

文章编号: 1674-5566(2023)03-0575-11

DOI:10.12024/jsou.20210403402

多营养层级淡水生态系统构建对微生物的影响

韩政¹, 汤春宇², 邵留^{1,3}, 陈嗣威¹, 张晟曼¹, 何培民^{1,3}

(1. 上海海洋大学 海洋生态与环境学院, 上海 201306; 2. 东北农业大学 水利与土木工程学院, 黑龙江 哈尔滨 150030; 3. 上海海洋大学 水域环境生态上海高校工程研究中心, 上海 201306)

摘要: 微生物是淡水生态系统的重要组成部分, 其群落组成与水环境密切相关。在室内设置 5 个试验组, 种植常绿型沉水植物苦草 (*Vallisneria spiralis*) 同时引入铜锈环棱螺 (*Bellamya aeruginosa*)、三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*) 和鲫 (*Carassius auratus*) 来模拟生态系统中的生物种群结构。通过构建多营养层级淡水生态系统, 探究了不同水生生物对细菌群落结构的影响。结果表明, 构建的几种淡水生态系统中优势细菌类群为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、拟杆菌门 (Bacteroidota) 和蓝细菌门 (Cyanobacteria), 螺、蚌、鱼的存在极大地减少了水体中蓝细菌门的数量, 能够有效控制蓝细菌过度繁殖。细菌多样性指数 (Shannon 指数) 在草、草-螺-蚌组中较高, 而在草-螺-草-螺-蚌-鱼组中较低。冗余分析 (RDA) 表明, 各系统间微生物群落丰度存在明显的差异, 不同水生生物的引入和溶解氧含量是影响微生物群落变化的直接因素, 而营养盐浓度的变化主要依赖于水生生物与微生物的共同作用, 是影响微生物群落变化的间接因素。综上, 多营养层级生态系统的构建不仅可以改善水质, 也可以提高水体中细菌的多样性, 改变水体中细菌的群落结构, 使之向更加健康、稳定的方向发展。

关键词: 多营养层级; 淡水生态系统; 微生物群落; 多样性; 冗余分析

中图分类号: X 172 **文献标志码:** A

目前众多水处理技术中, 生物修复技术运用范围越来越广, 以水生生物为主导, 构建长期健康、稳定的水体生态系统, 可使水体治理达到可持续的目标^[1]。国内外现有研究^[2-5]发现, 滤食性动物可以控制有害藻类过度繁殖, 促进沉水植被系统构建; 食草性水生动物能够控制水草的过度生长, 防止二次污染。因此, 合理地构建多营养级生物群落, 不仅可以净化水质, 同时还可以产生一定生态和景观效益^[6-7], 具有广泛的应用前景。

微生物在水生态系统中也具有重要的地位, 它们不仅在水生态系统的物质循环中扮演着重要的角色, 在维持水环境稳定的过程中也发挥着重要的作用^[8-11]。微生物可参与水体生态修复, 通过参与硝化、反硝化及厌氧氨氧化作用去除水体中部分污染物^[12-13]。另外, 变形菌门中大多数细菌类群具有降解作用, 这些菌群能够促进沉水植物对氮、磷等营养元素的吸收^[14]; 同时养蚌水

体中细菌能够影响三角帆蚌肠道菌群组成, 进而影响蚌的生长发育^[15]。因此, 在构建多营养级生物群落过程中, 探究水生动植物联合的生物扰动作用对水体微生物多样性、丰度、群落结构的影响, 对于水环境治理具有十分重要的意义。

一些学者针对水生动物和水生植物组成的水下生态系统展开了研究。相关研究^[16-19]表明, 不同水生生物的联合修复可以改善水环境质量, 丰富物种多样性, 提高生态系统的稳定性。然而, 多营养层级动植物联合的生物扰动作用对水体微生物群落结构和多样性的影响, 目前知之甚少。为此, 本文探究构建不同营养层级生态系统对微生物的影响, 通过选取 4 种常见的水生生物为研究对象, 分析其构建的水下生态系统对水环境因子及细菌类群的影响, 以期水生态修复工程中构建长期健康稳定的多营养层级生态系统提供理论依据。

收稿日期: 2021-04-19 修回日期: 2021-10-21

基金项目: “十三五”国家水污染控制与处理科技重大专项(2017ZX07205)

作者简介: 韩政(1995—), 女, 硕士研究生, 研究方向为水域生态修复。E-mail: 18800276228@139.com

通信作者: 何培民, E-mail: pmhe@shou.edu.cn

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

1 材料与方

1.1 试验材料

试验容器:采用规格为 100 L(直径 40 cm、高 62 cm)的白色塑料桶作为构建水下微生态系统的环境容器。并设置曝气装置,主要起充氧和循环扰动作用。

参考目前水域生态修复工程中常用的沉水植物之一苦草 (*Vallisneria natans*) 作为水下主体植物,同时引入水生动物铜锈环棱螺 (*Bellamya aeruginosa*)、三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*) 和鲫 (*Carassius auratus*) 以构建水生动物群落,从而形成较为完整的食物链。试验所用的苦草、铜锈环棱螺[平均质量(2.20 ± 0.02) g]和三角帆蚌[平均体质量(40.0 ± 0.4) g]均取自太和水环境科技发展有限公司金山区枫泾基地,鲫[平均体质量(6.0 ± 0.2) g]购自上海岚灵花鸟市场,取回后均洗净放入水箱中暂养备用。

