

清水河流域典型水库沉积物细菌群落结构的季节性变化特征

倪成¹, 尹娟¹, 邱小琮², 赵增锋¹, 李文证³

(1. 宁夏大学 土木与水利工程学院, 银川 750021;

2. 宁夏大学 生命科学学院, 银川 750021; 3. 青海民族大学 土木与交通工程学院, 西宁 810007)

摘要: [目的] 揭示干旱半干旱区水库沉积物细菌群落的季节性演变特征及其主要环境影响因素, 为人工水体微生物生态研究和区域水库生态管理提供理论依据。[方法] 以宁夏清水河流域8座典型水库为研究对象, 于2022年5月(平水期), 7月(丰水期)和12月(枯水期)采集沉积物样品, 基于16S rRNA基因高通量测序结果和沉积物理化参数, 结合主坐标分析(PCoA)、中性群落模型和共现网络分析等方法, 揭示细菌群落的季节动态、组装过程、稳定性及其与环境因子的关系。[结果] (1) 沉积物细菌群落的多样性和丰富度呈明显的季节性差异, 整体表现为5月>7月>12月, 且群落结构月间差异显著($p<0.05$)。 (2) 细菌群落主要由变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门等优势类群组成, 其相对丰度随季节发生明显波动。 (3) 中性模型表明随机过程主导细菌群落组装, 但其作用随时间推移减弱。 (4) 共现网络分析显示7月细菌群落网络复杂性和关联度最高, 而5月和12月模块化程度和稳定性更强。 (5) 铵氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、有效磷(available phosphorus, AP)、pH和电导率(electrical conductivity, EC)等是影响细菌群落结构的主要环境因子, 其中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 对多样性指数Shannon和Chao1均具有正相关作用。[结论] 清水河流域水库沉积物细菌群落的多样性和结构具有显著季节性分异, 其组装由随机过程主导, 但环境筛选作用随季节增强; 铵氮是驱动群落多样性与丰富度变化的关键因素。

关键词: 清水河流域; 水库; 沉积物; 细菌; 季节性变化

中图分类号: X172

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2026)02-0160-10

Seasonal variation characteristics of bacterial community structure in sediments of typical reservoirs in Qingshui River basin

Ni Cheng¹, Yin Juan¹, Qiu Xiacong², Zhao Zengfeng¹, Li Wenzheng³

(1. School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. School of Life Sciences, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

3. School of Civil and Transportation Engineering, Qinghai Nationalities University, Xining 810007, China)

Abstract: [Objective] This study reveals the seasonal evolution characteristics and main environmental influencing factors of bacterial communities in reservoir sediments in arid and semi-arid regions, thereby providing a theoretical basis for microbial ecology research in artificial water bodies and regional reservoir ecological management. [Methods] Eight typical reservoirs in the Qingshui River Basin, Ningxia, were selected as the research objects. Sediment samples were collected in May (normal-flow season), July (wet season), and December (dry season) of 2022. Based on 16S rRNA gene high-throughput sequencing results and sediment physicochemical parameters, this study revealed the seasonal dynamics, assembly processes, stability of bacterial

收稿日期: 2025-07-30

修回日期: 2025-08-31

接受日期: 2025-09-08

资助项目: 宁夏自然科学基金项目(重点项目, 2023AAC02026); 宁夏自然科学基金项目(一般项目, 2025AAC030142); 宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)

第一作者: 倪成(1999—), 男, 贵州遵义人, 硕士研究生, 研究方向为水体微生物生态。E-mail: 2246080093@qq.com

通信作者: 邱小琮(1971—), 男, 宁夏银川人, 教授, 博士, 主要从事水域生态学及水环境调控研究。E-mail: qiu_xc@nxu.edu.cn

<https://stbeyj.publish.founderss.cn>

communities, and their relationships with environmental factors using methods such as principal coordinates analysis (PCoA), neutral community model, and co-occurrence network analysis. [Results] (1) The diversity and richness of sediment bacterial communities exhibited significant seasonal differences, with the overall pattern of May>July>December, and the differences in community structure between months were significant ($p<0.05$). (2) The bacterial communities were primarily dominated by Proteobacteria, Bacteroidota, and Firmicutes, and their relative abundance showed significant seasonal fluctuations. (3) The neutral model indicated that stochastic processes dominated bacterial community assembly, but their influence weakened over time. (4) Co-occurrence network analysis showed that the bacterial community network in July exhibited the highest complexity and connectivity, while the networks in May and December had stronger modularity and stability. (5) Ammonium nitrogen ($\text{NH}_4^+\text{-N}$), available phosphorus (AP), pH, and electrical conductivity (EC) were the main environmental factors influencing bacterial community structure, with $\text{NH}_4^+\text{-N}$ showing positive correlations with both the Shannon and Chao1 diversity indices. [Conclusion] The diversity and structure of bacterial communities in the reservoir sediments of the Qingshui River basin show significant seasonal differentiation. Their community assembly is primarily driven by stochastic processes, but the effect of environmental filtering strengthens with seasonal changes. Ammonium nitrogen is a key factor driving changes in community diversity and richness.

Keywords: Qingshui River basin; reservoir; sediment; bacteria; seasonal variation

大坝及其形成的水库是重要的人工水体工程,在防洪、供水、灌溉和发电等方面发挥着不可替代的作用^[1]。不同于天然水体,水库独特的水文条件和生态环境构建了动态的生态位系统^[2]。水位的季节性波动可显著改变水体的光照强度、溶解氧、温度等理化参数^[3],并进一步影响沉积物的理化性质与营养盐分布^[4],从而驱动了微生物群落发生显著的时空变动^[5]。微生物作为水体生态系统中物质循环与能量流动的核心推动者,特别是细菌作为沉积物中生物地球化学过程的重要参与者,其群落结构对维持水库生态系统的稳定与功能具有重要意义^[6]。因此,深入探究水库沉积物细菌群落不同季节下的结构演变特征及其潜在驱动因素,对理解人工水体微生物生态过程的动态变化,优化水库生态管理与调控策略具有重要意义。

近年来,随着分子生物学技术的广泛应用,水库微生物生态学研究取得了显著进展。大量研究表明,浮游细菌群落对水体分层、水位调度及环境因子的变化响应敏感,在物质循环与生物地球化学过程中发挥着关键作用。在万安^[7]、金沙江下游^[8]和丹江口等^[9]深水型及梯级水库的研究发现,水温、溶解氧、营养盐等理化因子的垂直或季节性变化,显著影响浮游细菌群落的组成、多样性及功能基因的分布格局,其群落组装过程在不同水文条件下表现出明显的空间异质性和阶段性随机特征。与此同时,沉积物细菌群落研究也日益受到关注。峡山^[10]和密云^[11]水库的相关研究表明,沉积物细菌具有比水体更高的丰富度与多样性,以变形菌门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门等为优势类

