

<https://doi.org/10.3799/dqkx.2021.217>



河水—地下水侧向交互带微生物群落分布特征及其 主控因子

朱子超¹, 刘 慧^{1,2*}, 毛胜军¹, 马奥兰¹, 李民敬¹

1. 中国地质大学环境学院, 湖北武汉 430078

2. 中国地质大学生物地质与环境地质国家重点实验室, 湖北武汉 430078

摘 要: 河水—地下水交互带独特的水文地球化过程会严重影响微生物群落分布, 研究该分布特性可为一系列生物地球化学循环提供新的认识. 以汉江下游侧向交互带沉积物为对象, 通过 16SrRNA 基因高通量测序分析交互带沉积物二维剖面中微生物群落多样性、物种组成及其与环境因子的关系. 研究表明: 以河水补给地下水为主流方向的剖面中微生物群落分布差异性较大; 交互带微生物多样性与 TOC、Mn 极显著负相关, 与 NH_4^+ 、As 显著负相关, 近河处水位线下方分布着微生物多样性高的区域, 富集氧化态的 NO_3^- 、Fe(III)、 SO_4^{2-} , 其中大量化能异养菌丰度下降, 聚磷酸盐、氨氧化和噬甲基相关功能微生物丰度升高; 而交互带边缘区域微生物多样性低, TOC、 NH_4^+ 、Mn 和 As 相对较高. 总之, 水流交互作用决定了交互带沉积物的 DO 和 TOC 的分布, 从而调控着其中微生物群落变化及多种元素的生物地球化学过程.

关键词: 河水—地下水交互带; 16SrRNA 基因高通量测序; 微生物群落; 环境因子; 冗余分析; 生物地球化学; 环境地质学.

中图分类号: P69

文章编号: 1000—2383(2023)10—3832—12

收稿日期: 2021—08—24

Distribution Characteristics of Microbial Communities in River-Groundwater Interaction Zone and Main Environmental Factors

Zhu Zichao¹, Liu Hui^{1,2*}, Mao Shengjun¹, Ma Aolan¹, Li Minjing¹

1. School of Environmental Studies, China University of Geosciences, Wuhan 430078, China

2. State Key Laboratory of Biogeology and Environmental Geology, China University of Geosciences, Wuhan 430078, China

Abstract: The unique hydrogeochemical process of the river-groundwater interaction zone can seriously affect microbial community distribution. Studying the microbial distribution characteristic can provide a new understanding of a series of biogeochemical cycles. In this paper, the microbial community diversity, species composition and relationship with environmental factors in the two-dimensional sediment profiles of the interactive zone are analyzed by high-throughput sequencing of 16SrRNA gene. The results show that the microbial community distribution is more heterogeneous in the profile where river water recharge is the main water flow direction. Microbial diversity in the hyporheic zone has a remarkably substantial negative correlation with

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(No. 41830862); 国家创新群体项目(No. 41521001); 湖北省创新群体项目(No. 2018CFA028); 中央高校基础研究基金中国地质大学(武汉)项目(Nos. CUGCJ1803, CUGQY1928).

作者简介: 朱子超(1996—), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为河流交互带微生物群落结构. ORCID: 0000-0001-7888-0464. E-mail: 470109153@qq.com

*** 通讯作者:** 刘慧, E-mail: hliu2009@cug.edu.cn

引用格式: 朱子超, 刘慧, 毛胜军, 马奥兰, 李民敬, 2023. 河水—地下水侧向交互带微生物群落分布特征及其主控因子. 地球科学, 48(10): 3832—3843.

Citation: Zhu Zichao, Liu Hui, Mao Shengjun, Ma Aolan, Li Minjing, 2023. Distribution Characteristics of Microbial Communities in River—Groundwater Interaction Zone and Main Environmental Factors. *Earth Science*, 48(10): 3832—3843.

NH_4^+ , As, and has a negatively correlation with TOC, Mn. Below the water level near the river distributed an area with high microbial diversity where the oxidative NO_3^- , Fe(III), and SO_4^{2-} were accumulated, the abundance of a large number of chemoheterotrophic microbes decreased, and that of microorganisms related to phosphorus-accumulating, ammonia oxidation and methyl-phage increased. The marginal areas of the interaction zone show less biodiversity, with relatively high TOCs, NH_4^+ , Mn and As. In conclusion, the interaction of river and groundwater determines the distribution of DO and TOC in the interaction zone sediments, thus regulating the changes of the microbial community and the biochemical processes of various elements.

Key words: river-groundwater interaction zone; high-throughput sequencing of 16SrRNA gene; microbial community; environmental factor; redundancy analysis; biogeochemistry; environmental geology.

河水—地下水交互带指河床底下或者河床两侧河水与地下水混合的区域(Liu and Chui, 2019),在地球关键带物质循环中占有重要地位.河水中存在较高的溶解氧(DO)、溶解性有机碳化合物(DOC)以及其他电子受体,其与低DO、DOC、寡营养、富含多种离子成分的地下水混合形成的交互带存在着复杂的水动力作用、生物作用、物质迁移和化学反应等动态过程,形成陡峭的化学和生物梯度,被认为是“生物地球化学热点区域”(Ren *et al.*, 2018; Sackett *et al.*, 2019).当河水与地下水在交互带进行不同程度的混合时,就会产生自上而下、自河岸由里及外递减的溶解氧梯度(Fischer *et al.*, 2005; Lin *et al.*, 2012),有机碳和氮等营养物质与微生物相互作用,使交互带的微生物群落分布呈现非均质化(Benner *et al.*, 1995; Feris *et al.*, 2003).

交互带微生物群落分布可能受多种因素的影响,其中环境因素对微生物群落的影响大于空间距离(肖玉娜等, 2020).沉积物具有相对较大的孔隙,为交互带微生物提供较大的栖息空间(袁兴中和罗固源, 2003).微生物群落组成对物理和生物地球化学因素的变化十分敏感(Allison and Martiny, 2008),因此交互带中的微生物群落会在时间和空间有特定的分布和变化(Sliva and Williams, 2005; Lowell *et al.*, 2009; Febria *et al.*, 2010),湿地中夏季微生物多样性最高(湛佳伟等, 2020).沉积物渗透性和颗粒有机物是控制微生物结构和活性的关键因素(Gayraud and Philippe, 2003; Olsen and Townsend, 2003; Nogaro *et al.*, 2013).交互带中细颗粒含量的增加往往会增加沉积物中的微生物丰度(DeFlaun and Mayer, 1983; Bott and Kaplan, 1985; Nogaro *et al.*, 2010).交互带微生物群落结构与DOC成分的变化有关(Stegen *et al.*, 2018),有机碳可以刺激微生物的生长和活性,从而改变群落组成和相关的生物地球化学活动(Lee *et al.*, 2012).在垂向交互区,相较于更深层的沉积物,河床地表

的微生物群落更加多样化(Febria *et al.*, 2010).然而,目前侧向交互带中微生物的群落结构特性及其主控环境因子尚不清楚.

