup>.沉积物和水体微生物群落多样性、组成和构建机制存在差异<sup>[6]</sup>.微生物群落结构和构建机制可能受到局地环境(包括生物物质、水文条件和理化因子)、生物因素和空间扩散等影响<sup>[7-8]</sup>.细菌和真菌群落是微生物的重要部分,具有高度多样性和极其多样化的酶库,在物质循环、污染物降解、水体自净、有机物分解、营养循环过程和维护生态系统稳定等方面起着基础和关键作用<sup>[9]</sup>.

水文连通性指以水为介质的物质、能量及生物在水文循环各要素内或各要素之间进行传输的过程.研究表明湿地栖息地的生态可持续性直接与河道和洪泛区之间持续的横向水文连通程度有关<sup>[10]</sup>.完整的水文连通能够促进营养物质及能量的循环,并通过影响湿地重要环境因子来影响生物行为,进而影响湿地生物群落结构<sup>[11]</sup>.水文连通性的降低通常意味着湿地生态功能的退化及内部能量流动和养分循环的扰乱<sup>[12]</sup>.随着气候和人类活动的干扰,全球湿地面积减少、枯水期时间延长及水体间交互减弱等问题日益严重,对生态环境造成一定影响<sup>[13-14]</sup>.不同研究区水文连通性量化存在一定差异,以往研究在洪泛区将连通天数、与河流的距离、连通时洪水水位<sup>[15-16]</sup>、洪水持续时间、洪水强度<sup>[17]</sup>、整体连通指数、可能连通指数<sup>[18]</sup>、连通功能、水域面积<sup>[19]</sup>等指标进行了时空水文连通性量化,但存在量化指标单一的问题.

碟形湖是指在洪泛平原区受自然和人类活动影响形成特殊湖中湖自然景观.碟形湖在枯水期季节显现于洲滩之中的碟形洼地,在丰水期,随着水位的上升,碟形湖融入主湖,是季节性呈现的子湖泊<sup>[20]</sup>.碟形湖泊虽然表面积小、水期短,但具有较高的生物多样性和重要的生态功能,同时又是越冬候鸟优越的栖息地,一直受到学者的广泛关注<sup>[21-22]</sup>.然而目前对碟形湖水文连通性仍然缺乏较全面量化体系,水

文连通性对碟形湖水体和沉积物微生物群落结构的定量影响程度仍然不清楚<sup>[23]</sup>.

鄱阳湖是中国最大的淡水湖泊,水位变化受入湖河流和长江来水的双重影响,在枯水期,随着水位的下降,鄱阳湖形成许多碟形湖,丰水期这些碟形湖又会与主湖区融为一体,形成周期性的变化特征<sup>[11]</sup>.这种水情动态变化的鄱阳湖碟形湖为研究水文连通性对碟形湖微生物群落结构影响提供理想的研究场所.本研究依据鄱阳湖碟形湖水文特征,构建了洪泛平原碟形湖水文连通性体系,定量分析水文连通性对碟形湖水体细菌、沉积物细菌和真菌结构影响程度.

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况与采样方法

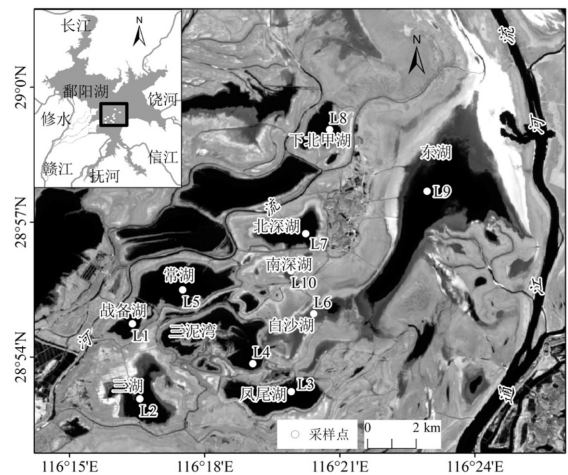


图1 研究区概况及样点位置

Fig.1 Location of the sampling sites in the study area  
底图为 2023 年 12 月 29 日 Landsat 8 影像

鄱阳湖位于长江中游南岸、江西省北部,承纳赣江、抚河、信江、饶河和修河五大水系及博阳河等支流来水,由湖口注入长江,是中国最大的淡水湖泊湿地生态系统,也是典型的洪泛平原湿地.鄱阳湖流域属于亚热带湿润季风气候区,年平均气温为 17.1℃,年降雨量为 1630mm.作为典型的季节性湖泊,鄱阳湖受降水季节性变化的影响显著,每年 4~9 月为丰水期,10 月~翌年 3 月为枯水期<sup>[11]</sup>.鄱阳湖南矶湿地国家级自然保护区位于鄱阳湖主湖区的西南部,是由赣江、抚河与鄱阳湖交汇水流冲击形成的三角洲洪泛区,主要由岛屿(南山岛、矾山岛)、湖泊(碟

形湖)及草洲等构成,在湿地的周围无大面积的污染,且人口分布稀疏,呈现生物丰富多样性及独特的自然景观.本研究在该区域战备湖(L1)、三湖(L2)、凤尾湖(L3)、三泥湾(L4)、常湖(L5)、白沙湖(L6)、北深湖(L7)、下北甲湖(L8)、东湖(L9)和南深湖(L10)共 10 个碟形湖进行采样分析(图 1).

## 1.2 研究方案与微生物数据提取

### 1.2.1 样品采集及理化因子测定

本研究于枯水初期(2023 年 10 月下旬)、枯水中期(2024 年 1 月上旬)和枯水后期(2024 年 3 月上旬)选取鄱阳湖南矶山 10 个碟形湖进行样品采集(图 1).收集了每个碟形湖湖心处表层水体和沉积物样品,每次采样前 3d 无明显降水,并在 3d 内完成野外采样工作.采样前使用蒸馏水清洗采样所需聚乙烯瓶及采水器,采样过程中用湖水润洗,在各采样点取水样 3 次混合,代表该点的水体样品,采样深度在水面以下 0~50cm,记录各采样点精确经纬度信息和水深(WD).使用便携式水质分析仪(HI9828,HANNA,Italy)现场测定水体 pH 值、WT、溶解氧(DO)、电导率(EC)样品编号后保温箱装冰袋低温存放带回实验室,用于水化学指标分析的水样经 0.45 $\mu\text{m}$  孔径滤膜过滤后,使用全自动间断分析仪(Smartchem 200Brookfield,美国)测定铵态氮( $\text{NH}_4^+\text{-N}$ ),使用分光光度计测定总氮(TN)和总磷(TP)含量,ICS-600 离子色谱仪测定水体  $\text{NO}_3^-$ 、 $\text{Cl}^-$  和  $\text{SO}_4^{2-}$  含量,采用 TOC 分析仪(ShimadzuTOC-LCPH)测定水体总有机碳(DOC)含量.用于 DNA 提取的水样(1L)通过 0.22 $\mu\text{m}$  孔径滤膜进行过滤,预处理时间为 24h 内完成.用采泥器收集对应点沉积物,每个样品取表层 0~20cm 沉积物 0.5kg 左右,在样点周围收集 3 次混合,用聚乙烯塑封袋进行编号,然后带回实验室.及时对沉积物样品进行处理,一部分储存在  $-80^\circ\text{C}$  的冰箱中,在 PCR 扩增和高通量测序中应用;一份保存在  $4^\circ\text{C}$  冰箱中,用于测定沉积物氨态氮( $\text{SNH}_4^+\text{-N}$ )、硝态氮( $\text{SNO}_3^-\text{-N}$ )、含水率(SWC)和干物质含量(DMC);另一部分使用真空冷冻干燥机冷冻干燥 48h 后,研磨过筛(10 目、20 目和 100 目)保存,用于测定沉积物的 pH 值(SpH)、电导率(SEC)、总氮(STN)、总有机碳(STOC)和沉积物机械组成(黏粒(Clay)、粉砂(Slit)和砂粒(Sand))等理化指标.沉积物样品每个碟形湖收集 3 个平行样,枯水初期、中期的南深湖以及枯水中期的白沙湖无湖水,最终共收集

了 27 个水体和 90 个沉积物样品.每个碟形湖沉积物理化性质用相应的 3 个平行样均值所得.根据洪泛平原栖息地,微生物群落可分为水体(浮游)和沉积微生物.以往研究表明水体中真菌群落丰度相当较低<sup>[24-25]</sup>,因此本研究分析了水体细菌、沉积物细菌和真菌群落结构.