群。这些细菌不仅参与有机物降解与营养元素循环,还具有更复杂的共生网络结构,对环境变化的响应机制具有区域性特征。此外,季节更替、采样点差异及水文调控方式对细菌群落结构及生态功能也具有重要影响,如青岛棘洪滩^[12]、密云等^[11]水库的研究明确了细菌群落的时空分异及其与水温、溶解氧、营养盐浓度等环境因子的密切关系。然而,现有研究仍存在明显的区域局限性。多数成果集中于湿润地区的大型水库系统,对于旱半干旱地区中小型季节性调控水库中沉积物细菌群落的认知较为薄弱。该类地区通常降水集中、蒸发强烈、水位波动剧烈,并常伴随盐碱化胁迫,形成了与湿润地区差异显著的环境选择压力。在此背景下,相关水库沉积物细菌群落的结构特征、季节动态及环境响应机制仍亟待阐明。

基于此,本研究选取宁夏清水河流域8座典型水库,于平水期、丰水期、枯水期分别采集沉积物样品。通过整合16S rRNA基因高通量测序结果和理化参数分析,重点揭示:(1)细菌群落组成、多样性及优势类群的季节性分异特征;(2)群落组装过程的主导机制及其季节变化;(3)群落共现网络的拓扑结构及其稳定性;(4)影响群落动态的关键环境因子。研究结果以期深化对干旱半干旱区人工水体微生物生态过程的理解,并为该区域水库的水质维护与生态健康管理提供理论依据。

1 材料与amp;方法

1.1 研究区域与采样点布设

清水河位于宁夏回族自治区南部,是宁夏境内

汇入黄河的最大一级支流,地理坐标为北纬 35.035 2°—37.479 1°,东经 105.545 8°—106.298 8°。该河源自固原市开城乡黑刺沟村,流经南部山区和中部干旱区,最终在中宁县泉眼山汇入黄河。河道全长约 320 km,流域面积 14 481 km²,年均降水量为 349 mm,具有“水少沙多、水土流失严重”的半干旱区河流特征^[13]。自 1956 年起,流域内相继建设了天湖、石峡口、沈家河等多座水库,目前已建成 8 座中型和 80 余座小型水库,在蓄水拦沙和流域生态恢复中发挥着重要作用^[14]。

为系统研究清水河流域水库沉积物细菌群落的时空特征,本研究自北向南选取天湖、石峡口、马高庄、苜麻河、寺口子、海子、冬至河和沈家河共 8 座代表性水库。遴选标准包括:库容与形态具有代表性、以灌溉与防洪为主要功能、无明显点源污染干扰,且采样通达性良好。每座水库在沉积汇聚区布设 1 个固定监测点位(表 1),远离主要入库口与溢洪口,以保证样点代表性。采样点坐标通过手持 GPS 记录,并在 2022 年 5 月、7 月和 12 月进行三期采样。当受水位消落影响时,沿垂线方向下切,确保在同一水下地形单元内,采集水淹区 0—10 cm 表层沉积物样品。

表 1 水库采样点位置信息

Table 1 Location information of reservoir sampling sites

水库名称	水库编号	纬度 N/(°)	经度 E/(°)	海拔/m
天湖水库	R ₁	37.26169488	105.74758094	1272.17
石峡口水库	R ₂	36.82923695	105.91358243	1389.70
马高庄水库	R ₃	36.86219983	106.42435030	1504.01
苜麻河水库	R ₄	36.39761935	106.03999635	1711.95
寺口子水库	R ₅	36.26991802	105.97402239	1682.49
海子水库	R ₆	36.19735805	105.86344388	1867.88
冬至河水库	R ₇	36.13175624	106.15517759	1610.33
沈家河水库	R ₈	36.10296334	106.26576699	1792.14

1.2 样品采集与分析

在各采样点,使用抓斗式采泥器采集表层沉积物,每点采集 3 份混合均匀后作为代表样品。样品立即分装:一份保存于无菌离心管中,用于细菌 DNA 提取;另一份装入无菌袋,低温冷藏以备理化分析。共测定 pH、电导率(Electrical Conductivity, EC)、总氮(Total Nitrogen, TN)、总磷(Total Phosphorus, TP)、有机质(Soil Organic Matter, SOM)、铵态氮(NH₄⁺-N)、有效钾(Available Potassium, AK)、交换性镁(Ex-Mg)、交换性钙(Ex-Ca)、水溶态氟(Ws-F)和有效磷(Available Phosphorus, AP)共 11 项沉积物理化指标,所有测定均参照国家相关标准方法进行。

1.3 DNA 提取与高通量测序

采用 16S rRNA 基因扩增子测序技术分析沉积物

微生物群落组成。首先提取样品总 DNA,并使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其纯度和浓度。以引物 341F/806 R 扩增 16S rRNA 基因 V3-V4 区,PCR 程序为 98 °C 预变性 1 min;30 个循环(98 °C 10 s,50 °C 30 s,72 °C 30 s);72 °C 终延伸 5 min。扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测并纯化后,按浓度等量混合构建测序文库。文库经 Qubit 及 qPCR 定量质检合格后,在 Illumina NovaSeq6000 平台进行 PE250 双端测序。下机数据通过 Qiime2 平台中的 DADA2 插件进行质控、去噪、拼接和去嵌合体处理,最终按 100% 相似度生成 ASV (Amplicon Sequence Variant) 特征表。ASV 序列使用 SILVA 数据库(v138)进行物种注释。测序及生物信息分析由北京诺禾致源科技股份有限公司完成。

1.4 数据统计与分析

采用 Excel 2021 和 SPSS 29.0 对沉积物理化参数与细菌丰度数据进行整理与初步统计分析。除特别说明外,所有图表均由 R 软件(v4.4.3)绘制。细菌 α 多样性指数(Observed species, Shannon 和 Chao1)使用 R 中 vegan 包计算,月份间差异通过 Wilcoxon 秩和检验分析。β 多样性基于 Bray-Curtis 距离进行主坐标分析(Principal Coordinates Analysis, PCoA),群落稳定性以平均变异度指数(Average Variation Degree, AVD)评价,AVD 越低表明群落越稳定。采用中性群落模型(Neutral Community Model, NCM)评估群落组装过程。细菌共现网络分析选取相对丰度大于 0.01% 且在超过 20% 样本中存在的 ASVs,使用 psych 包计算 Spearman 相关性,保留相关系数 $r > 0.7$ 且 $p < 0.05$ 的显著关系构建网络,并在 Gephi(v0.10.1)中完成可视化。环境因子与群落结构的关系通过冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)进行解析,分析前采用方差膨胀因子(Variance Inflation Factor, VIF)检验排除多重共线性变量($VIF \geq 10$)。进一步选取关键环境因子,分别与 Shannon 指数和 Chao1 指数建立线性回归模型,以明确其对多样性和丰富度的具体影响。