微生物控制着有机物的分解(袁兴中和罗固源, 2003)和各类元素的循环(Benner *et al.*, 1995; Harvey and Fuller, 1998; Fischer *et al.*, 2005),其群落的物种结构与种间互作关系决定着生物地球化学过程.本文以汉江下游侧向交互带为研究区,选择分别以河水补给地下水和地下水排泄河水的两个剖面,通过采集剖面上离河岸不同距离、不同深度的土壤—沉积物样品,采用高通量测序分析研究两个交互剖面上微生物群落多样性、物种结构的分布及其与环境因子的关系,为认识交互带中元素与物质的生物地球化学过程提供借鉴和依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于湖北省天门市多宝镇白龙泉新村附近,地处汉江下游,降雨量充沛,多集中在6~9月,属于典型的亚热带季风气候.汉江下游交互带区内浅层孔隙潜水含水层主要由全新统Qhg和上更新统(Qp^{3s})上部的冲湖积物组成,厚度为10~20 m,岩性以黏土和砂层为主,孔隙潜水主要接受平原区降水入渗补给和河流湖泊的渗漏补给.研究区西、南、北三面被汉江河道环绕.上游建设有水利工程—兴隆大坝,坝下与引江济汉工程交汇.受到上述两项工程的影响,该区域的汉江河水和地下水交互作用频繁且强烈.该研究选择两个点位作为采样剖面(图1).一号剖面(PM01)位于兴隆大坝上游,沉积物主要为砂质黏土,坝上与坝下的水位差约为7 m.由于大坝的蓄水作用,PM01长期以河水补给地下水为主,周围存在大量人工开垦的农田,四季种有小麦等农作物.二号剖面(PM02)位于兴隆大坝下游,引江济汉工程交汇口之上,为河漫滩,沉积物为细砂质,河水水位较低,受大坝放水的影

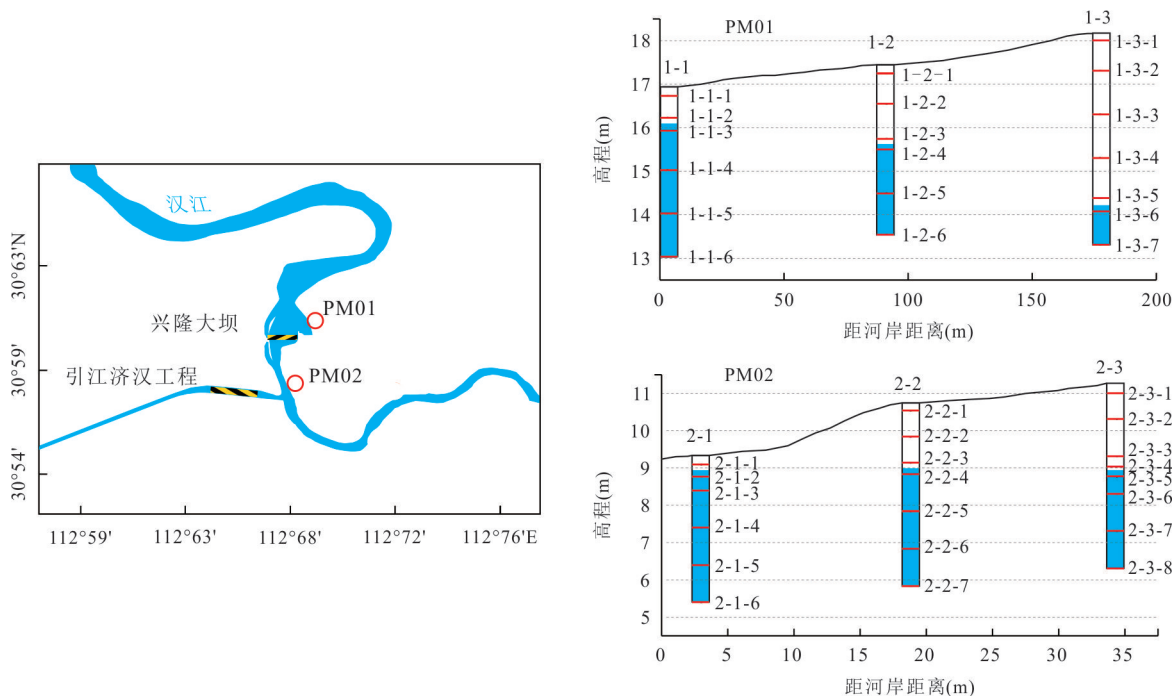


图1 研究区及采样点布置

Fig. 1 Study area and sampling point layout

红线为采样点,蓝色为地下水

响,河水涨落频繁.

1.2 样品的采集与保存

样品采集时间为2018年8月底,处于汉江丰水期,河水位较高.使用单人便携式原状土壤取样钻机(SD-1,澳大利亚)在PM01和PM02剖面上各采集3根4~5 m的沉积柱,沉积柱上每50 cm取一个样品,在水位线附近加密采集,共采集40个沉积物样品.具体采样点位、深度及对应编号如图1所示.采集沉积物样品时,钻机取出的原位沉积柱样品(33 mm×1 m的塑料套管)两端立即使用保鲜膜、橡胶塞和透明胶带封闭,外面包上一层锡箔纸避光,之后放入厌氧袋,抽真空,低温运输至实验室,厌氧手套箱内进行分装.用于微生物分析的样品分装至厌氧袋中,抽真空,放冰箱内冷冻保存待用.用于理化指标分析的样品经风干、研磨、过100目筛待用.

1.3 样品的测定

1.3.1 化学指标测定 样品pH按水土质量比2.5:1.0测定;氨氮使用纳氏试剂比色法测定;总有机碳(TOC)使用稳定同位素质谱仪(DeltaV Advantage, USA)测定;Fe(II)和Fe(III)使用硫酸和氢氟酸浸提后用邻菲罗啉显色法测定;Fe、Mn等元素含量经过硝酸微波消解后,使用电感耦合等离子体发

射光谱仪(5100ICP-OES, USA)检测;NO₃⁻、SO₄²⁻、Cl⁻等离子使用离子色谱(Metrohm 925 ECO IC, Switzerland)检测.每个样品测试3次,结果取平均值.

1.3.2 16SrRNA 基因高通量测序 分别从40个沉积物中取0.4 g样品,重复3次,共计120个样品,采用土样DNA提取试剂盒(Power Soil®DNA)提取DNA.选取16SrDNA的V4区,进行PCR扩增,引物序列如下:515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-TAA-3')和806R(5'-GGACTACVSGGGTATC-TAAT-3').扩增体系为25 μL:5×reaction buffer 5 μL, 5×GC buffer 5 μL, dNTP(2.5 mM) 2 μL, Forward primer(10 μM) 1 μL, Reverse primer(10 μM) 1 μL. PCR扩增参数为:98℃预变性3 min, 98℃变性15 s, 50℃退火30 s, 72℃延伸30 s, 72℃最终延伸5 min, 4℃终止反应.其中循环25~30次.通过2%琼脂糖凝胶电泳对PCR扩增产物检测,采用AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒(AP-GX-250, Axygen, USA)进行回收,PCR扩增回收产物荧光试剂用Quant-iTPicoGreen dsDNA试剂盒(Invitrogen, P7589, USA)处理,并在酶标仪(FLx800, BioTek, USA)上进行荧光定量.根据结果,按照每个样本的测序量需求,对各样本按相应比例进行混