试验用水原水为上海海洋大学临港校区明湖湖水,并通过添加氯化铵 (NH_4Cl)、硝酸钾 (KNO_3) 及磷酸氢二钾 (K_2HPO_4) 以保证湖水水质达轻度污染水平,作为试验初始水体。处理后水质指标见表 1。

1.2 试验方法

试验在室内进行,水温控制在 24 °C 左右。共

设置 5 个处理组,分别为无生物组 (C_0)、草组 (C)、草-螺组 (CL)、草-螺-蚌组 (CLB)、草-螺-蚌-鱼组 (CLBY),本试验所用的各种生物材料规格大小均相近,各处理组的生物投加量见表 2,每组设 3 个平行,其水生生物最终投放量通过预实验确定,在淡水生态系统中,沉水植物:底栖动物:鱼的生物量为 5:4:1(其中螺:蚌=1:5)时,系统可维持稳定且水质没有恶化。每个试验桶内放入 5 cm 厚的石英砂以固定根系,加入 60 L 配制好的富营养化水体。初期控制 5 个系统水质状况基本一致,之后每 2 天进行一次水样采集,以完成水体各项理化指标分析,试验维持 24 d。测定指标为溶解氧 (DO)、酸碱度 (pH)、总氮 (TN)、总磷 (TP)、氨氮 (NH_4^+-N)。试验结束时,每个试验桶采集上、中、下 3 层共 5 L,水样混匀后过 0.22 μm 滤膜, -80 °C 保存用于进行高通量测序以分析细菌群落结构。

表 1 试验初始水体营养盐质量浓度

Tab. 1 Mass concentrations of nutrients of lake water at the beginning of the experiment

项目 Item	营养盐质量浓度 Mass concentration of nutrients/(mg/L)	富营养化程度 Degree of eutrophication
TN	2.639 ± 0.032	劣 V 类
TP	0.289 ± 0.006	IV 类
NH_4^+-N	1.123 ± 0.011	IV 类

表 2 水下微型生态系统构建生物配置

Tab. 2 Underwater microecosystem building biological configuration

编号 No.	苦草 <i>Vallisneria natans</i> /g	铜锈环棱螺 <i>Bellamya aeruginosa</i> /g	三角帆蚌 <i>Hyriopsis cumingii</i> /g	鲫 <i>Carassius auratus</i> /g
C_0	-	-	-	-
C	180	-	-	-
CL	180	24(11 只)	-	-
CLB	180	24(11 只)	120(3 只)	-
CLBY	180	24(11 只)	120(3 只)	36(6 尾)

1.3 DNA 提取和 PCR 扩增

将 1.2 节中滤膜剪碎后,参照试剂盒步骤提取基因组 DNA,经 2.0% 琼脂糖凝胶电泳检测,分析样本 DNA 的完整性。采用细菌 16S rRNA 基因引物进行 PCR 扩增,引物设计如表 3 所示,由上海美吉生物公司合成。PCR 反应体系 (20 μL) 含:5 \times Fast Pfu Buffer 4.0 μL 、2.5 mmol/L dNTPs 2 μL 、正向引物 (5 $\mu\text{mol/L}$) 0.8 μL 、反向引物 (5 $\mu\text{mol/L}$) 0.8 μL 、Fast Pfu 聚合酶 0.4 μL 、模板

DNA 10 ng、补灭菌双蒸水至 20 μL 。扩增条件:95 °C 反应 3 min;95 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 45 s 循环 27 次;72 °C 延伸 10 min,保持 10 °C 终止反应。每个样品 3 个重复,将同一样品 PCR 产物混合后用 2.0% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 DNA 凝胶回收试剂盒 (Axy Prep,AXYGE 公司) 切胶回收 PCR 产物,Tris-HCl 洗脱,采用蓝色荧光定量系统 (QuantiFluorTM-ST, Promeg 公司) 进行定量检测,按测序量要求进行相应调整。

PCR 最终产物交由上海美吉生物公司,委托进行高通量测序^[20]。

表 3 引物设计
Tab. 3 Primer design

项目 Item	测序区域 Sequencing area	引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence
细菌 Bacteria	338F_806R	338F	ACTCCTACGGGAGGCAGCAG
		806R	GGACTACHVGGGTWTCTAAT

1.4 数据处理与分析

运用 Microsoft Excel 2007 进行数据统计分析,水质数据使用 GraphPad Prism 7.04 处理并绘制图形;微生物群落丰度分析及冗余分析(RDA)均使用 R 4.0.3 软件进行制图;使用 SPSS 24.0 进行单因素方差分析(One-way ANOVA), $P < 0.05$ 表示差异显著。

2 结果与分析

2.1 水体理化特征

试验期间,5 个不同处理组水体各项理化指标呈现不同的变化趋势。各处理组的总氮(TN)和氨氮($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)整体呈下降趋势(图 1),0 ~ 12 d,C、CL、CLB 组的总氮含量迅速降低,3 组去除效果无显著性差异($P > 0.05$),C 组氨氮去除效果最好,与其他 4 组差异显著($P < 0.05$);试验结束时,CLB 组的总氮浓度最低,且与其他 4 组差异显著($P < 0.05$),CL 组氨氮浓度最低,且与 CLB 组差异不显著($P > 0.05$)。各处理组中总磷呈先降后升的变化趋势(图 1),之后趋于稳定。水体溶解氧(DO)含量的总体变化呈波动上升趋势,且对照组明显低于其他各组($P < 0.05$)。