2 结果与分析

2.1 水库沉积物的理化特征

各水库沉积物 11 项理化指标测定结果见表 2。沉积物整体呈弱碱性,pH 范围为 8.05~8.97,呈先降后升趋势,7 月值最低,12 月回升,且二者差异显著($p < 0.05$)。AK 同样在 7 月降至最低,12 月显著回升($p < 0.05$)。EC 在 7 月丰水期达到峰值(平均 1 847.38 μS/cm),明显高于 5 月(平均 1 199.88 μS/cm)和 12 月

(平均 1 172.22 $\mu\text{S}/\text{cm}$)。Ex-Mg 和 AP 自 5 月起持续升高,而 NH_4^+-N 随时间逐渐下降。相比之下,SOM、

TP、TN、Ex-Ca 和 Ws-F 在不同月份间波动较小,无显著差异,整体保持相对稳定。

表 2 不同月份水库沉积物理化性质特征

Table 2 Physicochemical properties of reservoir sediments in different months

理化指标	pH	EC/ ($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	TP/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	TN/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	SOM/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	Ws-F/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	$\text{NH}_4^+-\text{N}/$ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	Ex-Mg/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	Ex-Ca/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	AP/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	AK/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)
5月	8.52±0.27	1199.88±724.83	0.62±0.10	0.37±0.21	13.51±13.03	592.75±197.85	43.46±23.42	191.25±75.11	2962.50±465.79	19.57±11.62	140.41±55.72
7月	8.39±0.27	1847.38±1080.43	0.56±0.12	0.36±0.29	17.37±22.13	458.00±86.06	39.25±45.05	225.00±117.84	3731.25±1206.51	20.82±9.71	97.67±53.79
12月	8.67±0.25	1172.22±1108.66	0.63±0.19	0.55±0.49	15.18±26.80	455.12±130.09	26.49±14.97	408.12±218.68	3398.50±953.62	24.75±7.90	197.23±113.71

2.2 水库沉积物细菌群落多样性

采用 Chao1、Observed species 和 Shannon 指数评估沉积物细菌群落的 α 多样性。如图 1 所示,整体上,三者均呈现出自 5—12 月逐步下降的趋势,最大值均出现在 5 月,整体表现为 5 月 > 7 月 > 12 月。具体而言,Chao1 指数从 5 月的 1 929.523~2 416.506 降至 12 月的

1 167.609~2 131.407, Observed species 从 1 880~2 578 降至 1 165~2 103, Shannon 指数在 7 月较 5 月明显下降,至 12 月趋于平稳(范围 8.222~10.533)。统计检验表明,5 月与 12 月间 3 个指数均存在显著差异($p < 0.05$),而相邻月份间无显著差异,反映出从春末到冬季细菌群落的物种丰富度与均匀度均有所降低。

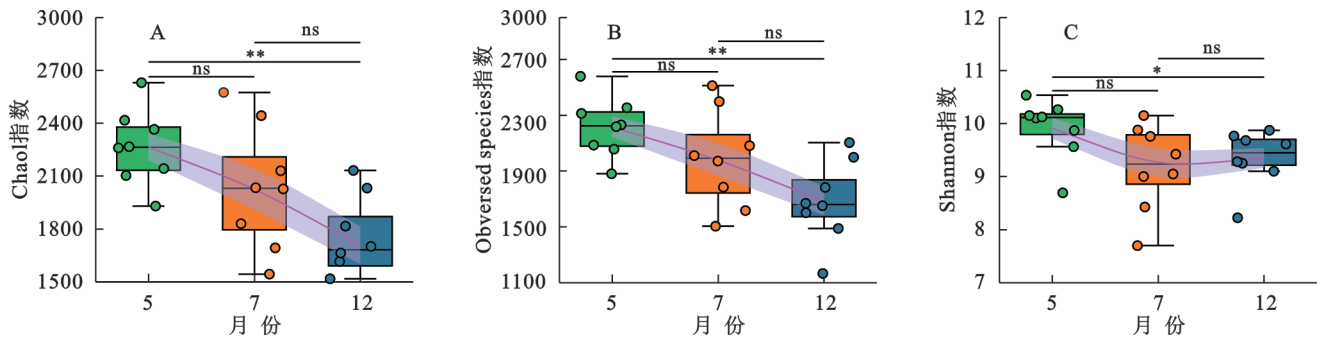


图 1 不同月份水库沉积物细菌群落的 Alpha 多样性

Fig. 1 Alpha diversity of bacterial communities in reservoir sediments across different months

2.3 水库沉积物细菌群落结构组成

2.3.1 门水平沉积物细菌结构组成 在门水平上,不同时期细菌群落组成在类群上相似,但相对丰度存在明显变化(图 2)。变形菌门(Proteobacteria)在所有样本中均为最优势类群,其平均相对丰度在 5 月、7 月和 12 月分别为 37.08%、47.50% 和 42.73%。拟杆菌门(Bacteroidota)为第二优势门,相对丰度季节间较为稳定,介于 5.84%~20.54%。厚壁菌门(Firmicutes)的季节波动较大,从 5 月的 16.14% 降至 7 月的 4.19%,12 月回升至 9.47%。硫还原菌门(Desulfobacterota)丰度较为稳定,3 个时期平均值分别为 9.00%、7.76% 和 8.15%。此外,放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和蓝细菌门(Cyanobacteria)等类群的相对丰度均低于 5%,季节间变化较小。

2.3.2 科水平沉积物细菌结构组成 如图 3 所示,科水平上相对丰度前 10 的物种组成表明,沉积物中存在大量未分类或未定性的细菌类群,说明该生境中微生物分类学研究仍有待深入。Chloroplast 和 Comamonadaceae 科在 3 个时期均保持优势,表现稳定:Chloroplast 平均相对丰度在 5 月、7 月和 12 月分别

为 1.41%、3.13% 和 1.77%; Comamonadaceae 科分别为 4.23%、4.97% 和 4.80%。Enterobacteriaceae 科则呈现较大波动,从 5 月的 0.49% 降至 7 月的 0.11%,12 月显著上升至 2.09%。其余主要科的相对丰度均较低,在不同月份和采样点间变化较小,未表现出显著季节性趋势。