合.采用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 制备测序文库.对上述扩增产物进行序列末端修复,通过试剂盒中的 End Repair Mix2 切除 DNA 序列 5' 端的突出碱基,同时添加一个磷酸基团、补齐 3' 端的缺失碱基;在 DNA 序列的 3' 端添加 A 碱基以防止 DNA 片段自连,同时保证目标序列能与测序接头相连(测序接头 3' 端有一个突出的 T 碱基);在序列 5' 端添加含有文库特异性标签(即 Index 序列)的测序接头,使 DNA 分子能被固定在 Flow Cell 上;采用 BECKMAN AMPure XP Beads,通过磁珠筛选去除接头自连片段,纯化添加接头后的文库体系;对上述连上接头的 DNA 片段进行 PCR 扩增,从而富集测序文库模板,并采用 BECKMAN AMPure XP Beads 再次纯化文库富集产物;通过 2% 琼脂糖凝胶电泳,对文库做最终的片段选择与纯化.使用的测序平台为 illumina miseq,测序模式为 PE250.上机测序前,需要先对文库在 Agilent Bioanalyzer 上进行质检,采用 Agilent High Sensitivity DNA Kit.合格的文库有且只有单一的峰,且无接头.之后,采用 Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 在 Promega QuantiFluor 荧光定量系统上对文库进行定量.将合格的各上机测序文库(Index 序列不可重复)梯度稀释后,根据所需测序量按相应比例混合,并经 NaOH 变性为单链进行上机测序;使用 MiSeq 测序仪进行 2×300 bp 的双端测序,相应试剂为 MiSeq Reagent Kit V3 (600 cycles).

1.4 数据分析

利用 QIIME 软件 (Version 1.9.1, USA) 对原始下机数据进行质控.剔除碱基平均质量低于 20, 且最终序列长度小于 150 bp 的序列;然后利用 Flash 软件对序列进行连接,要求两条拼接序列的重叠碱基大于 10 bp, 且不容许碱基错配;在 Mothur 软件中运用 UCHIME 方法与 Gold database 数据库比对去除嵌合体,得到优质序列.采用 UCLUST 的方法,以 97% 的相似性将优质序列聚类成可操作分类单元 (OTU);并采用 GreenGene 数据库对 OTU 进行物种注释分析 (阈值为 0.8).在序列均一化处理后,使用 QIIME 软件 (Version 1.9.1) 得到总 OTU 表.运用 Mothur (version 1.35.1) 计算多样性指数 Chao1、ACE、Shannon 和 Simpson.运用 R 软件 (version 3.2.3, USA) 中的 "Vegan" 包完成环境因子与微生物群落的冗余分析 (RDA) 和不同组间微生物群落 β 多样性差异性 Anosim 检验.

使用 OriginPro (Version 2018C, USA) 绘制交互带沉积物化学指标图、交互带沉积物微生物 alpha 多样性分布图和交互带沉积物微生物相对丰度图,数据采用平均值.使用 IBM SPSS (Version R24.0.0.0) 完成微生物 alpha 多样性与环境因子的相关性分析.

2 结果与分析

2.1 交互带沉积物基本化学特征

研究区沉积物的基本化学特征如图 2. PM01 的各个沉积柱 pH 差异较大, PM02 的沉积物 pH 整体偏弱碱性.两个剖面的 NH_4^+ 含量都很低.两个剖面中的 Fe (II) 含量除地表点位外基本一致, PM01 中的 Fe (III) 含量整体高于 PM02. PM01 中沉积物的 TOC、阴离子 (Cl^- 、 NO_3^- 、 SO_4^{2-}) 和阳离子 (Fe、Mn、As) 普遍高于 PM02.

2.2 河水—地下水交互带微生物多样性分布特征

根据 120 个样品的 16SrRNA 基因高通量测序结果,计算得到微生物 alpha 多样性指数,并绘制成二维剖面分布图 (图 3).其中 Ace 和 Chao1 指数代表微生物群落的丰富度, Shannon 指数和 Simpson 指数代表微生物群落的多样性.图 3 结果表明:两个剖面地表微生物丰富度和多样性较高,水位线下整体上剖面 PM01 的微生物多样性低于 PM02;两个剖面靠近河岸水位线下 2 m 左右 (PM01 为样品的 1-1-5 和 1-1-6, PM02 为 2-1-4 和 2-1-5) 都存在微生物丰富度和多样性均较高的区域,且随着离河岸距离增加而降低, PM01 中至 1-2 号点位 1-2-5 和 1-2-6 样品点时多样性降至最低, PM02 中至 2-3 号点位 2-3-6~8 样品点时多样性降至最低. SPSS 相关性分析结果 (表 1) 表明, 4 项指数均与 TOC、Mn 极显著负相关, 与 NH_4^+ 、As 主要是显著负相关.

2.3 河水—地下水交互带微生物群落物种结构特征

根据所有样本的 16S 基因序列分析,检测到 6 042 个 OTU, 鉴定出 42 个门, 134 个纲, 345 个目, 570 个科, 984 个属, 其中有 19 个纲, 120 个目, 253 个科, 411 个属未被识别.其中 85.81% 序列可以注释到科水平, 有助于详细地比较微生物群落组成.因此, 将科水平微生物用于进一步的讨论.图 4 列出了两个剖面内各样品点中丰度最高的 20 种科水平微生物种类, 以分析交互带不同点位微生物种类分布上的区别.所有交互带沉积物样品中平均相对丰度