### 1.2.2 DNA 提取与高通量测序

采用 E.Z.N.A.®Soil DNA Kit(Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.)提取基因组 DNA,然后利用 1%琼脂糖凝胶电泳和 Thermo Scientific NanoDrop ND2000 分光光度法测定抽提的基因组 DNA.对细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区片段进行 PCR 扩增,引物序列为 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3').真菌 ITS 区进行 PCR 扩增,引物序列为 ITS1F(5'-CTTGGTC-ATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R(5'-GCTGCG-TTCTTCATCGATGC-3').扩增条件为:  $95^\circ\text{C}$  预变性 3min;  $95^\circ\text{C}$  变性 30s,  $55^\circ\text{C}$  退火 30s,  $72^\circ\text{C}$  延伸 30s, 25 个循环;循环结束后  $72^\circ\text{C}$  最终延伸 10min.每个样本 3 个重复并进行混合以降低在 DNA 提取过程中实验操作产生的误差,然后用 2%琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物,混合后用 Tris\_HCl 洗脱,最后用 2%琼脂糖电泳检测.参照电泳初步定量结果,将 PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公司)进行检测定量,将样品的 PCR 扩增物均一化至 10nmol/L 后等体积混合.使用基于完整标准管道的分裂性放大器去噪算法 2(DADA 2)R 包进行原始读段的过滤(去除未知的核苷和碱基序列)、去复制、去噪、合并和嵌入体去除.输出扩增子序列变异(ASV)及其丰度,并利用 QIIME2 软件建立 ASV 丰度表.利用 SILVA 数据库,对 ASV 进行了分类<sup>[26]</sup>.测序在上海美吉生物医药科技有限公司 Illumina MiSeq PE300 平台进行,原始数据上传至 National Center for Biotechnology Information(序列号: PRJNA1162439、PRJNA1162473 和 PRJNA1162452).

## 1.3 水文连通性数据来源及指标体系

丰水年、平水年和枯水年对鄱阳湖水文连通性均有较大影响,结合鄱阳湖流域降水特征,采样前 5a(2019~2023 年)降水量基本可以代表多年平均降水量.另外该地区常年多云多雨,光学影像易受干扰,

因此选择 2018 年 10 月~2024 年 3 月 Sentinel-1 雷达影像(空间分辨率 10m)作为本研究遥感数据源.采用 Google Earth Engine(GEE)对影像进行处理(数据来源于 ESA 欧空局数据分发网站 <https://scihub.copernicus.eu/>),共收集 255 景遥感影像.在 GEE 中进行了重采样、剪裁等处理,然后利于水体指数法对研究区进行水体和非水体分类.

基于以往研究对水文连通性量化,结合鄱阳湖碟形湖水文特征,用遥感法和图论法等选用 10 个水文连通性指标进行该地区水文连通性体系构建(表 1).该区域碟形湖属于浅水湖泊,受气候和周边来水影响,不同湖泊水面积变化幅度较大,因此本研究将湖水面积变差(WAC)纳入水文连通性指标体系.利用遥感影像水体和非水体分类计算 WAS、DR、

CFre、FT、WAM、WAC 和 WSP.LE 用 ArcGIS 10.7 软件通过 1:10000 高精度鄱阳湖 DEM 提取.根据景观连通度原理,利用 ArcGIS 10.7 软件,计算水文连通性指数所需的输入文件,包括节点文件(水体斑块)、连接文件(以欧几里得距离所描述的一对节点之间的连接),将文件以表的形式输出.使用 Conefor Sensinode 2.6 软件计算连通性指数,计算时需要确定斑块连通的阈值距离(本研究距离选择 6000m).选择可能连通性指数(PC)对南矶山湿地采样期水文连通性动态进行评价,采用斑块重要性指数(dPC)识别量化不同碟形湖的生态景观重要性<sup>[27]</sup>.其中,CFre、FT、WAM、WAC、WSP 与时间尺度有关,WAS、DR 和 dPC 根据采样前后两期遥感影像时间加权计算而得.

表 1 鄱阳湖碟形湖水文连通性指标体系

Table 1 Indicator system of hydrological connectivity in sub-lakes of Poyang Lake

名称	单位	描述	计算方法	参考文献
连通频率 CFre*	%	与主湖(通江水体)连通,有利于物质和能量交换,频次越高,水文连通性越强	$CFre = \frac{\text{与通江水体连通景数}m}{\text{总影像景数}N}$	[15]
距河流最近距离 DR#	km	离河流越近湖泊,越有利于水体交换,水文连通性越强.通过通江水(主湖)、主河流、次级河流加权所得	数据提取和空间分析	[16]
可能连通性指数 dPC#	-	基于景观生态理论,将斑块面积,数量和路径等综合计算,值越高,表明连通性越强	$PC = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n \frac{a_i \cdot a_j \cdot P_{ij}^*}{A_i^2}$ $dPC = \frac{PC - PC_{\text{movc}}}{PC}$	[18,27]
湖盆高程 LE	m	湖盆平均高程越低有利于地下水间水体交换,水文连通性则越强	1:10000 高精度 DEM 提取	[28]
湖水深度 WD	m	改变湿生植被形态改变,外来物种入侵,群落演替,透明度等,越深表征水文连通性越强	采样时原位实测	[16,29]
湖泊面积(采样时/ 多年平均) WAS*/WAM*	km <sup>2</sup>	湖泊面积越大,越有利于将更大范围物质和能力交换,水文连通性越高	WAS 遥感面积统计 $WAM = \frac{\sum_{i=1}^N S_i}{N}$	[30]
湖水面积比 WSP*	%	表征采样时湖泊干枯情况	$WSP = \frac{\text{采样时湖水面积}S}{\text{多年湖水平均面积}WAM}$	[31]
湖水面积变差 WAC*	-	表征多年湖水面积变化情况,湖泊面积变化越小,交换能力更稳定	$WAC = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (S_i - WAM)^2}{N - 1}}$	
湖心淹没时间比 FT*	%	部分碟形湖存在枯水期湖心无水,利用该指标表征整体碟形湖干枯情况	$FT = \frac{\text{湖心有水影像数}w}{\text{总影像景数}N}$	[17]

注: \*表示指标存在时间尺度差异; #表示指标用采样前后两期影像时间加权计算.