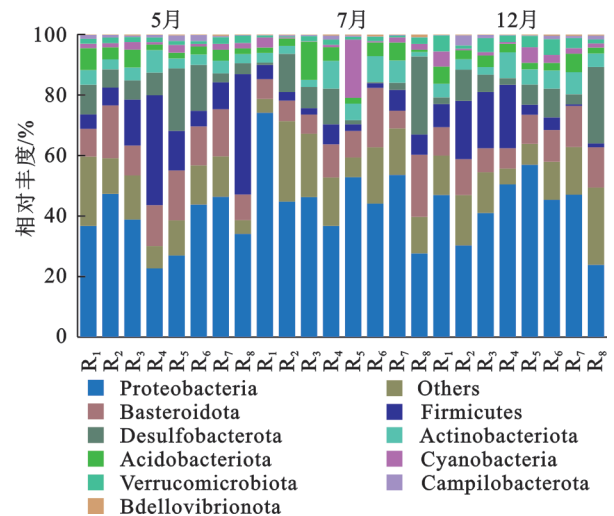


图 2 不同月份水库沉积物细菌门水平相对丰度

Fig. 2 Phylum-level relative abundance of bacteria in reservoir sediments across different months

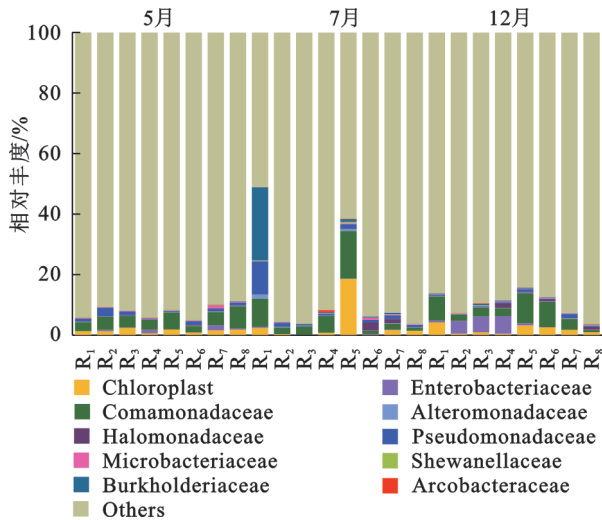
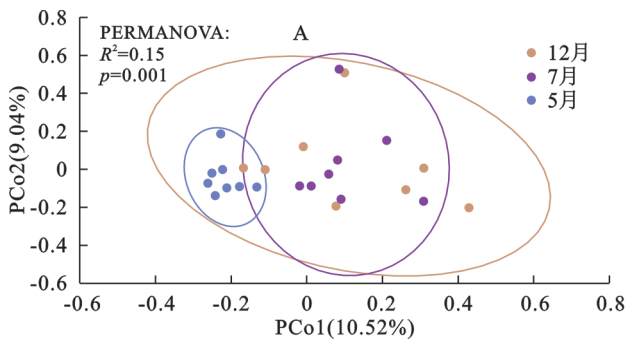


图3 不同月份水库沉积物科水平细菌相对丰度
 Fig. 3 Family-level relative abundance of bacteria in reservoir sediments across different months



2.4 水库沉积物细菌群落结构差异与稳定性

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA) 显示,不同月份的细菌群落结构呈现明显分离趋势(图 4A),PCoA1 和 PCoA2 两个主轴共解释了 19.56% 的群落结构变异。5 月样本聚集程度最高,表明群落结构最为稳定;7 月和 12 月样本分布较为分散,显示群落异质性增强,其中 12 月各采样点间差异最大。PERMANOVA 分析进一步证实月份间群落结构差异显著 ($R^2=0.15, p=0.001$),说明季节更替是驱动群落变异的重要因素。通过平均变异度指数 (AVD) 评估群落稳定性(图 4B),结果显示 5 月、7 月和 12 月的 AVD 值分别为 0.44, 0.45, 0.43, 三者无显著差异,但 12 月略低,表明该时期群落结构具有相对较高的稳定性。

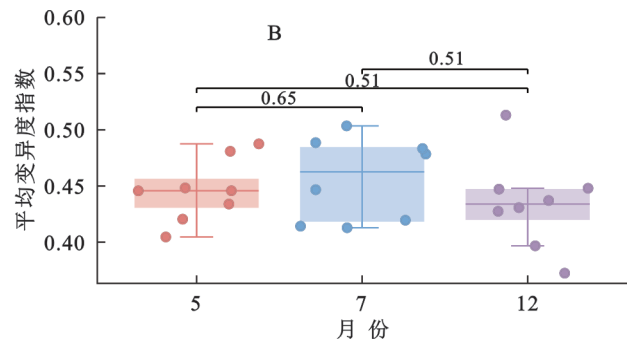


图4 不同月份水库沉积物细菌群落结构差异与稳定性

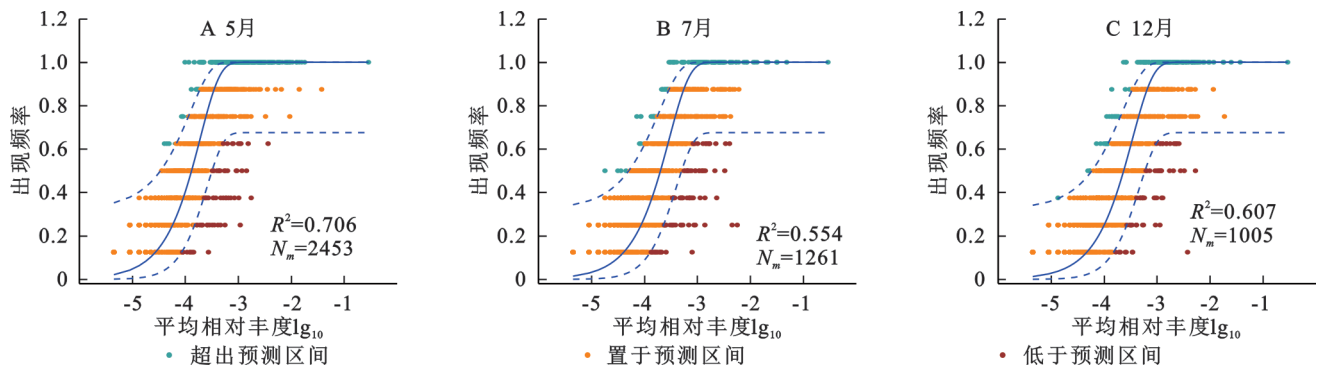
Fig. 4 Differences and stability of bacterial community structure in reservoir sediments across different months

2.5 水库沉积物细菌群落的组装机制

本研究采用中性群落模型评估随机过程在水库沉积物细菌群落组装中的作用。

结果显示(图 5),该模型在各时期均表现出良好的拟合效果,5 月、7 月和 12 月的拟合优度 (R^2) 分别为 0.706, 0.554, 0.607,说明随机扩散过程始终是驱动群