2.2 细菌群落结构丰富度和多样性

由表 4 可知,所有样品的覆盖度(Coverage)均在 0.98 以上,说明本次测序结果反映了样本中微生物的真实情况,数据结果可靠。Chao 指数和 Ace 指数表征了细菌丰富度,两者越大说明微生物丰富度越高。Simpson 指数和 Shannon 指数表征了细菌多样性,前者越低,后者越高,说明微生物多样性越高。Chao 和 Ace 指数的变化趋势为 CLB 组 > CLBY 组 > C 组 > CL 组 > C₀ 组,而 Shannon 指数的变化趋势为 C 组 > CLB 组 > C₀

组 > CL 组 > CLBY 组。因此,总体来说,丰度(物种总数)变化趋势为 CLBY 组 > C 组,多样性变化趋势为 CLBY 组 < C 组。

2.3 微生物群落相似性及差异性分析

由测序结果绘制了能够反映系统中 OTUs 分布的 Venn 图(图 2)。从图中可以看出,5 组水样含有的 OTU 数量分别为 1 223 个、1 614 个、1 312 个、1 716 个和 1 545 个,共有的 OTU 数量为 509 个,占 OTU 数量最多的 CLB 样品的 29.66%,占 OTU 数量最少的 C₀ 样品的 41.62%。CLBY 中特有的 OTU 数量最多,为 287 个,占该样品 OTU 总数的 18.58%;特有程度最低的为 CL,仅占 5.03%。从数量上看,表明投加 4 种生物后明显改变了原始微生物群落组成。

本研究采用 PCoA 分析来衡量样本间群落物种组成的相似度,结果如图 3 所示。PCoA 的前两个变量总共可以解释 68.25% 的数据,其中第一轴(PC1)可以解释 44.64% 的数据,第二轴(PC2)可以解释 23.61% 的数据。从图中可以看出,C₀、CL 和 CLB 组聚集在一起,表明这 3 个样本的细菌群落结构相似度较高。而 CLBY 组在第一主成分轴上与其他样品分开,说明 CLBY 组样品 OTU 种类与其他 4 组存在差异,即投加鲫鱼可使微生物种类发生明显变化。C 组又在第二轴上远离其他 4 组,表明 C 和 CLBY 样本的群落组成与其他样本差异很大。这说明了在生态修复过程中,种植苦草容易改变水体本身的群落组成,少数菌群容易竞争形成优势菌群,并对微生物的生长产生抑制作用,而底栖动物与沉水植物联合修复时不会对水体微生物群落结构产生较为明显的改变。