将近 5a(2019~2023 年)影像分为采样前 6、12、24、36、48 和 60 个月 6 个时间尺度范围,利用 bioenv 和微生物数据分析表明 36 个月时间尺度基本可以代表最佳时间尺度,因此本研究后续中基于 36 个月时间尺度水文连通性指标进行分析.为了综合评估不同碟形湖水文连通性,首先对水文连通性进行了正向和逆向标准化,利用主成分分析(PCA)确定各指标客观权重计算碟形湖水文连通性指数(HCI),采用

K-Means 方法将 HCI 分类.

#### 1.4 统计分析

为避免各样品微生物量的差异,按最小样本序列数进行样本序列抽平,得到标准化数据用于后续统计分析.分析前对环境因子进行正态性检验和标准化处理,然后利用 vif.cca 函数计算环境因子间膨胀因子(VIF),选择 VIF 小于 15 且相关性小于 0.8 的环境因子进行后续统计分析.用 t 检验来分析不同水

期水体理化指标的特征差异,采用独立样本 Wilcoxon 秩和检验分析不同时期细菌和真菌群落的  $\alpha$  多样性差异.基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析(PCoA)分析群落结构的  $\beta$  多样性差异,并进行 PerMANOVA 分析确定分组的差异显著性.采用 Bioenv 分析确定与微生物群落变化相关性最高的环境变量子集,并通过 Mantel 分析来检验相关性是否显著.冗余分析(RDA)或典范对应分析(CCA)量化水文连通性、理化性质及微生物群落间的影响.基于距离的方差分解(db-VPA)量化水文连通性与理化性质对微生物群落结构的解释率.通过零模型探究微生物群落的构建机制,计算归一化随机比(MST)<sup>[32]</sup>,MST 值范围为 0~1,当 MST<0.5,确定性过程主导,MST>0.5,随机性过程主导.以上分析在 R 语言(R4.4.1)进行.

## 2 结果与分析

### 2.1 碟形湖水文连通性构建和理化特征

水文连通性指标在空间上表现为东湖的 LE 最低,战备湖最高,凤尾湖的 WD、WSP 以及东湖的 WAS、dPC、CFre、WAM 均为最高.不同采样时期 DR 呈现枯水中期>枯水初期>枯水后期,其余指标在个别点上有显著差异(图 2(a)).水体理化因子中 WT、EC、DOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{Cl}^-$  和  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  在枯水初、中和后期差异显著,WT、EC 和  $\text{Cl}^-$  呈现枯水初期较高, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$  在枯水后期较高,DOC 呈现枯水中期>枯水初期>枯水后期(图 2 (b)).沉积物理化性质在时间上差异不显著,而空间上凤尾湖的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$  较高,战备湖的 EC 在枯水后期较高以及常湖在枯水初期砂粒含量较高(图 2 (c)).

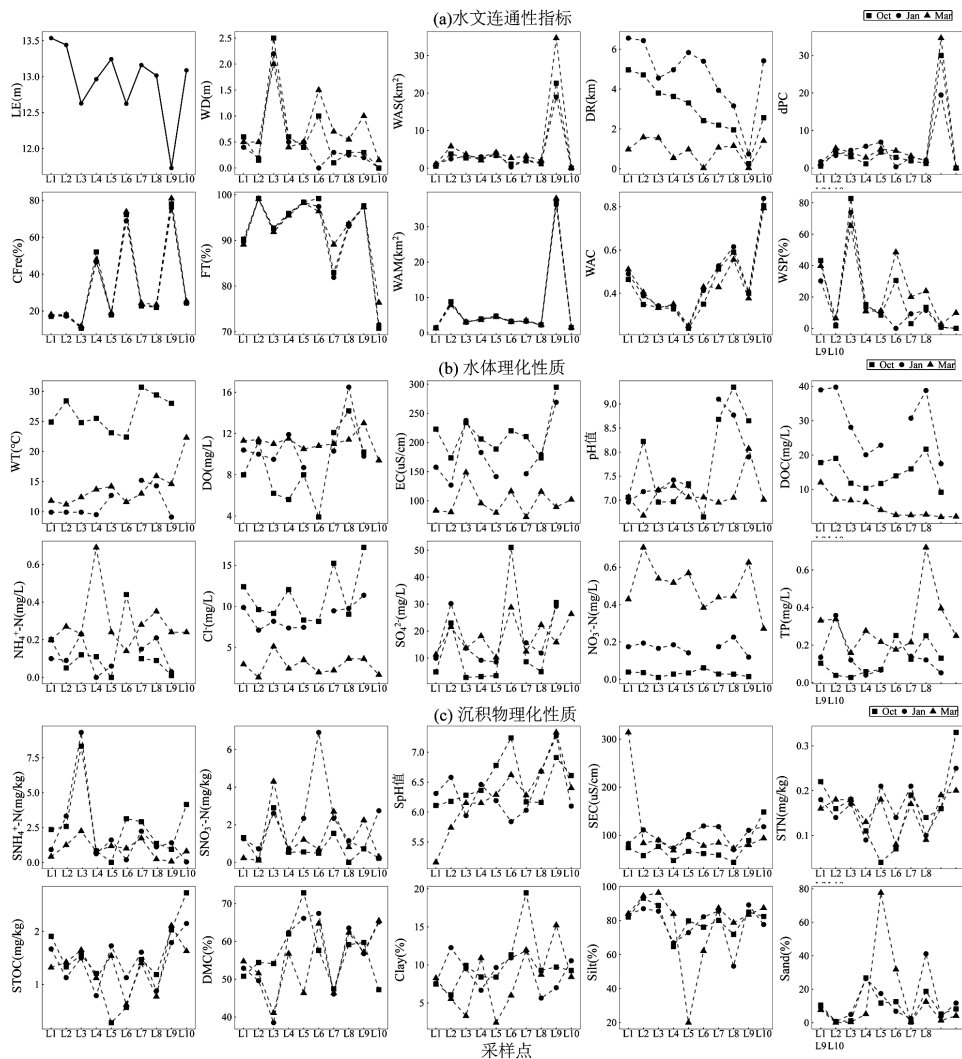


图 2 碟形湖水文连通性指标与水体和沉积物理化性质

Fig.2 Hydrological connectivity index and physicochemical properties of water and sediment

碟形湖水文连通性(HCI)呈现枯水后期>枯水初期>枯水中期的变化规律,空间上东湖水文连通性最高,其次为白沙湖,南深湖水文连通性最低.利用 k 均值聚类方法,将 3 次采样的 10 个碟形湖水文连通性分为 3 类,即低水文连通性(8 个)、中水文连通性(12 个)和高水文连通性(10 个)(图 3).RDA 分析表明

水体理化性质枯水初期和中期差异较小,枯水后期与初期和中期差异较大,沉积物理化性质枯水初期、中期和后期差异较小.水文连通性分别解释了 53.71%和 44.22%的水体和沉积物理化性质.DR 是影响水体理化的最显著变量,WD 和 FT 是影响沉积物理化性质的最显著变量(图 3).