落组装的重要机制,其中 5 月随机性作用的贡献最大。同时,5 月、7 月和 12 月的 N_m 值分别为 2 453, 1 261, 1 005,呈逐渐递减趋势,反映出细菌群落的扩散能力随时间减弱。上述结果共同表明,尽管随机过程在整个研究期间占据主导地位,但其影响强度自 5 月至 12 月逐渐降低。



注:实线表示模型的最佳拟合线, R^2 值用于评估该曲线与数据点的拟合程度;虚线表示模型预测的 95% 置信区间的上下限。 N_m 表示样本中物种个体总数的平均值 N 与迁移率 m 的乘积。

图5 不同月份水库沉积物细菌群落组装机制

Fig. 5 Assembly mechanisms of bacterial communities in reservoir sediments across different months

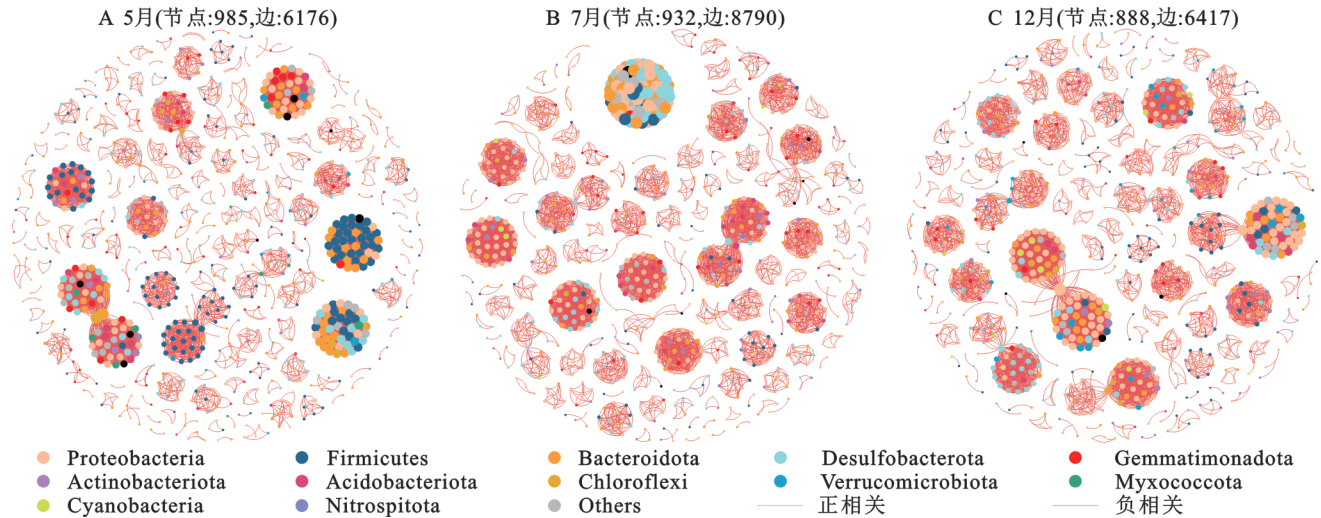
2.6 水库沉积物细菌群落的共现网络

为揭示不同时期沉积物细菌群落的相互作用模

式及其网络结构差异,本研究基于 Spearman 相关性构建了沉积物细菌共现网络(图 6),并总结了其拓朴

属性(表3)。结果表明,不同时期网络结构特征存在明显差异。7月网络边数最多(8 790),节点数为932,表现出最高的复杂性和连接紧密性;5月节点数最多(985),但边数(6 176)低于7月;12月节点数最低(节点:888,边:6 417)。从拓扑特征来看,5月、7

月和12月网络的平均度分别为12.540,18.863,14.453,模块化指数分别为0.903,0.766,0.906,显示3个时期均具有明显的模块结构。综合表明,7月网络中模块间连接更为频繁,而5月和12月则表现出更强的模块内连接性与结构稳定性。



注:节点越大表示平均度越大。

图6 不同月份水库沉积物细菌群落共现网络

Fig. 6 Co-occurrence networks of bacterial communities in reservoir sediments across different months

表3 不同月份水库沉积物细菌群落共现网络拓扑特征参数

Table 3 Topological parameters of bacterial co-occurrence networks in reservoir sediments across different months

月份	节点数	边数	平均度	平均路径长度	正相关比例	模块化指数	平均聚类系数
5月	985	6176	12.540	1.244	0.9738	0.903	0.970
7月	932	8790	18.863	1.119	0.9913	0.766	0.977
12月	888	6417	14.453	1.35	0.9825	0.906	0.978

2.7 水库沉积物细菌群落的驱动因素

通过冗余分析(RDA)和方差分解分析(Variation Partitioning Analysis, VPA)解析了环境因子对细菌群落结构的影响。VIF分析显示所有环境变量VIF值均小于10,表明不存在严重多重共线性。RDA分析结果显示(图7A),第一轴(RDA1)和第二轴(RDA2)分别解释了细菌群落结构变异的30.29%和22.84%。细菌群落结构主要受pH、EC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、AP和TN等因子的影响。相比之下,Ws-F对应的射线最短,表明其影响较弱。VPA结果表明(图7B),营养盐因子($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、AK、AP、SOM、TN、TP)可独立解释2.2%的群落变异,而Ex-Ca和Ex-Mg共同解释了3.1%的变异。而pH、EC和水溶态氟(Ws-F)的独立解释率均为-4%,表明它们对细菌群落结构可能具有负向调控作用。当营养盐因子与pH和EC共同作用时,总的解释率提升至5.7%。然而,VPA分析还表明,仍有较大比例的群落结构变异无法通过当前环境因子解释。

通过冗余分析结果,进一步对前5个主要影响因子与Shannon指数和Chao1指数之间的关系进行了线

性回归分析。结果显示(图8),Shannon指数与AP、pH、TN和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 均呈正相关,其中与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的正相关最为明显,表明铵态氮浓度的增加有助于提升细菌群落的多样性。另一方面,Shannon指数与EC呈现负相关趋势,说明较高的电导率可能抑制某些细菌的生长,从而导致群落多样性的下降。Chao1指数与AP、EC、pH和TN均呈负相关,而仅与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈正相关,结果表明, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 是促进细菌群落多样性和丰富度提升的关键环境因子。

3 讨论

3.1 沉积物细菌群落组成和多样性差异

细菌群落在自然生态系统中是物质循环的核心要素,特别在沉积物中,它们对生源要素的迁移与转化过程具有关键调控作用。尽管已有研究表明细菌群落的多样性及组成在不同季节存在显著变化,但其变化驱动机制仍存在区域差异与研究空白^[15]。本研究基于清水河流域8个典型水库的沉积物样本,发现细菌 α 多样性指数表现为5月(平水期) $>$ 7月(丰水期) $>$ 12月(枯水期)。这一趋势可能与水位变化、