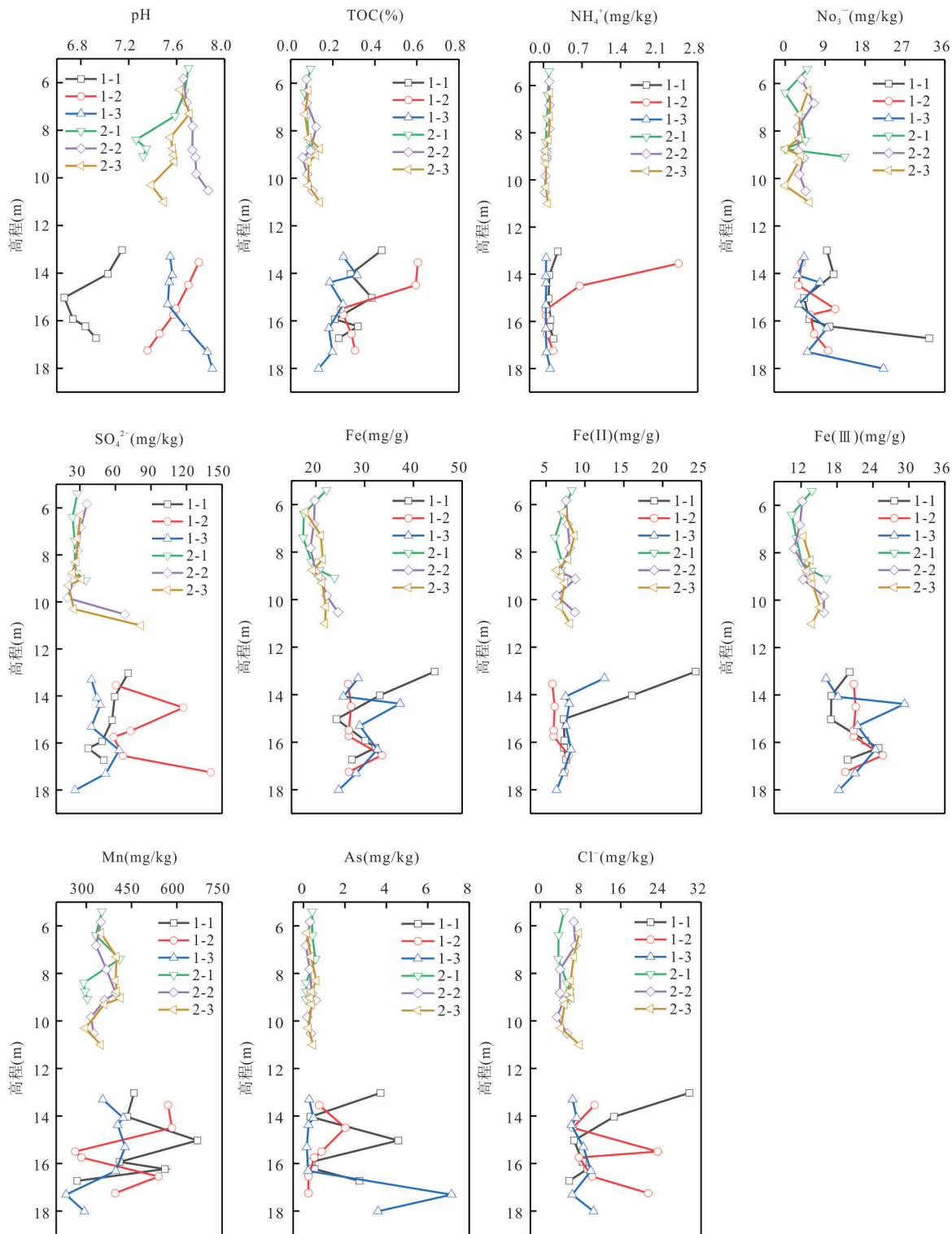


图2 交互带沉积物化学指标

Fig. 2 Chemical characterization of sediments in the interaction zone of the study area

排名前10的分别为:Burkholderiaceae(平均相对丰度为30.87%)、Caulobacteraceae(11.08%)、Sphingomonadaceae(7.18%)、Pseudomonadaceae(6.79%)、Rhizobiaceae(1.72%)、Gemmatimonadaceae(1.59%)、

Xanthomonadaceae(1.58%)、Methylomirabilaceae(1.46%)、Nitrosomonadaceae(1.33%)和Enterobacteriaceae(1.12%)。

PM01剖面中微生物多样性低的样品点如1-2-

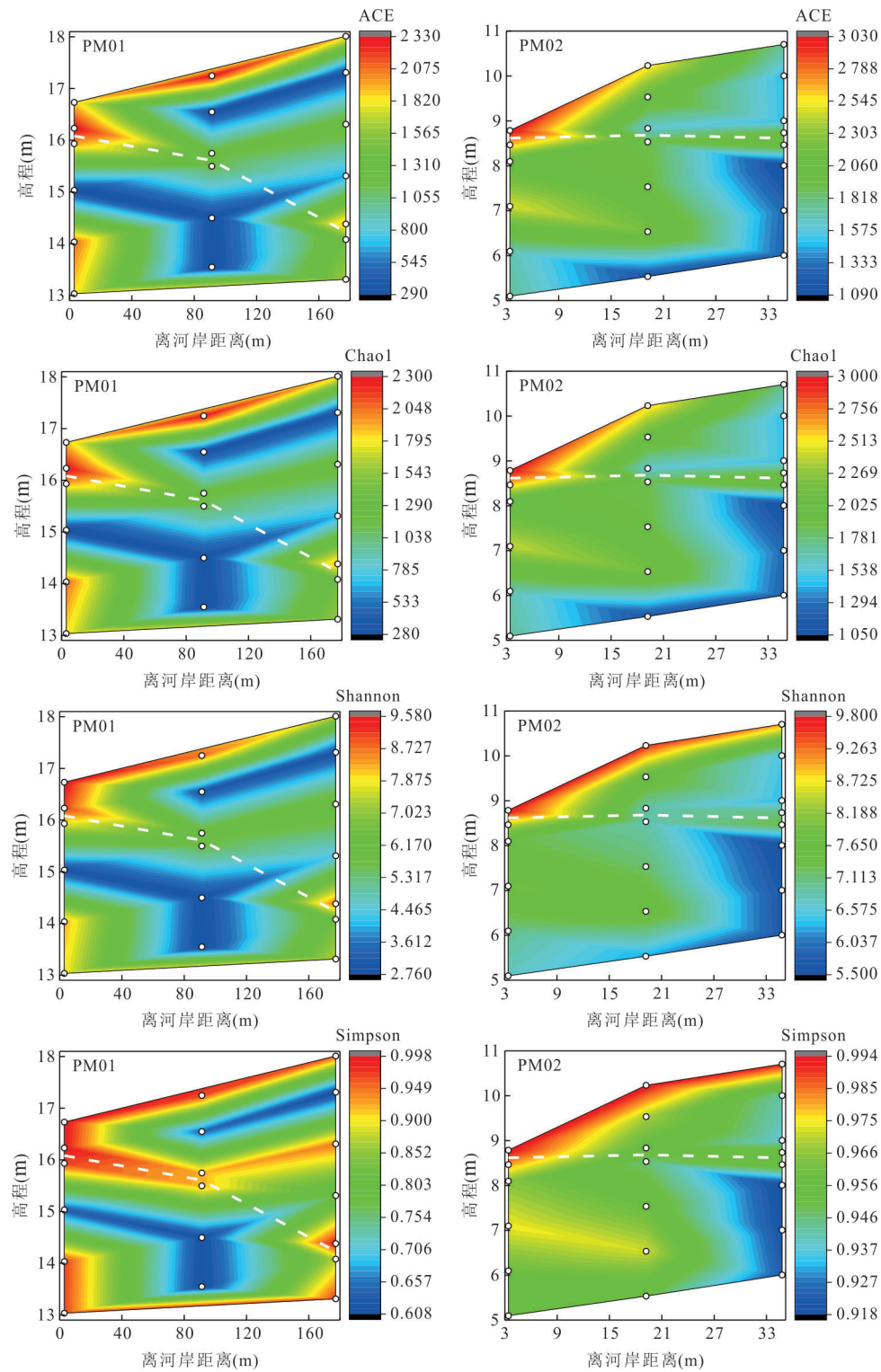


图 3 交互带沉积物微生物 alpha 多样性分布

Fig. 3 Distribution of microbial alpha diversity in sediments of the hyporheic zone

白色虚线为水位线,空心圆为采样位置

5 和 1-2-6 中 Burkholderiaceae 的平均相对丰度高达 76.71%, Caulobacteraceae 和 Sphingomonadaceae 平均相对丰度非常低,分别为 2.54% 和 6.28%。相对而

言,水位线下微生物多样性高的 1-1-5 和 1-1-6 样品点中未鉴定出的科 (Others) 占比为 43.15%,比 1-2-5 和 1-2-6 高出 34.67%,且 Burkholderiaceae 的