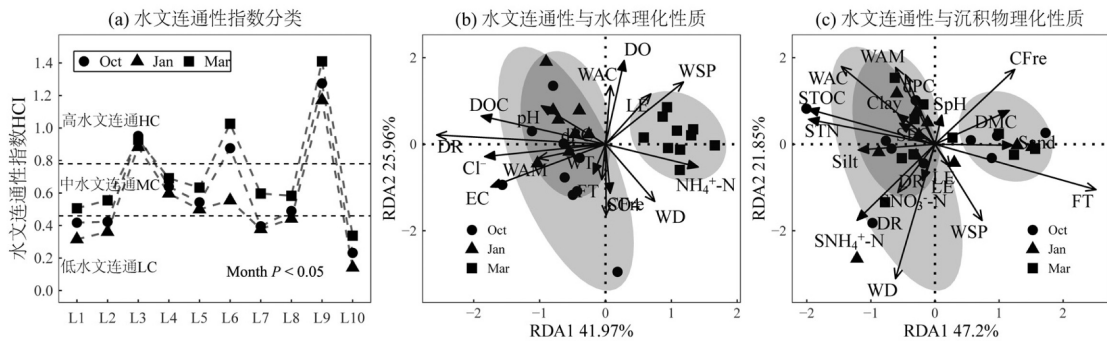


图 3 碟形湖水文连通性分类及其对理化性质的影响

Fig.3 The classification of hydrological connectivity index and its impact on the physicochemical of water and sediment

椭圆表示各组样点 95%置信区间

2.2 微生物群落多样性结构特征

由图 4 可知,沉积物细菌 Shannon 多样性枯水中期显著高于枯水初期和后期( $P < 0.05$ ),水体细菌和

沉积物真菌 Shannon 多样性枯水初、中和后期差异并不显著.不同水文连通性间 Shannon 多样性均不显著.

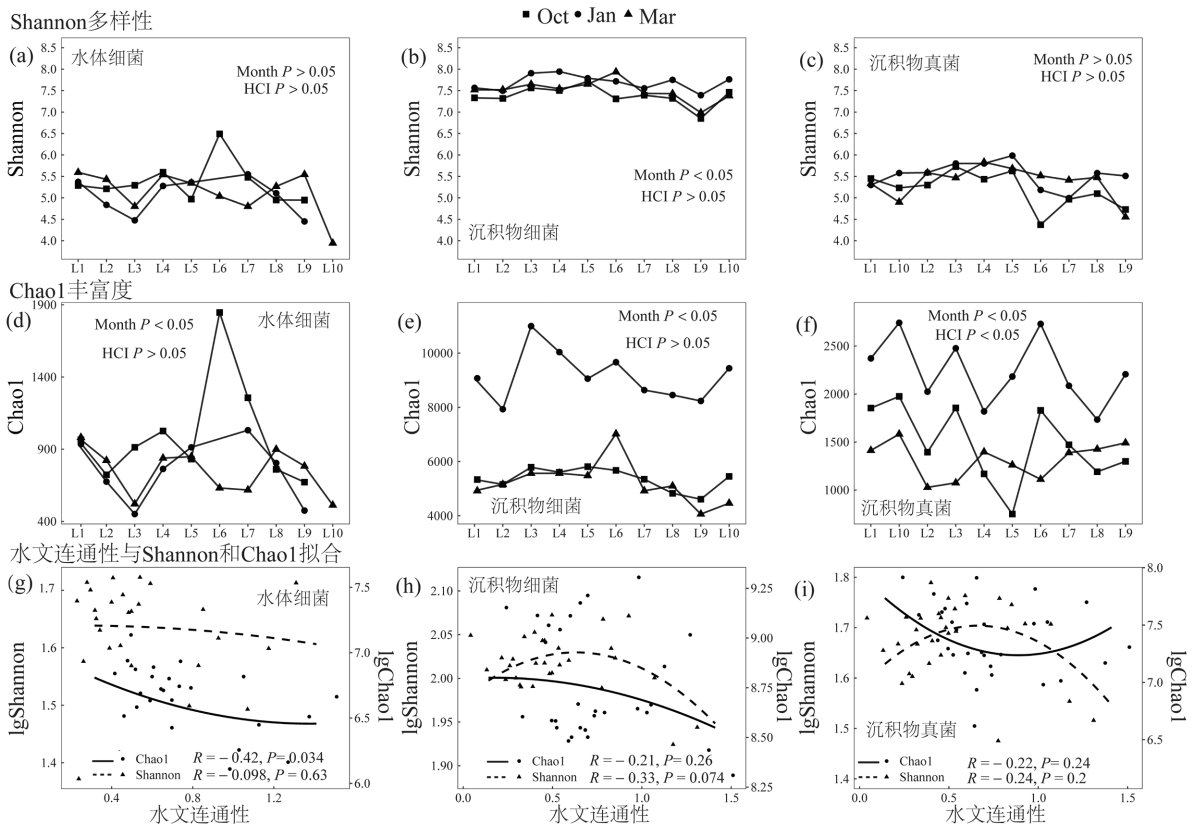


图 4 微生物群落  $\alpha$  多样性及其与水文连通性拟合关系

Fig.4 Microbial community  $\alpha$ -diversity and its fitting relationship with hydrological connectivity

水体细菌 Chao1 丰富度指数枯水初期显著高于后期,沉积物细菌和真菌 Chao1 丰富度指数均是枯水中期显著高于其余两个时期( $P < 0.05$ ).不同水文连通性间沉积物真菌 Chao1 丰富度指数枯水初期显著高于枯水中期和后期( $P < 0.05$ ),水体细菌和沉积物细菌不同水文连通性间差异不显著.总体来看,Shannon 多样性和 Chao1 丰富度指数与水文连通性呈负相关关系( $R < 0$ ),但仅水体细菌 Chao1 丰富度指数与水文连通性相关性通过了相关性检验( $P < 0.05$ ).随着水文连通性的升高,沉积物细菌和真菌 Shannon 多样性指数有先上升后下降趋势,而沉积物真菌 Chao1 丰富度指数表现为先下降后上升趋势.

由图 5 可知,碟形湖水体细菌群落结构枯水初期与枯水中后期有较明显的差异( $P < 0.01$ ),枯水中

期和枯水后期细菌群落结构相似.空间上,枯水初期水体细菌群落结构形成了两组聚类.碟形湖沉积物细菌和真菌月份间差异均不显著,而不同水文连通性间群落结构表现出显著差异( $P < 0.01$ ).除水体细菌枯水后期距离衰减模式不明显外,其余均表现距离衰减模式.沉积物细菌的相似性要高于水体细菌和沉积物真菌.沉积物细菌和真菌在枯水初期距离衰减未通过显著性检验( $P > 0.05$ ).水体细菌结构在中水文连通性碟形湖群落相似性显著高于低水文连通性和高水文连通性.沉积物细菌和真菌群落结构随着水文连通性升高,相似性并未显著增强.而是表现为低水文连通性碟形湖沉积物细菌和真菌相似性显著高于中高水文连通性碟形湖.