水温、溶解氧以及营养盐浓度的季节性波动密切相关。5月水位稳定,营养条件丰富,利于细菌生长繁殖;7月水体交换频繁,对沉积物微生物产生稀释效应,导致多样性下降^[6];12月低温与营养限制则进一步抑制细菌活性。已有研究表明通常夏季沉积物微生物多样性大于冬季^[16],本研究进一步揭示了水库沉积物细菌5月到7月的多样性差异,反映出水文条件与微生物生态之间复杂的响应关系。同时,先前研究发现大坝水体中的微生物群落受到水库蓄水和

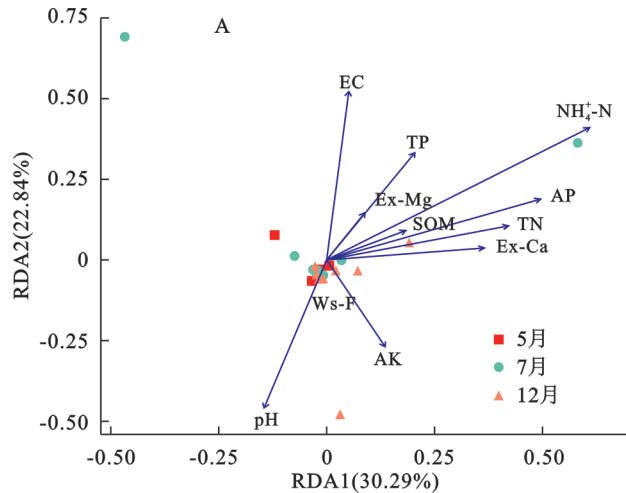


图7 水库沉积物细菌群落结构与环境因子的RDA与VPA分析

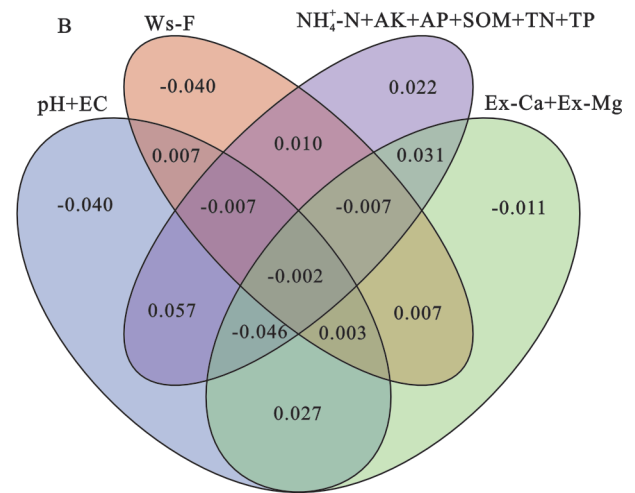
Fig. 7 RDA and VPA analyses of bacterial community structure and environmental factors in reservoir sediments

清水河流域水库沉积物中,变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和硫还原菌门是主要的优势类群,其中变形菌门的相对丰度最高。这与既往研究结果一致^[18],变形菌门具有较高的代谢多样性与环境适应性,广泛参与氮转化与污染物降解等过程,对维持水库营养循环与生态稳定具有重要作用^[19]。拟杆菌门和厚壁菌门主要参与有机质降解,推动碳循环与能量流动;厚壁菌门在7月丰水期丰度显著下降,可能源于水流加剧和溶氧变化对其厌氧代谢的抑制。硫还原菌门则通过硫酸盐还原参与硫循环,对沉积物中生源硫的转化与固定具有重要生态意义^[20]。这些菌门不仅独立发挥作用,更通过协同代谢共同支撑沉积物中有机物降解与元素循环。其相对丰度的季节性波动反映出沉积物生态系统对环境变化的敏感响应,也凸显了微生物过程在水库生态功能与管理中的关键地位。

3.2 沉积物细菌群落共现网络和组装过程

水库沉积物细菌群落的共现网络结构呈现明显的季节性差异,反映出水文动态对微生物互作模式与群落稳定性的重要影响。5月(平水期)与12月(枯水期)的网络模块化程度较高、结构更为紧凑,显示这两个时期群落内物种联结更为紧密、结构更稳定

排水直接和间接的影响^[17],同样,由于理化性质的季节性差异,水库沉积物中细菌群落季节性分布规律也可能与蓄水和排水有关^[4]。此外, β 多样性分析同样显示群落结构受季节变化显著影响,5月与7月、12月样本间分离明显,说明环境时序变化驱动了群落重构。值得注意的是,12月样本PCoA分布分散而AVD值最低,表明其群落差异虽大但整体稳定性较高。该现象可能与AVD指标对极端值不敏感、更反映结构一致性有关。



且生态功能分区明确^[21]。12月尽管环境温度低、资源受限,群落仍保持较高凝聚性,反映出在环境胁迫下微生物可能发生生态位收敛,趋向于形成更为稳定的共生组合。与之相反,7月(丰水期)网络中边数量和平均度显著升高,表明物种间潜在互作增强,但模块化指数降低,群落结构趋于松散。该变化可能源于丰水期强烈的水体扰动、营养盐输入变化和水流作用增强,导致原有微生境和群落模块发生重构,稳定性因而降低^[22]。此外,3个时期的网络正相关比例均较高,显示细菌群落以协同互促关系为主,拮抗作用较弱。

微生物群落的结构与功能受到群落组装过程影响。生态位理论强调环境选择和种间相互作用等确定性因素主导群落构建^[23],而中性理论则认为种群的出生、死亡、扩散和随机迁移等非选择性过程也同样重要^[24]。越来越多研究发现,群落的形成往往是确定性与随机性共同驱动的结果^[25]。二者相对贡献则取决于环境条件、胁迫强度及生物类群特性。通常,在环境适宜、资源充足时,随机性过程贡献较大,物种多样性较高^[26]。而在胁迫增强、环境异质性升高时,确定性筛选作用增强,多样性往往随之下降^[27]。