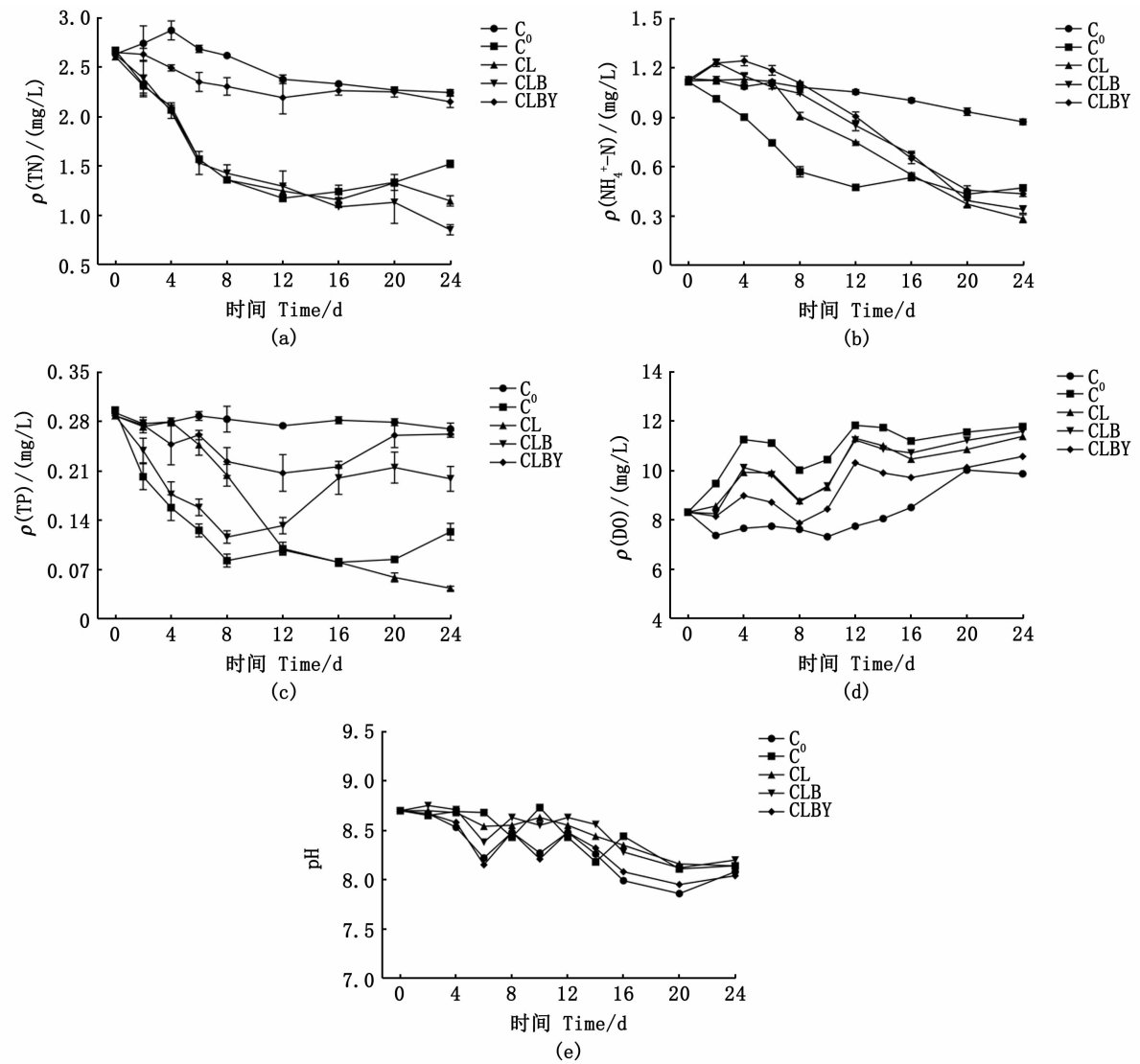


图 1 各组水环境因子的变化

Fig. 1 Change of water environment factors in treatments

表 4 细菌群落多样性指数

Tab. 4 Bacterial community diversity index

项目 Item	Chao	Ace	Simpson	Shannon	覆盖度 Coverage
C ₀	1 157.096	1 277.932	0.032	4.475	0.991
C	1 508.908	1 562.943	0.018	5.037	0.988
CL	1 312.405	1 555.069	0.035	4.270	0.988
CLB	1 658.308	1 791.068	0.033	4.704	0.986
CLBY	1 516.291	1 578.854	0.087	4.128	0.988

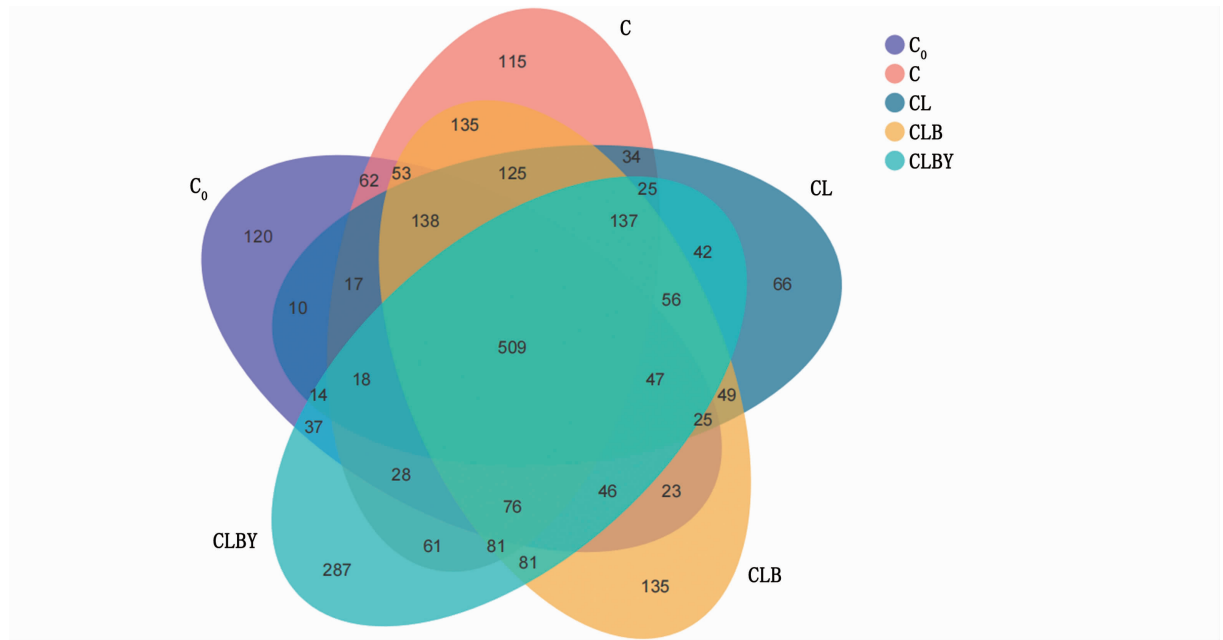


图 2 细菌 OTU 数量 Venn 图

Fig. 2 Venn diagram of OTU number of planktonic bacteria

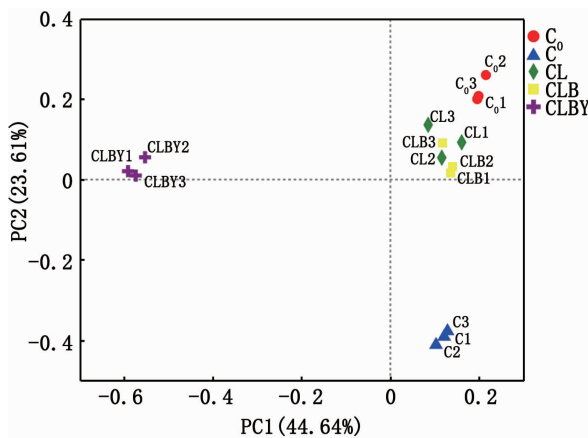


图 3 OTU 水平上细菌群落 PCoA 图

Fig. 3 PCoA plot of bacterial community at OTU level

2.4 微生物群落组成分析

根据分类学分析结果,可以得知 5 个不同营养级生态系统中细菌门相对丰度如图 4 所示,变形菌门(42.27%)平均相对丰度最大,其次为放线菌门(20.79%)、拟杆菌门(20.7%)、蓝细菌门(8.22%);变形菌门、放线菌门和拟杆菌门的平均相对丰度占比达到了 83.76%。不同生态系统的水体细菌门类相对丰度存在差异,变形菌门的相对丰度最大,在 C₀ 组、C 组和 CLB 组各占 53.76%、43.40% 和 45.97%。在 CLBY 组中,拟