表 1 微生物 alpha 多样性与沉积物化学指标相关系数

Table 1 The correlation coefficient between microbial alpha diversity and sediment chemical indicators

	pH	TOC	NH ₄ ⁺	NO ₃ ⁻	SO ₄ ²⁻	Fe	Fe(Ⅱ)	Fe(Ⅲ)	Mn	As	Cl ⁻
ACE	-0.130	-0.500**	-0.369*	0.174	-0.239	-0.167	0.128	-0.293	-0.404**	-0.394*	-0.058
Chao1	-0.135	-0.493**	-0.366*	0.182	-0.231	-0.158	0.132	-0.285	-0.403**	-0.390*	-0.057
Shannon	-0.217	-0.436**	-0.389*	0.337*	-0.126	-0.018	0.210	-0.163	-0.426**	-0.361*	0.016
Simpson	-0.074	-0.630**	-0.492**	0.191	-0.324*	-0.173	0.182	-0.336*	-0.534**	-0.488**	-0.015

注:** 在 0.01 级别(双尾),相关性显著;* 在 0.05 级别(双尾),相关性显著.

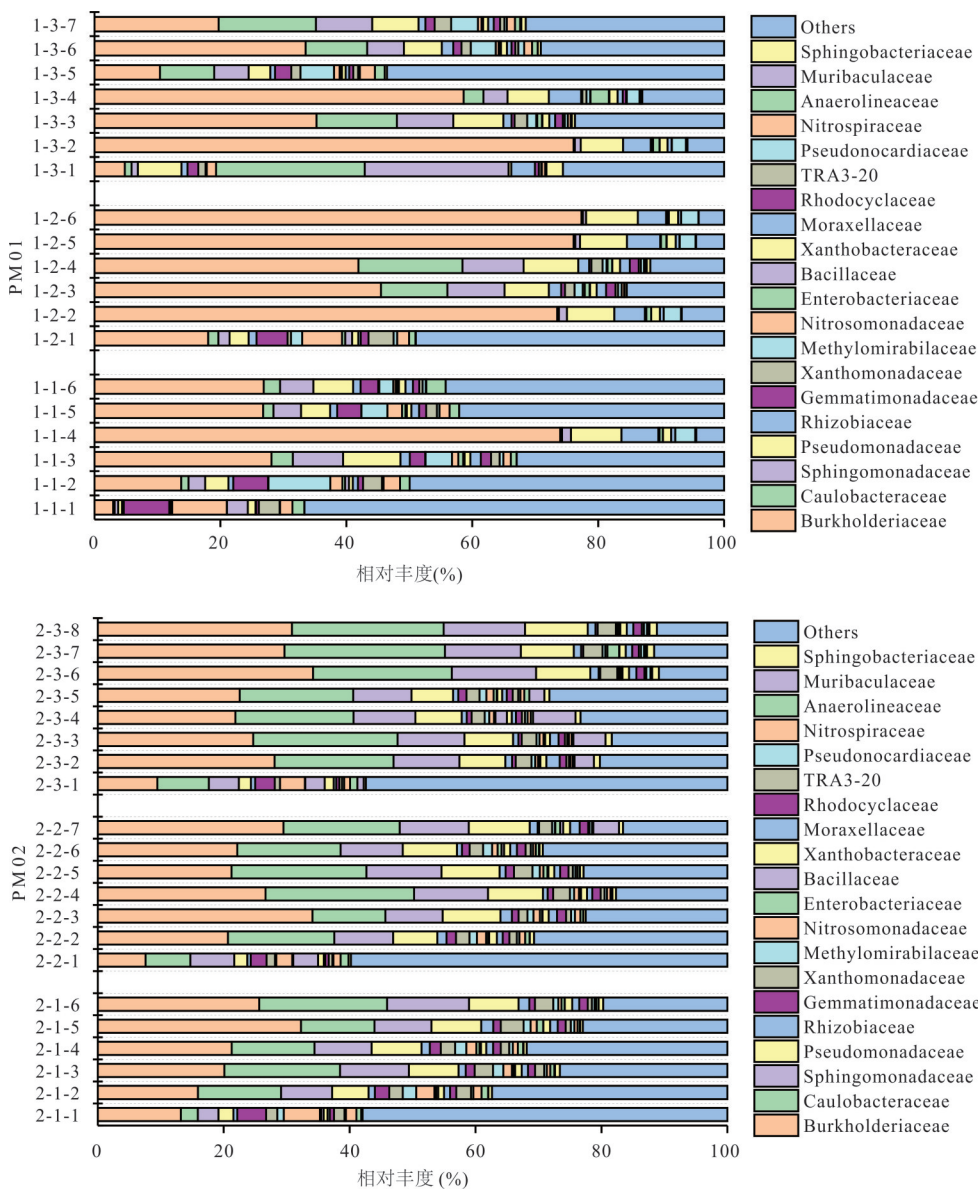


图 4 交互带沉积物微生物相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of micro-organisms in the sediments of hyporheic zone
科水平,样品点编号信息见图 1,每个样品数据为 3 个平行样品平均值

丰度平均下降 49.93%, Rhizobiaceae、Pseudomona-
daceae、Caulobacteraceae 平均下降了 1.38%~
3.78%, 而 Sphingomonadaceae、Gemmatimonadace-
ae、Methyloirabillaceae、Nitrosomonadaceae 平均上
升了 2.28%~4.10%。
与 PM01 相比, PM02 样品间物种组成差异较