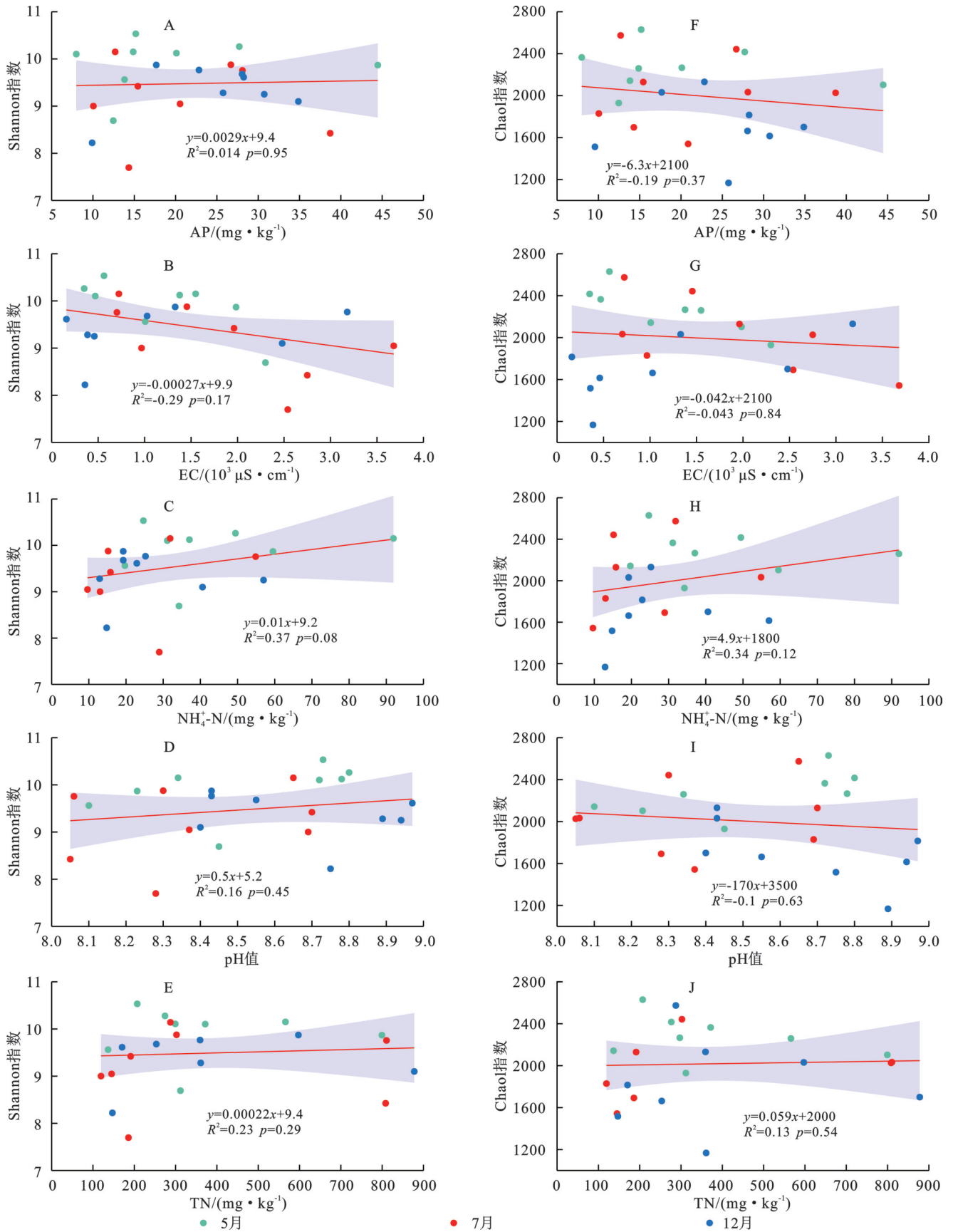


图 8 水库沉积物细菌群落多样性与关键环境因子的线性关系

Fig. 8 Linear relationships between bacterial community diversity and key environmental factors in reservoir sediments

本研究借助中性群落模型分析表明,随机性过程在清水河流域水库沉积物细菌群落的组装中始终

占重要地位,且呈现明显季节性波动。5月模型拟合度最高($R^2=0.706$),迁移扩散量最大($N_m=2\ 453$),

说明该时期环境宽松,随机扩散主导群落构建;随季节变迁,7月($R^2=0.554$, $N_m=1\ 261$)与12月($R^2=0.607$, $N_m=1\ 005$)的拟合效果与迁移率逐渐下降,反映随机作用减弱而环境选择增强,特别是在12月,水温、营养盐和溶氧等因子可能成为群落构建的关键驱动力。该结果与 α 多样性(5月最高,12月最低)的变化一致,共同说明随着环境约束增强,群落组装由随机主导逐步转向确定性筛选为主。

3.3 沉积物细菌群落的影响因素

本研究通过冗余分析(RDA)与方差分解分析(VPA),系统解析了环境因子对细菌群落结构的影响及其贡献程度。RDA结果表明pH、EC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、AP和TN是影响细菌群落结构的主要因素,其中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ ($R^2=0.6362$, $p<0.05$)贡献最大,其次为AP($R^2=0.3376$, $p<0.05$),突显氮、磷营养盐在群落构建中的关键作用^[28]。VPA结果显示,营养盐类因子可独立解释2.2%的群落变异,与pH和EC协同可共同解释5.7%,反映多因子间存在复合调控效应。Ex-Ca与Ex-Mg联合解释3.1%的变异,说明矿物离子可能通过改变沉积物微环境间接影响微生物代谢与组成^[29]。值得注意的是,pH、EC与水溶态氟(Ws-F)在VPA中表现出一4%的独立解释率,表明这些因子可能在特定水文条件下对微生物群落产生胁迫作用,进而抑制群落的多样性^[30]。尽管如此,当前环境变量仍未能完全解释群落变异,非环境因素也可能发挥重要影响,未来研究需进一步深入探讨。

基于RDA分析结果,进一步对前5个主要环境因子与 α 多样性指标进行线性回归分析。Shannon指数与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈较强正相关,同时与AP、pH、TN亦呈正相关,而与EC呈负相关。这一结果表明,铵氮有助于提升群落多样性,而高电导可能通过渗透胁迫或离子毒性抑制部分类群生长,从而导致多样性下降。Chao1指数仅与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 正相关,与其他因子均为负相关,进一步强调铵氮在促进物种丰富度方面的积极作用。上述结果表明, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 是影响细菌群落结构、多样性与丰富度的关键因子,其在富营养化沉积环境中的动态对微生物群落构建具有重要调控意义。因此,在水库生态管理中,尤其在农业退水显著或水位变动剧烈时期,需注重铵氮水平的监测与调控,以维持沉积物微生物群落的功能稳定性。

4 结论

(1) 清水河流域典型水库沉积物细菌群落的多

样性和结构具有明显的季节性特征。 α 多样性表现为5月(平水期) $>$ 7月(丰水期) $>$ 12月(枯水期)。变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和硫还原菌门为优势类群,其相对丰度随季节发生波动。群落结构差异主要受水温、营养盐和溶解氧等环境因子季节变化的影响,其中12月群落虽离散度较高,但平均变异度(AVD)最低,稳定性最强。

(2) 清水河流域典型水库沉积物细菌群落的共现网络结构及组装过程存在明显的季节分异。5月与12月群落网络结构更为紧凑、模块化程度高,稳定性较强;7月网络连通性增强而模块性下降,结构趋于松散。中性群落模型表明,随机过程在整个时期均占主导地位,但其作用强度随时间逐渐减弱,至12月最低,反映出环境过滤效应的季节性增强。