杆菌门占比较大,为 30.56%。随着水生态系统中生物种类的增多,变形菌门和蓝细菌门的相对丰度整体呈降低的趋势,而放线菌门和拟杆菌门呈相反的升高趋势。

各水体生态系统中变形菌门的主要类群均为 α-变形菌纲(α-Proteobacteria)和 γ-变形菌纲(γ-Proteobacteria)。其中 α-变形菌纲细菌中多为红杆菌科(Rhodobacteraceae)细菌,而 γ-变形菌纲中以莫拉菌科(Moraxellaceae)细菌居多。且这两个纲中包含的很多菌属都具有硝化功能,能够促进水体的硝化进程。

属水平共得到 726 个类群,C₀、C、CL、CLB、CLBY 组中的微生物分别隶属于 481、533、481、565、547 个属。相对丰度位居前 15 的细菌组分分析结果显示(图 5),各系统中细菌群落组成差异明显。5 组水样之间存在显著性差异的菌属主要有黄杆菌属(*Flavobacterium*)、*Edaphobaculum*、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、红杆菌科下的未知属(*unclassified_f_Rhodobacteraceae*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)等。CLBY 组中的黄杆菌属、*norank_f_Sporichthyaceae* 数量显著多于其他 4 组,而 C₀ 组中黄杆菌属数量显著少于其他 4 组;CL、CLB 组中分枝杆菌属数量显著多于其他 3 组,而 C₀、CLBY 组中 *Edaphobaculum* 数量显著少于其他 3 组。

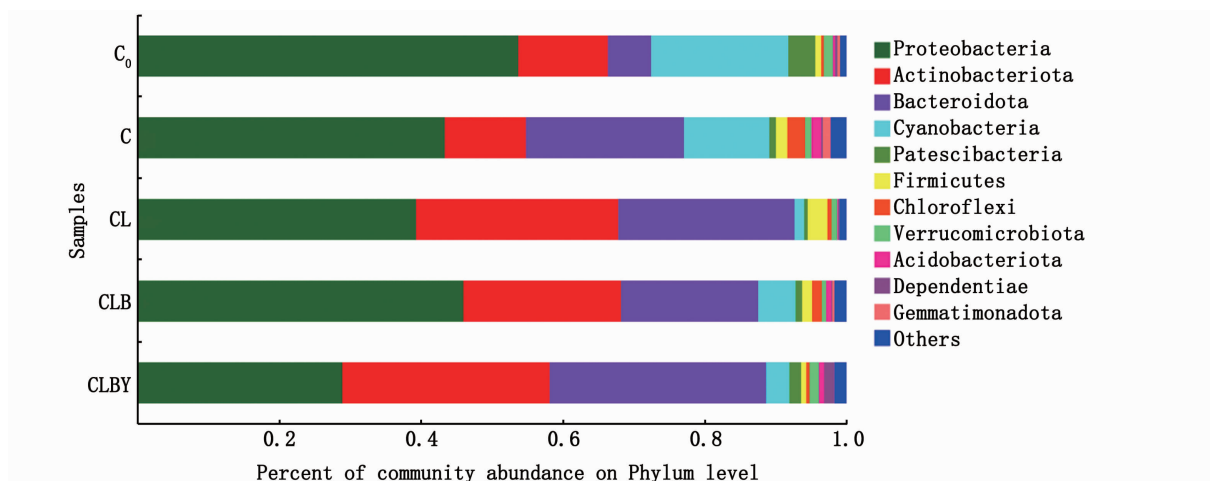


图 4 门水平上细菌群落的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of bacterial community at phylum level