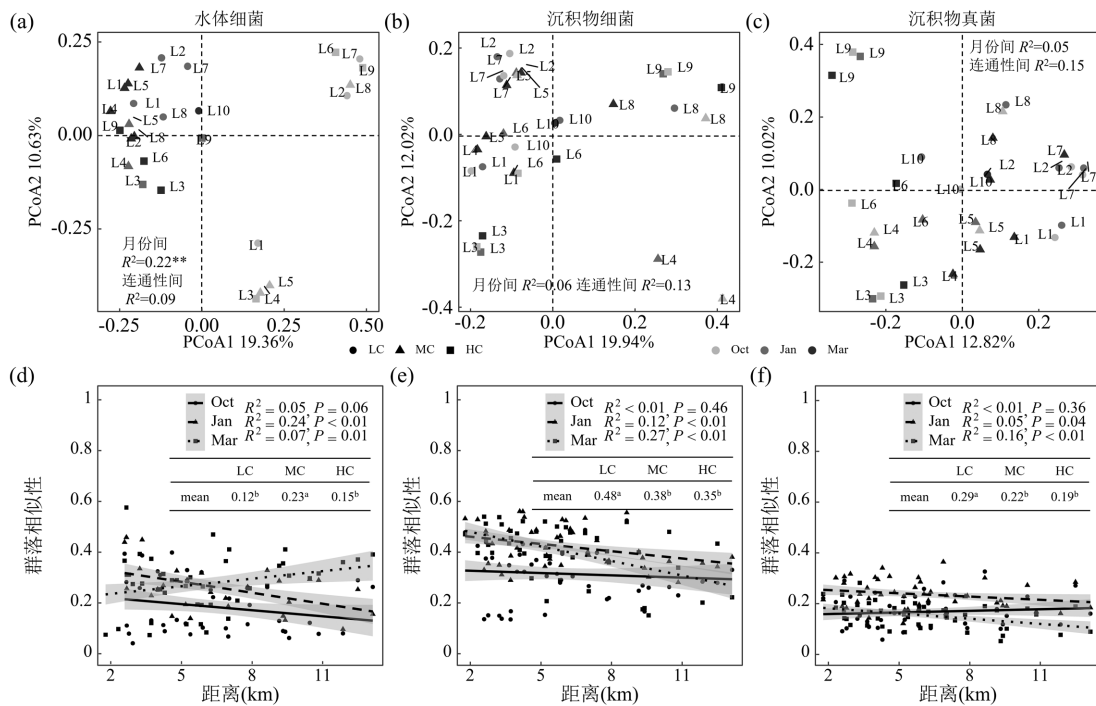


图 5 水体细菌、沉积物细菌和真菌群落  $\beta$  多样性分析

Fig.5 The  $\beta$ -diversity analysis of bacterial and fungal communities in water and sediment

不同小写字母(a,b)表示显著性差异(LSD 检验, $P < 0.05$ )

### 2.3 微生物群落结构与水文连通性和理化因子关系

研究表明水文连通性和理化因子第一/二主轴分别解释了水体细菌、沉积物细菌和沉积物真菌群落结构的 17.64%/14.93%、19.36%/16.94% 和 16.76%/15.97%(图 6).水文连通性对水体细菌群落结构影响不显著( $P > 0.05$ ),对沉积物细菌和真菌群

落结构均有显著的影响( $P < 0.05$ ).WSP、WD 和 WAC 与碟形湖水体细菌群落结构显著相关.LE、WD、DR、dPC 和 CFre 是影响沉积物细菌和真菌群落结构的主要水文连通性变量( $P < 0.05$ ).理化因子中 WT、CI 和 EC 是影响水体细菌群落结构的主要理化因子, $\text{SNH}_4^+\text{-N}$ 、SpH 和 DMC 是影响碟形湖沉积物细菌和真菌群落结构的主要理化因子( $P < 0.05$ ).

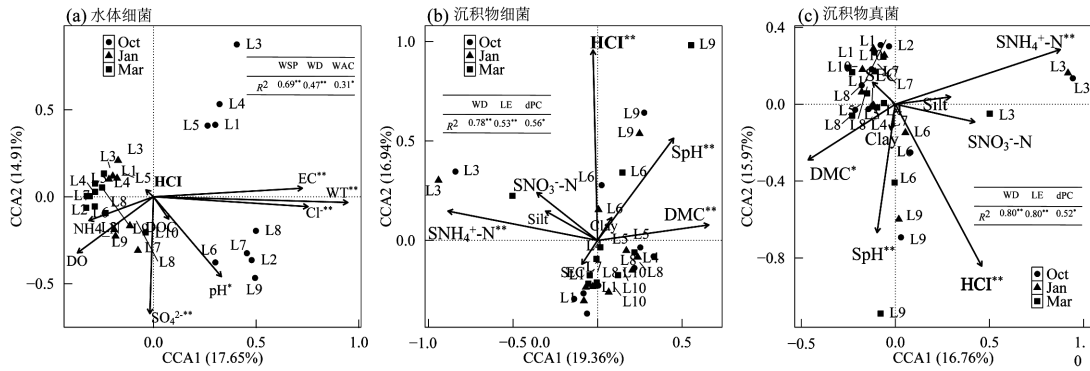


图 6 水体细菌、沉积物细菌和真菌群落结构与环境因子典范对应分析

Fig.6 Canonical correspondence analysis of microbial community structure and environmental factors

表 2 微生物群落结构的方差分解分析

Table 2 Results of the variance partitioning of the microbial community structure

参数	水体细菌(%)	沉积物细菌(%)	沉积物真菌(%)
理化因子	24.9	7.7	9.8
水文连通性	5.2	23.6	23.5
交互影响	2.4	9.7	6.2
残差	67.5	59.0	60.5

水文连通性对水体细菌群落结构解释率要比理化因子解释能力低(5.2%),其中理化因子独立解释了细菌群落结构的 24.9%,水文连通性与理化因子交互解释了 2.4%。水文连通性对沉积物细菌和真菌群落结构解释率要高于理化因子,分别解释了沉积物细菌和真菌群落结构的 23.6%和 23.5%,其水文连通性与理化因子交互分别解释了 9.7%和 6.2%。水文连通性和理化因子对碟形湖水体细菌、沉积物细菌和真菌群落结构分别总体解释了 32.5%、41.0%和 40.5%,存在较大部分群落结构未被解释(表 2)。

菌和真菌群落结构分别总体解释了 32.5%、41.0%和 40.5%,存在较大部分群落结构未被解释(表 2)。

### 2.4 微生物群落构建机制

水体细菌群落构建在不同时期存在差异,枯水初期以确定性主导(平均 MST<0.5),而枯水中期和枯水后期以随机性构建主导,与枯水初期存在显著性差异(P<0.05)(图 7)。水体细菌群落在低水文连通性和高水文连通性情况下以确定性主导,中水文连通性增强了其随机性构建过程。沉积物细菌群落构建以随机性主导(平均 MST>0.5),枯水中期和枯水后期的随机性构建显著高于枯水初期(P<0.05)。随着水文连通性的升高,随机性构建过程减弱,但构建机制仍以随机性构建主导,三者之间差异通过了显著性检验(P<0.05)。沉积物真菌群落构建以确定性主导(平均 MST<0.5),3 个月份间以及不同水文连通性间差异性不显著(P>0.05)(图 7)。