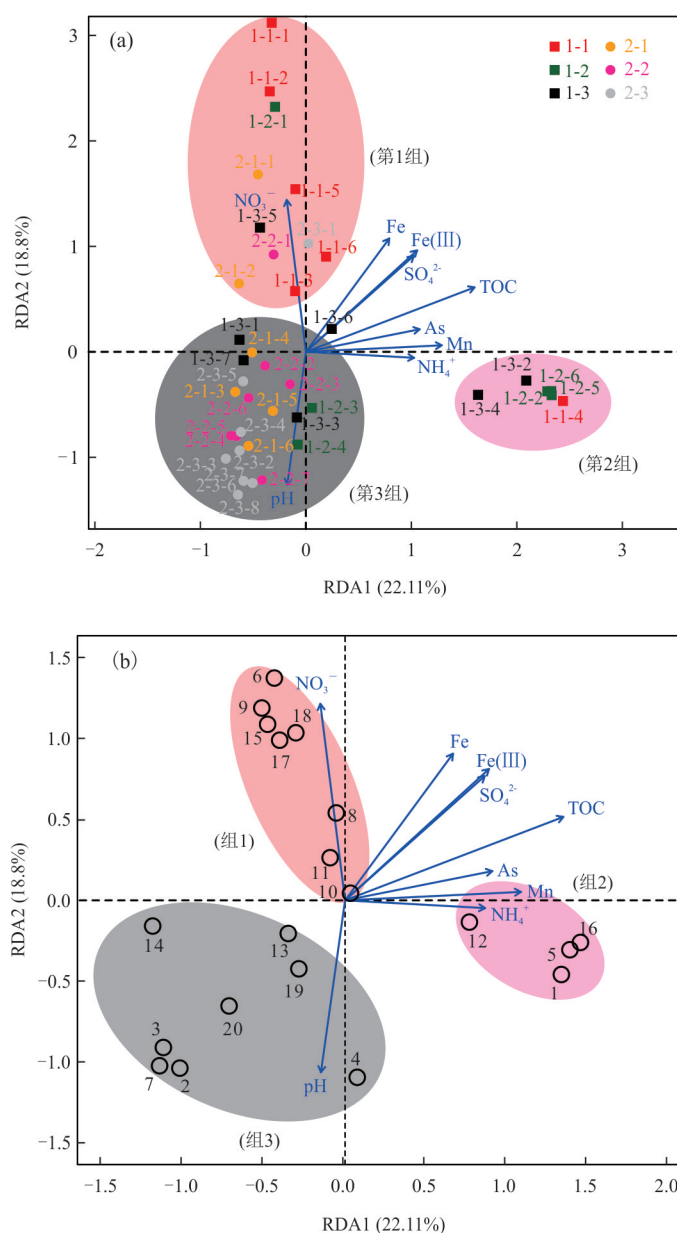


图 5 环境因子与微生物群落的冗余分析(RDA)

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of environmental factors and microbial communities

a. 为代表样本的分析结果;b. 为微生物组成的分析结果. 1.Burkholderiaceae; 2.Caulobacteraceae; 3.Sphingomonadaceae; 4.Pseudomonadaceae; 5.Rhizobiaceae; 6.Gemmatimonadaceae; 7.Xanthomonadaceae; 8.Methylomirabilaceae; 9.Nitrosomonadaceae; 10.Enterobacteriaceae; 11.Bacillaceae; 12.Xanthobacteraceae; 13.Moraxellaceae; 14.Rhodocyclaceae; 15.TRA3-20; 16. Pseudonocardiaceae; 17.Nitrospiraceae; 18. Anaerolineaceae; 19.Muribaculaceae; 20.Sphingobacteriaceae

小.微生物多样性低的样品点 2-3-6~8 中排前 4 的科 Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Sphingomonadaceae、Pseudomonadaceae 平均丰度分别高达 31.56%、23.87%、12.79% 和 8.99%. 相比之下,多样性较高的样品点 2-1-4 与 2-1-5 中 Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Sphingomonadaceae、Pseudomonadaceae 相对丰度下降了 1.08%~4.79%, Gem-

matimonadaceae、Methylomirabilaceae、Nitrosomonadaceae 相对丰度上升了 1.05%~1.15%.

2.4 微生物群落结构与环境因子之间的关系

为分析影响交互带微生物群落的主控因子,分别对样品点和微生物科类多样性与环境因子进行了 RDA 分析,结果如图 5 所示.图中所示的环境因子与微生物群落关系均达显著水平($P < 0.05$),第 1

表 2 冗余分析(RDA)的蒙特卡洛置换检验

Table 2 Monte Carlo permutation test for redundancy analysis (RDA)

环境因子	TOC	Fe(Ⅲ)	SO ₄ ²⁻	NO ₃ ⁻	Fe	Mn	pH	As	NH ₄ ⁺
<i>r</i> ²	0.619 8	0.420 4	0.387 7	0.373 8	0.357 0	0.346 5	0.297 2	0.254 8	0.217 3
<i>P</i>	0.001	0.001	0.002	0.002	0.001	0.002	0.002	0.006	0.011

表 3 微生物群落结构β多样性差异性检验

Table 3 Dissimilarity tests for β diversity of microbial community structure

组别	第 1 组	第 1 组	第 2 组
	第 2 组	第 3 组	第 3 组
<i>R</i>	0.895 7	0.701 9	0.840 8
<i>p</i>	0.001	0.001	0.001

轴和第 2 轴分别解释了总变异的 22.11% 和 18.8%。蒙特卡洛置换检验(表 2)的结果显示,环境因子对交互带沉积物微生物群落结构的影响顺序为 TOC>Fe(Ⅲ)>SO₄²⁻>NO₃⁻>Fe>Mn>pH>As>NH₄⁺。其中,TOC、Fe(Ⅲ)、SO₄²⁻、Fe 对两个轴向的变异均有贡献;Mn、NH₄⁺ 和 As 对 RDA1 轴的解释贡献较大;pH、NO₃⁻ 和 Fe 对 RDA2 轴的解释贡献较大。图 5a 结果显示,PM01 和 PM02 的样品聚成了 3 组:第 1 组主要为微生物多样性高的地表和 PM01 中水位线下多样性高的样品点,主要受到 NO₃⁻、Fe、Fe(Ⅲ)、SO₄²⁻ 的正影响。第 2 组主要为 PM01 中微生物多样性低的样品点,主要受到 Mn、NH₄⁺、As 和 TOC 的正影响。其余样品点聚在第 3 组,除 pH 外,与其他环境因子均呈负相关关系。表 3 为不同组间微生物群落差异 Anosim 对比结果,距离矩阵采用 Bray,3 组微生物群落结构显著不同(互相比对的 *p* 值均为 0.001)。

受环境因子的影响,两个剖面中相对丰度排名前 20 的微生物科分为了 4 个组。组 1 与高 NO₃⁻、Fe、Fe(Ⅲ)、SO₄²⁻ 含量相关,主要包括 Gemmatimonadaceae、Nitrosomonadaceae、TRA3-20、Nitrospiraceae 和 Anaerolineaceae。组 2 与较高含量的 TOC、Mn、NH₄⁺ 和 As 相关,主要包括 Burkholderiaceae、Rhizobiaceae、Xanthobacteraceae 和 Pseudonocardiaceae。其他科如 Caulobacteraceae、Sphingomonadaceae、Pseudomonadaceae 和 Xanthomonadaceae 等均聚在组 3 中,由多因素控制,除 pH 较高外,其他指标均较低。

3 讨论

3.1 交互带微生物多样性及物种组成分布特征

汉江侧向交互带两个剖面中优势菌科主要为 Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Sphingomonadaceae 和 Pseudomonadaceae。关于汉江沿岸沉积物中的微生物分布尚未见相关报道。经查阅文献,发现汾河河流沉积物中优势细菌主要是 Xanthobacteraceae 科的 *Flavobacterium*、Pseudomonadaceae 科的 *Pseudomonas* 属和 Comamonadaceae 科(Lu *et al.*, 2016),与本研究中的优势菌差别较大。该结果说明不同区域或侧向交互带与河流沉积物中微生物群落结构可能存在很大的差异。

本文研究结果表明,两个剖面近河处水位线下 2 m 左右均存在一个较高的微生物多样性分布区,且随着离河距离加大而降低。与微生物多样性低的区域相比,水位线下多样性高的区域主要是因为 Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Pseudomonadaceae 的丰度下降和 Gemmatimonadaceae、Methylo-mirabilaceae、Nitrosomonadaceae 的丰度升高。