(3) $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、AP、pH和EC是影响细菌群落结构的主要环境因子。其中, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与细菌群落的Shannon和Chao1指数均呈正相关,表明铵氮不仅是群落结构变化的关键驱动力,也对维持物种多样性和丰富度具有重要作用。

参考文献(References):

- [1] Angelakis A N, Baba A, Valipour M, et al. Water dams: from ancient to present times and into the future [J]. *Water*, 2024,16(13):1889.
- [2] Chen J G, Wang J F, Guo J Y, et al. Eco-environment of reservoirs in China: characteristics and research prospects [J]. *Progress in Physical Geography: Earth and Environment*, 2018,42(2):185-201.
- [3] Dey S, Botta S, Kallam R, et al. Seasonal variation in water quality parameters of Gudlavalleru Engineering College pond [J]. *Current Research in Green and Sustainable Chemistry*, 2021,4:100058.
- [4] Li Y, Gao Y, Zhang W L, et al. Homogeneous selection dominates the microbial community assembly in the sediment of the Three Gorges Reservoir [J]. *Science of the Total Environment*, 2019,690:50-60.
- [5] Guo J, Zheng Y Y, Teng J H, et al. Characteristics of spatial distribution for microbial ecology inside and outside source water reservoir [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021,311:127697.
- [6] Zhang M Z, Wu Z J, Sun Q Y, et al. The spatial and seasonal variations of bacterial community structure and influencing factors in river sediments [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019,248:109293.
- [7] 刘慧博,范逸飞,林蓉,等.深水型水库浮游细菌群落结构及组装模式的时空变化特征 [J]. *湖泊科学*, 2025,37(5):1744-1760.

- Liu H B, Fan Y F, Lin R, et al. Spatiotemporal characteristics of bacterioplankton community structure and assembly patterns in deep-water reservoir[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2025, 37(5):1744-1760.
- [8] 陈露欣,李哲,汤琼,等.金沙江下游梯级水库浮游细菌群落结构及生态过程[J]. *环境科学*, 2025, 46(5):2805-2815.
Chen L X, Li Z, Tang Q, et al. Structure and ecological processes of the bacterioplankton community in the cascade reservoirs of the lower reaches of the Jinsha River [J]. *Environmental Science*, 2025, 46(5):2805-2815.
- [9] 张玮玮,高姗姗,李梦璐,等.丹江口水库浮游细菌和氮磷循环基因垂直分布特征及其驱动因素[J]. *环境科学*, 2024, 45(7):3995-4005.
Zhang W W, Gao S S, Li M L, et al. Vertical distribution characteristics and driving factors of bacterioplankton and nitrogen phosphorus cycle genes in Danjiangkou Reservoir [J]. *Environmental Science*, 2024, 45(7):3995-4005.
- [10] 刘振军,张倩倩,郭瑞莲,等.峡山水库水体和沉积物中微生物群落结构组成研究[J]. *水生生物学报*, 2024, 48(12):2081-2091.
Liu Z J, Zhang Q Q, Guo R L, et al. Composition of microbial community structure in water and sediments of Xiashan reservoir in Shandong Province [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2024, 48(12):2081-2091.
- [11] 陈颖,王佳文,梁恩航,等.密云水库细菌群落组成结构及影响因素[J]. *环境科学*, 2023, 44(6):3247-3259.
Chen Y, Wang J W, Liang E H, et al. Composition structure and influence factors of bacterial communities in the Miyun Reservoir [J]. *Environmental Science*, 2023, 44(6):3247-3259.
- [12] 丁宁,杨莹莹,万年新,等.调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素[J]. *环境科学*, 2023, 44(3):1484-1496.
Ding N, Yang Y Y, Wan N X, et al. Seasonal variation and influencing factors of bacterial communities in storage reservoirs[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(3):1484-1496.
- [13] 张欣.清水河流域水文气象要素演变规律及对气候变化的响应规律研究[D].银川:宁夏大学,2022.
Zhang X. Study on the evolution of hydro-meteorological elements in the Qingshui River Basin and their response to climate change[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2022.
- [14] 杨吉山,张晓华,宋天华,等.宁夏清水河流域水库拦沙量分析[J]. *水土保持学报*, 2019, 33(6):170-175.
Yang J S, Zhang X H, Song T H, et al. Analysis of sediment-retaining amount by reservoirs in the Qingshuihe watershed of Ningxia [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 33(6):170-175.
- [15] Lu J W, Qing C, Huang X F, et al. Seasonal dynamics and driving mechanisms of microbial biogenic elements cycling function, assembly process, and co-occurrence network in plateau lake sediments [J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 951:175510.
- [16] Liu T, Zhang A N, Wang J W, et al. Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River [J]. *Microbiome*, 2018, 6(1):16.
- [17] Li Z, Lu L H, Guo J S, et al. Responses of spatial-temporal dynamics of bacterioplankton community to large-scale reservoir operation: a case study in the Three Gorges Reservoir, China[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7:42469.
- [18] Liu S Y, Liu J, She J Y, et al. Microbial features with uranium pollution in artificial reservoir sediments at different depths under drought stress [J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 919:170694.
- [19] Li J L, Lu Y L, Chen X T, et al. Seasonal variation of microbial community and diversity in the Taiwan Strait sediments [J]. *Environmental Research*, 2025, 268:120809.
- [20] Kumar U, Panneerselvam P, Gupta V V S R, et al. Diversity of sulfur-oxidizing and sulfur-reducing microbes in diverse ecosystems[M]//*Advances in Soil Microbiology: Recent Trends and Future Prospects*. Singapore: Springer Singapore, 2018:65-89.
- [21] Li J C, Sun Y C, Fang M Z, et al. The potential of magnetic biochar prepared by a solvent-free method as a soil amendment: metal immobilization performance, soil microbial co-occurrence network and community assembly mechanism [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2024, 12(5):113565.
- [22] Hernandez D J, David A S, Menges E S, et al. Environmental stress destabilizes microbial networks [J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(6):1722-1734.
- [23] Qu W, Zuo Y Q, Zhang Y X, et al. Structure and assembly process of fungal communities in the Yangtze River Estuary[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14:1220239.
- [24] Zou J, Xiao Y Y, Wu P, et al. Distribution, community structure and assembly patterns of phytoplankton in the northern South China Sea[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15:1450706.
- [25] Zhang H H, Ni T C, Liu X, et al. Ignored microbial-induced taste and odor in drinking water reservoirs: Novel insight into actinobacterial community structure, assembly, and odor-producing potential [J]. *Water Research*, 2024, 264:122219.