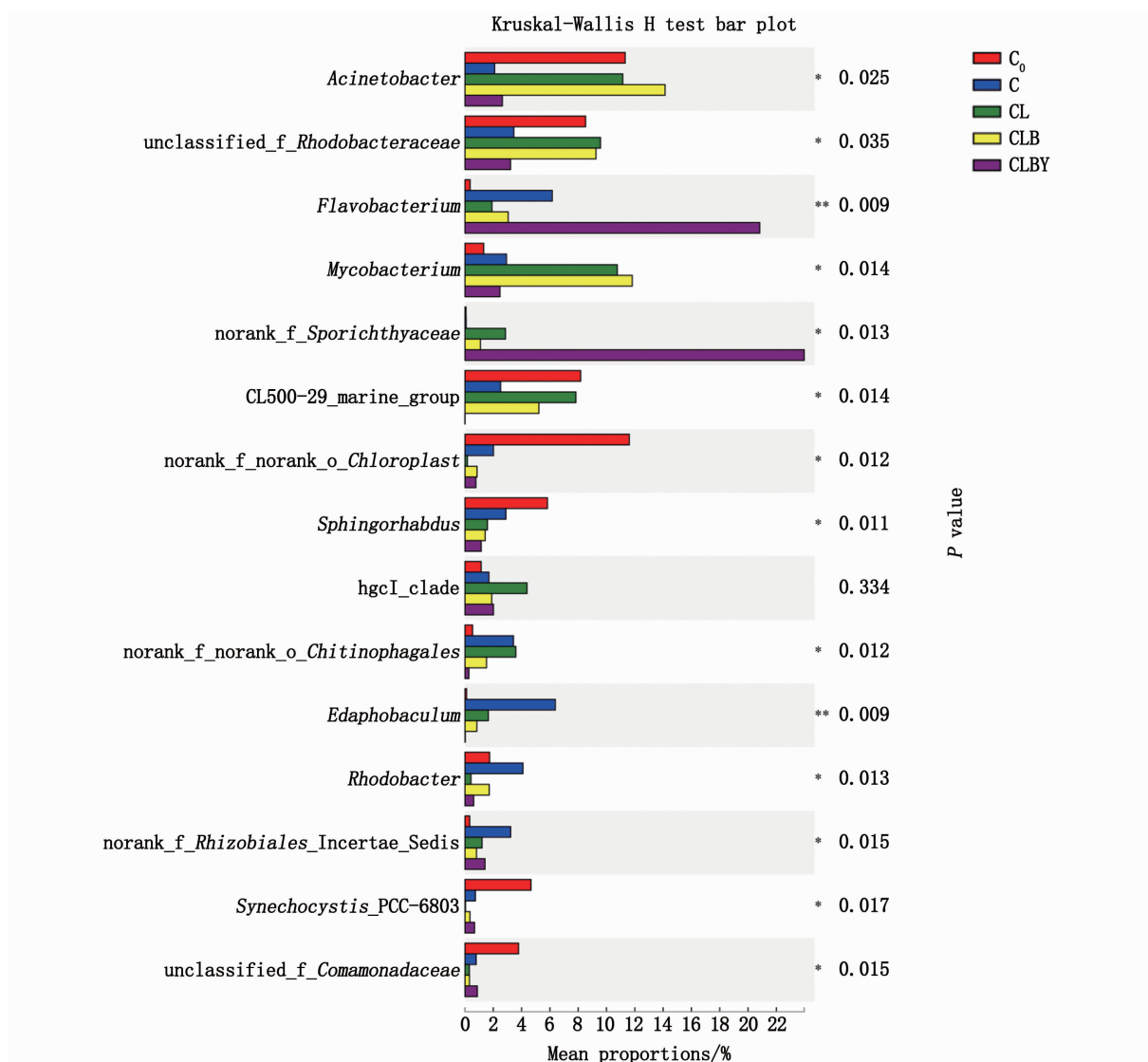


图 5 样品间细菌数量差异 *t*-test 比较(属水平)

Fig. 5 *t*-test comparison of differences in the number of bacteria between samples(genus level)

2.5 系统中细菌与环境因子的关系

本次研究所选择的水环境因子有:总氮(TN)、氨氮($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)、总磷(TP)、溶解氧(DO)、pH等。为研究水体中细菌群落与环境因子的关系,将样本物种分布表与环境因子作RDA分析,分析结果如图6所示。图中2个坐标轴RDA1和RDA2对细菌群落结构分布的总解释度为94.15%,分析结果相对可靠。

RDA分析结果显示,溶解氧(DO)、总氮(TN)和氨氮($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)对水体中细菌群落结构影响较大,且DO、pH与营养盐含量呈负相关关系,即DO、pH升高时,水体中的营养盐含量会下

降。C、CLBY组微生物优势种群落丰度与营养盐含量呈正相关,CL、CLB组微生物优势种群落丰度与营养盐含量呈负相关,表明营养盐含量升高时,C、CLBY组的微生物优势种群落丰度会增多,而CL、CLB组则减少。从细菌水平上来看,CL组位于第一象限,放线菌门占优势;CLB组位于第二象限,变形菌门占优势,溶解氧(DO)、酸碱度(pH)重要值较高,对变形菌门影响较大,呈正相关;C组位于第三象限,蓝细菌门占优势,受氨氮($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)影响较大,与氨氮呈正相关;CLBY组位于第四象限,营养盐含量较高,对拟杆菌门影响较大,呈正相关。

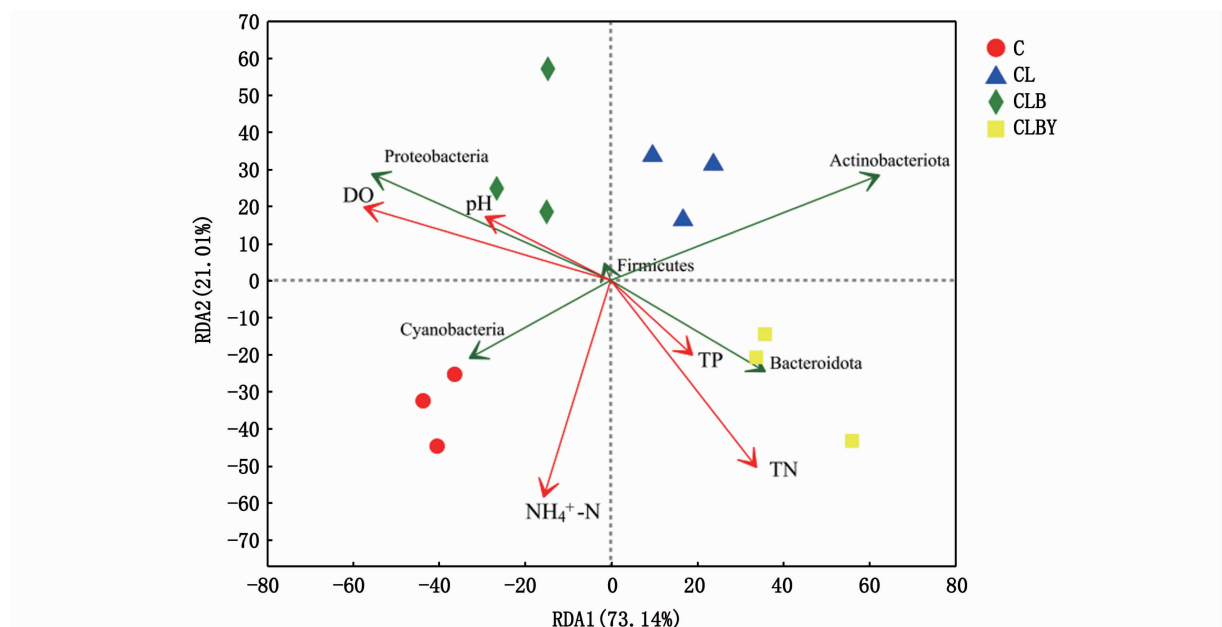


图6 环境因子与细菌群落结构的关系

Fig. 6 Relationship between environmental factors and planktonic bacteria structure