Burkholderiaceae 是一类在生态上极其多样性的微生物,包括真正的环境腐生菌(Coenye, 2014),部分微生物化能异养(Wilhelm *et al.*, 2020)。Caulobacteraceae 中的微生物为革兰氏阴性、好氧或兼性厌氧、棒状、能动,不产生孢子,化能异养,生活在多种生境中,主要是水生的,但也存在于土壤中(Abraham *et al.*, 2014)。Pseudomonadaceae 中的微生物属革兰氏阴性菌、好氧菌(Pascual *et al.*, 2015)、利用碳氢化合物、化能异养。Gemmatimonadaceae 中的微生物为革兰氏阴性、好氧或兼性厌氧、聚磷酸盐菌(Takaichi *et al.*, 2010),Nitrosomonadaceae 中的微生物为革兰氏阴性、氨氧化细菌(Chain *et al.*, 2003)。Methylo-mirabilaceae 为嗜甲基菌。这些微生物丰度的变化可能与消耗分解的营养物有关。Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Pseudomonadaceae 都具有化能异养功能,水位线下多样性高的区域沉积物的 TOC 含量相对较低。

由上所述,交互带剖面中近河处水位线下微生

物多样性高的区域主要是化能异养菌 Burkholderiaceae、Caulobacteraceae、Pseudomonadaceae 消耗 TOC 而丰度下降;同时,具有聚磷酸盐、氨氧化和噬甲基功能的 Gemmatimonadaceae、Nitrosomonadaceae、Methyloirabillaceae 丰度升高。相关性分析结果显示微生物多样性与 TOC、Mn 极显著负相关,与 NH_4^+ 、As 显著负相关。

3.2 交互带微生物群落结构的主控环境因子

图 5a 的结果表明,PM01 剖面中水位线下微生物群落的变化梯度大于 PM02。PM01 位于兴隆大坝上游,河水水位高,长期以河水补给地下水为主,周围存在大量人工开垦的农田,四季种有小麦等农作物。PM01 沉积物主要为砂质黏土,TOC 含量较高。坝上与坝下的水位差约为 7 m。PM02 位于兴隆大坝下游,引江济汉工程交汇口之上,为河漫滩,河水水位较低,受大坝放水的影响,河水涨落频繁,沉积物为细砂质,TOC 含量低。前人研究表明,沉积物渗透性和颗粒有机物是控制微生物结构和活性的关键因素 (Gayraud and Philippe, 2003; Olsen and Townsend, 2003; Nogaro *et al.*, 2013)。交互带中细颗粒含量的增加往往会增加沉积物中微生物丰度 (DeFlaun and Mayer, 1983; Bott and Kaplan, 1985; Nogaro *et al.*, 2010)。交互带微生物群落结构与 DOC 成分的变化有关 (Stegen *et al.*, 2018),有机碳可以刺激微生物的生长和活性,从而改变群落组成和相关的生物地球化学活动 (Lee *et al.*, 2012)。

本研究冗余分析的结果显示,交互带沉积物中微生物优势菌科受到了沉积物中 TOC、Fe(III)、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 、Fe、Mn、pH、As 和 NH_4^+ 的影响。在水位线下微生物多样性高的点中氧化态的 NO_3^- 、Fe(III)、 SO_4^{2-} 较高,说明该区域处于相对好氧的条件,有利于多种好氧微生物的生长繁殖。水位线下的好氧条件应该来自于富氧的河水补给。而水位线下微生物多样性低的点中 Mn、 NH_4^+ 、As 和 TOC 较高。前人研究表明,当河水与地下水在交互带进行不同程度的混合时,就会产生自上而下、自河岸由里及外递减的溶解氧梯度 (Fischer *et al.*, 2005; Lin *et al.*, 2012)。溶解氧的降低会使微生物丰富度下降,从而消耗 TOC 的速率减慢,因而在河水与地下水交互的边缘地带会出现较高含量的 TOC。由于该地带 DO 含量较低,缺氧的地下水带来的还原溶解态的 Mn 和 As 在这里遇到有氧的河水,从而发生氧化沉淀。 NH_4^+ 主要来源于河水,由于 DO 不足,在

该区域的氧化过程受阻,因而富集。

由此可见,交互带微生物群落结构主要受控于由水流交互过程而造成的 DO 和 TOC 的差异。同时,这种微生物群落结构上的分布特征决定了 C、N、S、Fe、Mn、As 等元素的循环转化。

4 结论

本文研究了两个不同水流交互方向的交互带剖面微生物多样性、物种组成的二维分布特性,分析了微生物群落与环境因子的相关关系。研究结果表明:(1)相对于河水与地下水频繁交互的侧向交互带剖面,以河水补给地下水为主流方向的剖面中微生物群落结构分布差异性较大;(2)交互带微生物多样性与 TOC、Mn 极显著负相关,与 NH_4^+ 、As 显著负相关,交互带剖面中近河处水位线下分布着微生物多样性高的区域,主要是化能异养菌消耗 TOC 致使其丰度下降,同时聚磷酸盐、氨氧化和噬甲基菌功能微生物丰度升高。(3)交互带剖面中,离河较近的微生物多样性高的区域相对好氧,主要富集氧化态的 NO_3^- 、Fe(III)、 SO_4^{2-} ,而河水与地下水交互边缘区域微生物多样性低,TOC、 NH_4^+ 、Mn 和 As 相对较高。总之,水流交互作用决定了交互带沉积物的 DO 和 TOC 的分布,从而调控着其中微生物群落多样性和物种组成的变化,并进一步影响着多种元素的生物地球化学过程。

References

- Abraham, W. R., Rohde, M., Bennasar, A., 2014. The Family Caulobacteraceae. In: Rosenberg, E., *et al.*, eds., *The Prokaryotes: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria*. Springer Berlin Heidelberg, Heidelberg, 179–205. https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_259
- Allison, S. D., Martiny, J. B. H., 2008. Resistance, Resilience, and Redundancy in Microbial Communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105 (Supplement_1): 11512–11519. <https://doi.org/10.1073/pnas.0801925105>
- Benner, S. G., Smart, E. W., Moore, J. N., 1995. Metal Behavior during Surface–Groundwater Interaction, Silver Bow Creek, Montana. *Environmental Science & Technology*, 29(7): 1789–1795. <https://doi.org/10.1021/es00007a015>
- Bott, T. L., Kaplan, L. A., 1985. Bacterial Biomass, Metabolic State, and Activity in Stream Sediments: Relation