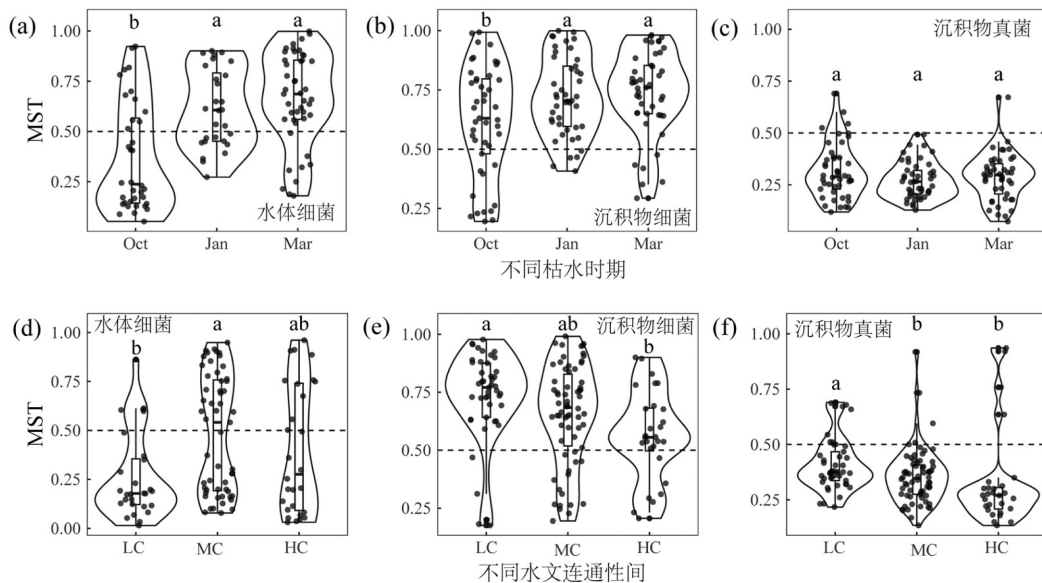


图 7 标准化随机率(MST)生态过程随机性判断

Fig.7 Modified stochasticity ratio of the microbial community assembly

### 3 讨论

#### 3.1 水文连通性对微生物群落 $\alpha$ 多样性的影响

本研究发现水体细菌 Shannon 多样性和 Chao1 丰富度指数与水文连通性呈负相关关系,随着水文连通性增强,沉积物细菌和真菌 Shannon 多样性先上升后下降.水文连通性在一定程度上会影响生物的生境,如水体、沉积物的理化性质和水量、流速等水文条件,生境的改变会对生物定居和迁移扩散等行为产生影响,进而改变生物群落的分布和生物多样性<sup>[33]</sup>.有关群落多样性随水文连通性变化的规律并不一致,一些研究认为随着水文连通性的降低,外源输入能力减弱, $\alpha$  多样性也随着降低<sup>[10,34]</sup>,也有研究表明随着水文连通性的升高,多样性并未呈现增加态势<sup>[35-36]</sup>.以往研究表明较深的水和低的透明度是影响物种丰度的主要因素之一<sup>[28,37]</sup>.本研究中高连通碟形湖(如东湖)海拔相对较低(图 2),在丰水期涨水后水深较高,阳光不易进入湖底,从而影响了生物群落的多样性<sup>[38]</sup>.随着水文连通性增加,不同水体间的交换频率加大,导致环境逐渐均质化(即物理、化学环境变得更相似),增加了外部物种的迁入几率,一些优势种通过水体流动传播到新环境中,对原生物种产生竞争排斥作用,减少原有的物种丰富度和多样性.自然水生栖息地之间的连通性增加可以使微生物群落同质化并减少微生物的多样性<sup>[39]</sup>.值得注意的是,凤尾湖在枯水初期 Shannon 多样性明显高于其余湖泊,虽然该湖水文连通性高,但离居民区较近,有部分生活用水进入(CI 相对较高),外源输入微生物增高了群落多样性,同时凤尾湖水体湖水面积变差较小,连通频率较低,导致水体交换能力差,自净能力弱,氮元素在湖泊中积累,长期较深的湖水造成氧气供应不足, $\text{NH}_4^+-\text{N}$  较难转化为硝态氮,使  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  在沉积物中累积(图 2),这种氮元素的积累为微生物提供充足的养分,致使这类湖泊  $\alpha$  多样性升高<sup>[40]</sup>.与此相反,南深湖是水文连通性最低的碟形湖,但该湖(枯水后期)水体细菌群落  $\alpha$  多样性是所有样点中最低的.丰水期过后该碟形湖退水最快,在枯水初期和中期均是无水状态,湖水面积变差最高,枯水后期随着降水量的逐渐增多逐渐聚集形成湖水,湖水滞留时间较短,与周边环境中微生物未完全融合生长<sup>[41-42]</sup>,因此该碟形湖水体细菌  $\alpha$  多样性是

最低的.沉积物细菌  $\alpha$  多样性要显著高于水体细菌,这与以往研究结果一致<sup>[43-44]</sup>.

#### 3.2 不同栖息地微生物结构对水文连通性的响应

本研究发现沉积物细菌和真菌群落表现出更显著的距离衰减模式,水体细菌群落在枯水后期的距离衰减模式不显著.枯水后期该地区已经有大量降水(更大的河湖水连通性),可增加水体群落细菌的传播交换速度<sup>[45]</sup>,而固体沉积物阻碍微生物传播,导致由于沉积环境的影响而建立当地特定分类群的可能性更大.这些结果凸显了扩散限制对沉积物微生物种群的相对控制<sup>[46]</sup>.水体细菌确定性和随机性共同构建,沉积物细菌主要以随机性构建为主,沉积物真菌以确定性构建主导.以往研究也表明细菌群落不同栖息地表现出各种各样的环境脆弱性和偏好<sup>[47]</sup>.生态位理论认为构成确定性过程包括环境筛选和生物间的相互作用,而随机过程是指由出生、死亡、移民或历史偶然事件引起的群落结构的随机变化<sup>[48]</sup>.一般来说,确定性构建过程对应于低营养条件,大的环境变化导致确定性构建<sup>[49]</sup>.随机性构建更有可能发生在物种丰富、产量高、干扰小或捕食小的小栖息地.由于某些功能的消除,确定性过程在低多样性群落中占主导地位,而随机过程在高多样性群落中占主导地位<sup>[50]</sup>.CCA 分析表明水文连通性对水体细菌群落结构的影响较小,而对沉积物细菌和真菌群落结构均有显著的影响( $P < 0.05$ ).VPA 结果进一步发现理化因子(24.9%)的水体细菌群落单独解释率要明显高于水文连通性(5.2%),水文连通性(23.6%和 23.5%)对沉积物细菌和真菌的解释率要高于理化因子(7.7%和 9.8%)(表 2),表明水体细菌群落结构主要受局地因素影响,而沉积物细菌和真菌更受扩散限制影响.Zhang 等<sup>[21]</sup>在鄱阳湖微生物群落结构研究中,得出理化因子对水体和沉积物细菌结构的解释率分别为 48.82%和 17.92%,本研究结果与其相似.沉积物中细菌和真菌构建机制也表现出差异,沉积物细菌群落的距离衰变斜坡比真菌更陡,表明细菌分类群的更替率比真菌快(图 5).这主要因为细菌和真菌对环境过滤和传播限制的不同反应,大多数真菌通过形成能够在寒冷和干旱等极端条件下生存的孢子来繁殖<sup>[51]</sup>.另外细菌和真菌的特征分别是单细胞生长和菌丝生长<sup>[52]</sup>,这会影响到它们的传播能力,因此细菌的扩散能力更强,沉积物细菌构

建随机性更强。

### 3.3 不同水文连通性条件下微生物群落构建机制

本研究还发现水体细菌群落在中等水文连通性比低水文连通性条件更受随机性构建影响( $P < 0.05$ ), 沉积物细菌和真菌群落构建随着水文连通性的增强确定性构建过程更强。环境(或生态位)变化被认为是生态组装过程的驱动力, 环境变化可以改变随机和确定性组装过程的强度<sup>[53]</sup>。栖息地连通性和规模、生产力、干扰、捕食和资源可用性也影响当地群落聚集中随机和确定性过程的相对重要性<sup>[54]</sup>。沉积物群落相似性随着水文连通性的升高, 群落相似性在下降, 水体不同水文连通性环境差异并不显著, 可能是扩散能力增强水体微生物随机构建的过程。WSP、WD 和 WAC 与碟形湖水体细菌群落结构显著相关。LE、WD、DR、dPC 和 CFre 是影响沉积物细菌和真菌群落结构的主要水文连通性变量。可以发现水体微生物主要受当时采样的水文连通性指标影响, 而长时间水文连通性指标(如 CFre)对沉积物细菌和真菌群落结构有显著影响。水体的流动性强于沉积物栖息地, 但本文发现水体细菌群落相似性要低于沉积物(图 5), 这也表明水体细菌变化较快, 沉积物细菌相对稳定。水体细菌在中等连通性情况下群落间相似性显著高于低和高水文连通性, 表明中等水文连通性情况下扩散能力更强, 增强了随机性构建过程, 使得群落结构更为相似。沉积物细菌和真菌随着水文连通性的增强, 群落间的相似性反而降低, 表明扩散限制通过增强确定性构建过程主导沉积物微生物构建。