- to Environmental Variables and Multiple Assay Comparisons. *Applied and Environmental Microbiology*, 50(2): 508–522. <https://doi.org/10.1128/aem.50.2.508-522.1985>
- Chain, P., Lamerdin, J., Larimer, F., et al., 2003. Complete Genome Sequence of the Ammonia-Oxidizing Bacterium and Obligate Chemolithoautotroph *Nitrosomonas Europaea*. *Journal of Bacteriology*, 185(9): 2759–2773. <https://doi.org/10.1128/jb.185.9.2759-2773.2003>
- Chen, J. W., Ge, J. W., Feng, L., et al., 2020. Methane Flux Characteristics and Its Relationship with Soil Microbial Community Composition of Dajiuhu Peatland in Shennongjia. *Earth Science*, 45(3): 1082–1092(in Chinese with English abstract).
- Coenye, T., 2014. The Family Burkholderiaceae. In: Rosenberg, E., et al., eds., *The Prokaryotes: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria*. Springer Berlin Heidelberg, Heidelberg, 759–776.
- DeFlaun, M. F., Mayer, L. M., 1983. Relationships between Bacteria and Grain Surfaces in Intertidal Sediments1. *Limnology and Oceanography*, 28(5): 873–881. <https://doi.org/10.4319/lo.1983.28.5.0873>
- Febria, C. M., Fulthorpe, R. R., Williams, D. D., 2010. Characterizing Seasonal Changes in Physicochemistry and Bacterial Community Composition in Hyporheic Sediments. *Hydrobiologia*, 647(1): 113–126. <https://doi.org/10.1007/s10750-009-9882-x>
- Feris, K. P., Ramsey, P. W., Frazar, C., et al., 2003. Structure and Seasonal Dynamics of Hyporheic Zone Microbial Communities in Free-Stone Rivers of the Western United States. *Microbial Ecology*, 46(2): 200–215. <https://doi.org/10.1007/BF03036883>
- Fischer, H., Kloep, F., Wilzcek, S., et al., 2005. A River's Liver—Microbial Processes within the Hyporheic Zone of a Large Lowland River. *Biogeochemistry*, 76(2): 349–371. <https://doi.org/10.1007/s10533-005-6896-y>
- Gayraud, S., Philippe, M., 2003. Influence of Bed-Sediment Features on the Interstitial Habitat Available for Macroinvertebrates in 15 French Streams. *International Review of Hydrobiology*, 88(1): 77–93. <https://doi.org/10.1002/iroh.200390007>
- Harvey, J. W., Fuller, C. C., 1998. Effect of Enhanced Manganese Oxidation in the Hyporheic Zone on Basin-Scale Geochemical Mass Balance. *Water Resources Research*, 34(4): 623–636. <https://doi.org/10.1029/97wr03606>
- Lee, J. H., Fredrickson, J. K., Kukkadapu, R. K., et al., 2012. Microbial Reductive Transformation of Phyllosilicate Fe(III) and U(VI) in Fluvial Subsurface Sediments. *Environmental Science & Technology*, 46(7): 3721–3730. <https://doi.org/10.1021/es204528m>
- Lin, X. J., McKinley, J., Resch, C. T., et al., 2012. Spatial and Temporal Dynamics of the Microbial Community in the Hanford Unconfined Aquifer. *The ISME Journal*, 6(9): 1665–1676. <https://doi.org/10.1038/ismej.2012.26>
- Liu, S. N., Chui, T. F. M., 2019. Numerical Modelling to Evaluate the Nitrogen Removal Rate in Hyporheic Zone and Its Implications for Stream Management. *Hydrological Processes*, 33(24): 3084–3097. <https://doi.org/10.1002/hyp.13548>
- Lowell, J. L., Gordon, N., Engstrom, D., et al., 2009. Habitat Heterogeneity and Associated Microbial Community Structure in a Small-Scale Floodplain Hyporheic Flow Path. *Microbial Ecology*, 58(3): 611–620. <https://doi.org/10.1007/s00248-009-9525-9>
- Lu, S. D., Sun, Y. J., Zhao, X., et al., 2016. Sequencing Insights into Microbial Communities in the Water and Sediments of Fenghe River, China. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 71(1): 122–132. <https://doi.org/10.1007/s00244-016-0277-5>
- Nogaro, G., Datry, T., Mermillod-Blondin, F., et al., 2010. Influence of Streambed Sediment Clogging on Microbial Processes in the Hyporheic Zone. *Freshwater Biology*, 55(6): 1288–1302. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2427.2009.02352.x>
- Nogaro, G., Datry, T., Mermillod-Blondin, F., et al., 2013. Influence of Hyporheic Zone Characteristics on the Structure and Activity of Microbial Assemblages. *Freshwater Biology*, 58(12): 2567–2583. <https://doi.org/10.1111/fwb.12233>
- Olsen, D. A., Townsend, C. R., 2003. Hyporheic Community Composition in a Gravel-Bed Stream: Influence of Vertical Hydrological Exchange, Sediment Structure and Physicochemistry. *Freshwater Biology*, 48(8): 1363–1378. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2427.2003.01097.x>
- Pascual, J., García-López, M., Bills, G. F., et al., 2015. *Pseudomonas Granadensis* sp. nov., a New Bacterial Species Isolated from the Tejada, Almiar and Alhama Natural Park, Granada, Spain. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(Pt. 2): 625–632. <https://doi.org/10.1099/ij.s.0.069260-0>
- Ren, J., Cheng, J. Q., Yang, J., et al., 2018. A Review on Using Heat as a Tool for Studying Groundwater-

- Surface Water Interactions. *Environmental Earth Sciences*, 77(22): 1—13. <https://doi.org/10.1007/s12665-018-7959-4>
- Sackett, J. D., Shope, C. L., Bruckner, J. C., et al., 2019. Microbial Community Structure and Metabolic Potential of the Hyporheic Zone of a Large Mid-Stream Channel Bar. *Geomicrobiology Journal*, 36(9): 765—776. <https://doi.org/10.1080/01490451.2019.1621964>
- Sliva, L., Williams, D. D., 2005. Exploration of Riffle-Scale Interactions between Abiotic Variables and Microbial Assemblages in the Hyporheic Zone. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 62(2): 276—290. <https://doi.org/10.1139/f04-190>
- Stegen, J. C., Johnson, T., Fredrickson, J. K., et al., 2018. Publisher Correction: Influences of Organic Carbon Speciation on Hyporheic Corridor Biogeochemistry and Microbial Ecology. *Nature Communications*, 9: 1034. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02922-9>
- Takaichi, S., Maoka, T., Takasaki, K., et al., 2010. Carotenoids of Gemmatimonas Aurantiaca (Gemmatimonadetes): Identification of a Novel Carotenoid, Deoxyoscillo 2-Rhamnoside, and Proposed Biosynthetic Pathway of Oscillo 2, 2'-Dirhamnoside. *Microbiology*, 156(3): 757—763. <https://doi.org/10.1099/mic.0.034249-0>
- Wilhelm, R. C., Murphy, S. J. L., Feriánek, N. M., et al., 2020. Paraburkholderia Madseniana sp. nov., a Phenolic Acid-Degrading Bacterium Isolated from Acidic Forest Soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(3): 2137—2146. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004029>
- Xiao, Y. N., Zhong, X. L., Wang, B. C., et al., 2020. Microbial Community Structure and Function and Their Influencing Factors in the Soil of Horqin Area of Tongliao City, Inner Mongolia. *Earth Science*, 45(3): 1071—1081 (in Chinese with English abstract).
- Yuan, X. Z., Luo, G. Y., 2003. A Brief Review for Ecological Studies on Hyporheic Zone of Stream Ecosystem. *Acta Ecologica Sinica*, 23(5): 956—964(in Chinese).

附中文参考文献

- 谌佳伟, 葛继稳, 冯亮, 等, 2020. 神农架大九湖泥炭湿地甲烷通量特征及其与土壤微生物群落组成的关系. *地球科学*, 45(3): 1082—1092.
- 肖玉娜, 钟信林, 王北辰, 等, 2020. 通辽科尔沁地区土壤微生物群落结构和功能及其影响因素. *地球科学*, 45(3): 1071—1081.
- 袁兴中, 罗固源, 2003. 溪流生态系统潜流带生态学研究概述. *生态学报*, 23(5): 956—964.