## 4 结论

4.1 水文连通性对沉积物微生物结构的影响大于对水体微生物群落结构的影响。随着水文连通性升高, 水体细菌  $\alpha$  多样性呈下降趋势, 沉积物细菌和真菌  $\alpha$  多样性先上升后下降。水文连通性分别解释了沉积物细菌和真菌群落结构的 33.3% 和 29.7%, 解释了水体细菌群落结构的 5.2%。

4.2 沉积物和水体微生物受不同水文连通性指标的影响。水体细菌群落结构主要受湖水面比(WSP)和湖水深(WD)影响, 沉积物细菌和真菌群落结构主要受湖盆高程(LE)和湖水深(WD)影响。

4.3 水文连通性影响碟形湖微生物群落构建机制。

水体细菌群落在中等水文连通性碟形湖随机性过程更强, 高水文连通性碟形湖沉积物细菌与真菌群落构建过程中, 扩散限制增强了局地环境对群落构建产生的作用。水体细菌更多受物种分选影响, 沉积物细菌和真菌主要受扩散限制影响。

### 参考文献:

- [1] Liu X J, Min F Y, Kettner A J. The impact of large to extreme flood events on floodplain evolution of the middle and lower reaches of the Yangtze River, China [J]. *Catena*, 2019,176:394-409.
- [2] Cotner J B, Biddanda B A. Small players, large role: Microbial influence on biogeochemical processes in pelagic aquatic ecosystems [J]. *Ecosystems*, 2002,5(2):105-121.
- [3] Melo M L de, Bertilsson S, Amaral J H F, et al. Flood pulse regulation of bacterioplankton community composition in an Amazonian floodplain lake [J]. *Freshwater Biology*, 2019,64(1):108-120.
- [4] Han Z, Wang C, Lei B, et al. A limited overlap of interactions between the bacterial community of water and sediment in wetland ecosystem of the Yellow River floodplain [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023,14.
- [5] Du L, Wang R, Gao X, et al. Divergent responses of soil bacterial communities in erosion-deposition plots on the Loess Plateau [J]. *Geoderma*, 2020,358:113995.
- [6] Nevers M B, Byappanahalli M N, Nakatsu C H, et al. Interaction of bacterial communities and indicators of water quality in shoreline sand, sediment, and water of Lake Michigan [J]. *Water Research*, 2020,178:115671.
- [7] Menéndez-Serra M, Ontiveros V J, Cáliz J, et al. Understanding stochastic and deterministic assembly processes in microbial communities along temporal, spatial and environmental scales [J]. *Molecular Ecology*, 2023,32(7):1629-1638.
- [8] 折远洋, 王 鹏, 丁明军, 等. 鄱阳湖水系细菌群落结构特征及构建机制 [J]. *中国环境科学*, 2023,43(6):3129-3140.  
She Y Y, Wang P, Ding M J, et al. Structure and assembly processes of bacterial communities in Poyang Lake basin [J]. *China Environmental Science*, 2023,43(6):3129-3140.
- [9] de Menezes A B, Richardson A E, Thrall P H. Linking fungal-bacterial co-occurrences to soil ecosystem function [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017,37:135-141.
- [10] 董 芮, 王玉玉, 吕 偲, 等. 水文连通性对西洞庭湖大型底栖动物群落结构的影响 [J]. *生态学报*, 2020,40(22):8336-8346.  
Dong R, Wang Y Y, Lü C, et al. Effects of hydrological connectivity on the community structure of macrobenthos in West Dongting Lake [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020,40(22):8336-8346.
- [11] Li Y, Zhang Q, Cai Y, et al. Hydrodynamic investigation of surface hydrological connectivity and its effects on the water quality of seasonal lakes: Insights from a complex floodplain setting (Poyang Lake, China) [J]. *Science of The Total Environment*, 2019,660:245-259.
- [12] 陈 莉, 陈琳琳, 董志远, 等. 黄河三角洲典型潮沟系统水文连通性对大型底栖动物群落结构的影响 [J]. *生态学报*, 2023,43(22):9232-9246.

- Chen L, Chen L L, Dong Z Y, et al. Influence of hydrological connectivity of typical tidal creek system on macrobenthos community structure in the Yellow River Delta [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(22):9232–9246.
- [13] Pekel J F, Cottam A, Gorelick N, et al. High-resolution mapping of global surface water and its long-term changes [J]. *Nature*, 2016, 540(7633):418–422.
- [14] O'Mara K, Venarsky M, Stewart-Koster B, et al. Connectivity of fish communities in a tropical floodplain river system and predicted impacts of potential new dams [J]. *Science of The Total Environment*, 2021, 788:147785.
- [15] Van den Brink F W B, Van der Velde G, Wijnhoven S. Seasonal changes in caddis larvae assemblages in river-floodplain habitats along a hydrological connectivity gradient [J]. *Hydrobiologia*, 2013, 716(1):75–85.
- [16] Zilli F L, Marchese M R. Patterns in macroinvertebrate assemblages at different spatial scales. Implications of hydrological connectivity in a large floodplain river [J]. *Hydrobiologia*, 2011, 663(1):245–257.
- [17] Gallardo B, Gascón S, González-Sanchis M, et al. Modelling the response of floodplain aquatic assemblages across the lateral hydrological connectivity gradient [J]. *Marine and Freshwater Research*, 2009, 60(9):924.
- [18] Wei C, Wang X, Cai J, et al. A new framework combining hydrological connectivity metrics and morphological spatial pattern analysis for the hydrological connectivity evaluation of wetlands [J]. *Integrated Environmental Assessment and Management*, 2023, 19(4):1064–1078.
- [19] Chen K, Cong P, Qu L, et al. Identifying changes in the hydrological connectivity and their drivers in the Liaohe Delta wetland [J]. *Ocean & Coastal Management*, 2023, 242:106733.
- [20] 胡振鹏, 张祖芳, 刘以珍, 等. 碟形湖在鄱阳湖湿地生态系统的作用和意义 [J]. *江西水利科技*, 2015, 41(5):317–323.
- Hu Z P, Zhang Z F, Liu Y Z, et al. The function and significance of the Shallow-Lakes in the Poyang Lake wetland ecosystem [J]. *Jiangxi hydraulic science & technology*, 2015, 41(5):317–323.
- [21] Zhang L, Yuan L, Xiang J, et al. Response of the microbial community structure to the environmental factors during the extreme flood season in Poyang Lake, the largest freshwater lake in China [J]. *Frontiers In Microbiology*, 2024, 15:1362968.
- [22] 赖 胜, 杨慧林, 陈美玲, 等. 鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤微生物群落结构分析 [J]. *江西师范大学学报(自然科学版)*, 2023, 47(1):82–90.
- Lai S, Yang H L, Chen M L, et al. The analysis of microbial community structure in rhizosphere soil of *Carex* vegetation in Poyang Lake Nanji Wetland [J]. *Journal of Jiangxi Normal University (Natural Science)*, 2023, 47(1):82–90.
- [23] Wei G, Li M, Shi W, et al. Similar drivers but different effects lead to distinct ecological patterns of soil bacterial and archaeal communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 144:107759.
- [24] Chen M, He S, Li J, et al. Co-occurrence patterns between bacterial and fungal communities in response to a vegetation gradient in a freshwater wetland [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2019, 65(10):722–737.
- [25] 黄 伟, 王 鹏, 高鹏飞, 等. 南昌城市湖泊浮游微生物群落构建机制及影响因素 [J]. *环境科学学报*, 2023, 43(8):407–417.
- Huang Y, Wang P, Gao P F, et al. Mechanisms of planktonic microbial community assembly and influencing factors in Nanchang urban lakes [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2023, 43(8):407–417.
- [26] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41(D1):D590–D596.
- [27] 冯久格, 李谦维, 梁 晨, 等. 基于景观指数的黄河口湿地水文连通动态分析 [J]. *北京师范大学学报(自然科学版)*, 2021, 57(1):12–21.
- Feng J G, Li Q W, Liang C, et al. Landscape index analysis of hydrological connectivity dynamics in the Yellow River Delta [J]. *Journal of Beijing Normal University (Natural Science)*, 2021, 57(1):12–21.
- [28] O'Mara K, Venarsky M, Stewart-Koster B, et al. Hydrological connectivity and environment characteristics explain spatial variation in fish assemblages in a wet-dry tropical river [J]. *Hydrobiologia*, 2024, 851(21):5207–5221.
- [29] Chapin D M, Paige D K. Response of delta vegetation to water level changes in a regulated mountain lake, Washington State, USA [J]. *Wetlands*, 2013, 33(3):431–444.
- [30] Passalacqua P, Lanzoni S, Paola C, et al. Geomorphic signatures of deltaic processes and vegetation: The Ganges-Brahmaputra-Jamuna case study [J]. *Journal of Geophysical Research: Earth Surface*, 2013, 118(3):1838–1849.
- [31] 周天元, 王宇航, 文苑玉, 等. 三江源国家公园湿地水文连通性初步研究 [J]. *湿地科学*, 2020, 18(3):343–349.
- Zhou T Y, Wang Y H, Wen W Y, et al. A Preliminary study on hydrological connectivity of wetlands in three-river-source national park [J]. *Wetland Science*, 2020, 18(3):343–349.
- [32] Stegen J C, Lin X, Fredrickson J K, et al. Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them [J]. *The ISME Journal*, 2013, 7(11):2069–2079.
- [33] 崔保山, 蔡燕子, 谢 焱, 等. 湿地水文连通的生态效应研究进展及发展趋势 [J]. *北京师范大学学报(自然科学版)*, 2016, 52(6):738–746.
- Cui B S, Cai Y Z, Xie T, et al. Ecological effects of wetland hydrological connectivity: problems and prospects [J]. *Journal of Beijing Normal University (Natural Science)*, 2016, 52(6):738–746.
- [34] 解成杰, 谢 焱, 刘泽正, 等. 水文连通对湿地生物的影响 [J]. *环境生态学*, 2020, 2(1):26–34.
- Xie C J, Xie T, Liu Z Z, et al. Effects of hydrological connection on wetland organisms [J]. *Environmental Ecology*, 2020, 2(1):26–34.
- [35] Zhao G, Wang H, Li Y, et al. In-lake water turnover time shapes the distribution pattern of phytoplankton communities in a river-connected floodplain lake [J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 360:121157.
- [36] 王 倩, 崔 圆, 王 晨, 等. 基于浮游生物群落和水文连通的黄河三角洲湿地优先恢复节点筛选 [J]. *湿地科学*, 2019, 17(3):324–334.
- Wang Q, Cui Y, Wang C, et al. Screening of priority restoration nodes in wetlands in Yellow River Delta based on plankton community and hydrological connectivity [J]. *Wetland Science*, 2019, 17(3):324–334.
- [37] Cai Y, Xu H, Vilmi A, et al. Relative roles of spatial processes, natural factors and anthropogenic stressors in structuring a lake

- macroinvertebrate metacommunity [J]. *Science of The Total Environment*, 2017,601–602:1702–1711.
- [38] Cui Y, Chun S J, Baek S H, et al. The water depth-dependent co-occurrence patterns of marine bacteria in shallow and dynamic Southern Coast, Korea [J]. *Scientific Reports*, 2019,9(1):9176.
- [39] Yang N, Hou X, Li Y, et al. Inter-basin water diversion homogenizes microbial communities mainly through stochastic assembly processes [J]. *Environmental Research*, 2023,223:115473.
- [40] Zhang Y, Wang M, Cheng W, et al. Temporal and spatial variation characteristics and influencing factors of bacterial community in urban landscape lakes [J]. *Microbial Ecology*, 2023,86(4):2424–2435.
- [41] Lindström 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.
- [42] Ju F, Zhang T. Bacterial assembly and temporal dynamics in activated sludge of a full-scale municipal wastewater treatment plant [J]. *The ISME Journal*, 2015,9(3):683–695.
- [43] Zhang L, Zhao T, Wang Q, et al. Bacterial community composition in aquatic and sediment samples with spatiotemporal dynamics in large, shallow, eutrophic Lake Chaohu, China [J]. *Journal Of Freshwater Ecology*, 2019,34(1):575–589.
- [44] Jiao C, Zhao D, Zeng J, et al. Disentangling the seasonal co-occurrence patterns and ecological stochasticity of planktonic and benthic bacterial communities within multiple lakes [J]. *Science of The Total Environment*, 2020,740:140010.
- [45] Liu T, Zhang A N, Wang J, et al. Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River [J]. *Microbiome*, 2018,6(1):16.
- [46] Gao P, Wang P, Ding M, et al. A meta-analysis reveals that geographical factors drive the bacterial community variation in Chinese lakes [J]. *Environmental Research*, 2023,224:115561.
- [47] Zhang L, Delgado-Baquerizo M, Shi Y, et al. Co-existing water and sediment bacteria are driven by contrasting environmental factors across glacier-fed aquatic systems [J]. *Water Research*, 2021,198:117139.
- [48] Zhou J, Ning D. Stochastic community assembly: Does it matter in microbial ecology? [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017,81(4):e00002–17.
- [49] Yu Y, Wu M, Petropoulos E, et al. Responses of paddy soil bacterial community assembly to different long-term fertilizations in southeast China [J]. *Science of The Total Environment*, 2019,656:625–633.
- [50] Xun W, Li W, Xiong W, et al. Diversity-triggered deterministic bacterial assembly constrains community functions [J]. *Nature Communications*, 2019,10:3833.
- [51] McConnaughey M. *Physical Chemical Properties of Fungi* [M]. Reference Module in Biomedical Sciences, 2014:1–3.
- [52] Powell J R, Karunaratne S, Campbell C D, et al. Deterministic processes vary during community assembly for ecologically dissimilar taxa [J]. *Nature Communications*, 2015,6(1):8444.
- [53] Ferrenberg S, O'Neill S P, Knelman J E, et al. Changes in assembly processes in soil bacterial communities following a wildfire disturbance [J]. *The ISME Journal*, 2013,7(6):1102–1111.
- [54] Zhou J, Deng Y, Zhang P, et al. Stochasticity, succession, and environmental perturbations in a fluidic ecosystem [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014,111(9):E836–E845.

**作者简介:** 折远洋(1987-),男,甘肃陇南人,副教授,江西师范大学博士研究生,主要从事水环境与水生生态研究.发表论文 15 篇.yuanyshe@jncu.edu.cn.