3 讨论

通过引入多种水生生物构建多营养层级淡水生态系统,分析不同水生生物对水体细菌丰度、多样性及群落结构的影响。研究结果显示,底栖动物与苦草的联合作用对水体净化效果较好,且苦草处于主导地位,而景观鱼类在水体净化过程中起到的作用较小^[21]。水生生物的引入对水体微生物群落影响较大。从细菌群落多样性指数分析,草-草-螺-蚌系统微生物多样性较高,而草-螺-草-螺-蚌-鱼系统水体微生物群落多样性较低,这与李乾岗等^[22]、赵黎明等^[23]和李建

柱等^[24]研究结果一致。这可能是由于铜锈环棱螺的爬行扰动、鲫摄食活动等行为促使系统内部的物质循环进一步优化,而使微生物多样性受到限制^[23]。

不同处理组中水体细菌群落丰度也存在明显差异。门水平上,变形菌门平均相对丰度最高,随着水生生态系统中生物种类的增多,水体中蓝细菌门的相对丰度整体呈降低的趋势,这可能是由于螺、蚌、鱼的存在极大地减少了水体中蓝细菌门的数量^[22],从而改变水体中微生物群落结构。一般而言,水体的富营养化往往会造成大面积的水华现象,如蓝藻的暴发^[25],而多营养层级

生态系统的构建能够有效控制蓝细菌过度繁殖,表明其适合修复富营养化水体。

本研究中几种多营养层级生态系统微生物群落的主要优势菌门是变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和蓝细菌门,主要菌属是不动杆菌属、黄杆菌属、分支杆菌属、红细菌科下的未知属及红细菌属等,与其他研究学者的结果相似^[26-28]。其中芽孢杆菌属、黄杆菌属、红细菌属是水体中主要的优势菌群,在水体净化中起着重要作用。相关研究表明,厚壁菌门微生物在反硝化过程中发挥作用,并且其中的芽孢杆菌属具有较强的溶磷能力,可促进水体中磷向可溶性磷转化^[29],由此解释了草-螺组总磷去除能力较高的原因。黄杆菌属在草-螺-蚌-鱼组中丰度明显高于其他4组,研究表明^[30-31],黄杆菌属具备污染物降解能力,可将氮、磷有机物结合成絮状进行氧化分解,从而达到净化水体的作用;红细菌属是光合细菌兼具反硝化作用^[24],且具有较强的摄磷能力^[32],这些微生物都是有益的优势菌属。另外分枝杆菌病是鱼类常见的细菌性疾病之一^[33],结果表明草-螺-蚌-鱼组中分枝杆菌属丰度低于草-螺及草-螺-蚌组,说明鲫的存在可以有效控制分枝杆菌属数量。

不同营养盐类型及其含量对细菌群落结构变化具有一定影响。冗余分析表明,DO、TN和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 是影响细菌群落结构变化最显著的环境因子,且随着营养盐含量的增加,菌群多样性呈下降趋势,这与薛银刚等^[34]研究结果类似。RDA结果显示,不同菌群受环境因子影响不同^[35],TN和TP与放线菌门、拟杆菌门呈正相关,与变形菌门、蓝细菌门及厚壁菌门呈负相关; $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 与蓝细菌门、拟杆菌门呈正相关,与变形菌门、放线菌门及厚壁菌门呈负相关。因此,本研究中多种水生生物的引入和溶解氧含量是影响微生物群落变化的直接因素,而营养盐含量的变化主要依赖于水生生物与微生物的共同作用,是影响微生物群落变化的间接因素。

4 结论

通过构建多营养层级生态系统,探究了水生动植物联合的生物扰动作用对水体微生物群落结构和多样性的影响。研究结果表明,各系统间微生物群落组成相似,但其丰度存在明显差异。

螺、鱼的生物扰动作用使微生物多样性降低,同时也极大地减少了水体中蓝细菌门的数量,能够有效控制蓝细菌过度繁殖。本研究中营养盐含量的变化主要依赖于水生生物与微生物的共同作用,是影响微生物群落变化的间接因素。综上,多营养层级生态系统的构建不仅可以改善水质,也可以提高水体中细菌的多样性,改变水体中细菌的群落结构,使之向更加健康、稳定的方向发展。

参考文献:

- [1] HU J, HU Z, LIU P L F. Surface water waves propagating over a submerged forest [J]. Coastal Engineering, 2019, 152: 103510.
- [2] SZABÓ S, PEETERS E T H M, VÁRBÍRÓ G, et al. Phenotypic plasticity as a clue for invasion success of the submerged aquatic plant *Elodea nuttallii* [J]. Plant Biology, 2019, 21(1): 54-63.
- [3] 许铭宇, 刘雯, 谭广文, 等. 生态净水系统对富营养化园林水体的净化效应研究 [J]. 长江科学院院报, 2019, 36(4): 27-31.
XU M Y, LIU W, TAN G W, et al. Effect of aquatics combination system in purifying eutrophic scenic waters [J]. Journal of Yangtze River Scientific Research Institute, 2019, 36(4): 27-31.
- [4] 李典宝, 胡振阳, 许铭宇, 等. 水下微生态系统构建及水体净化模拟研究 [J]. 人民珠江, 2018, 39(6): 30-36.
LI D B, HU Z Y, XU M Y, et al. Construction of underwater micro-ecosystem and simulation of water purification [J]. Pearl River, 2018, 39(6): 30-36.
- [5] 王华胜, 应求是, 王彦. 富营养化观赏水体的生物-生态修复技术 [J]. 中国园林, 2008, 24(5): 21-27.
WANG H S, YING Q S, WANG Y. An ecological restoration technology of the eutrophication of ornamental wafer body [J]. Chinese Landscape Architecture, 2008, 24(5): 21-27.
- [6] 李毅, 李志宁, 杨裕昊, 等. 城市景观水体水质改善的生态修复效果研究: 以佛山石湾公园景观湖为例 [J]. 广东化工, 2021, 48(5): 117-120.
LI Y, LI Z N, YANG Y H, et al. Study on ecological remediation effect of urban landscape water quality improvement: a case study of Shiwan Park Landscape Lake in Foshan [J]. Guangdong Chemical Industry, 2021, 48(5): 117-120.
- [7] SINGH N K, GOUREVITCH J D, WEMPLE B C, et al. Optimizing wetland restoration to improve water quality at a regional scale [J]. Environmental Research Letters, 2019, 14(6): 064006.
- [8] 封永辉, 张人铭, 时春明, 等. 参与水体循环的微生物群

- 落研究[J]. 安徽农业科学, 2016, 44(1): 132-134.
- FENG Y H, ZHANG R M, SHI C M, et al. Study of microbial community participating in water cycle[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2016, 44(1): 132-134.
- [9] RIVAS F J, BELTRÁN F J, ALVAREZ P, et al. Joint aerobic biodegradation of wastewater from table olive manufacturing industries and urban wastewater [J]. Bioprocess Engineering, 2000, 23(3): 283-286.
- [10] ADMASSU W, KORUS R A. Engineering of bioremediation processes: needs and limitations [M]//CRAWFORD R L, CRAWFORD D L. Bioremediation: Principles and Applications. Cambridge: Cambridge University Press, 1996: 13-34.
- [11] SHILO M. Photosynthetic microbial communities in aquatic ecosystems [J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B, Biological Sciences, 1982, 297 (1088): 565-574.
- [12] KUYPERS M M M, MARCHANT H K, KARTAL B. The microbial nitrogen-cycling network [J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(5): 263-276.
- [13] SRIVASTAVA J K, CHANDRA H, KALRA S J S, et al. Plant - microbe interaction in aquatic system and their role in the management of water quality: a review [J]. Applied Water Science, 2017, 7(3): 1079-1090.
- [14] 李琳, 岳春雷, 张华, 等. 不同沉水植物净水能力与植株体细菌群落组成相关性 [J]. 环境科学, 2019, 40(11): 4962-4970.
- LI L, YUE C L, ZHANG H, et al. Correlation between water purification capacity and bacterial community composition of different submerged macrophytes [J]. Environmental Science, 2019, 40(11): 4962-4970.
- [15] 尹军霞, 陈瑛, 张春柳. 三角帆蚌养殖水体微生物群的动态研究 [J]. 水利渔业, 2004, 24(3): 40-42.
- YIN J X, CHEN Y, ZHANG C L. Studies on the community dynamics in the water body for the culture of *Hyriopsis cumingii* [J]. Reservoir Fisheries, 2004, 24(3): 40-42.
- [16] 罗丛强, 蒋东利, 雷澄, 等. 富营养化水体中铜锈环棱螺促进苦草生长和水质改善研究 [J]. 环境生态学, 2020, 2(6): 27-33.
- LUO C Q, JIANG D L, LEI C, et al. *Bellamyia aeruginosa* promote the growth of *Vallisneria natans* and improve water quality in high nutrient environment [J]. Environmental Ecology, 2020, 2(6): 27-33.
- [17] 马进, 何文辉, 彭自然, 等. 大型溞-苦草配合处理富营养化水体的研究 [J]. 上海海洋大学学报, 2018, 27(4): 515-521.
- MA J, HE W H, PENG Z R, et al. Study on water eutrophication treatment with *Daphnia magna* and *Vallisneria natans* control system [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2018, 27(4): 515-521.
- [18] 高月香, 陈桐, 张毅敏, 等. 不同生物联合净化富营养化水体的效果 [J]. 环境工程学报, 2017, 11(6): 3555-3563.
- GAO Y X, CHEN T, ZHANG Y M, et al. Eutrophicated water quality improvement by combination of different organisms [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2017, 11(6): 3555-3563.
- [19] 薛同来, 佟素娟, 张为堂, 等. 水生生物群落结构完整性对水环境的影响 [J]. 北京工业大学学报, 2016, 42(10): 100-106.
- XUE T L, TONG S J, ZHANG W T, et al. Effect of aquatic communities' integrity on water environment [J]. Journal of Beijing University of Technology, 2016, 42(10): 100-106.
- [20] 范立民, 陈家长, 吴伟, 等. 水葫芦栽培对池塘浮游细菌群落结构影响初探 [J]. 上海海洋大学学报, 2015, 24(4): 513-522.
- FAN L M, CHEN J Z, WU W, et al. Effect of water hyacinth planting on microbial community structures in water of a tilapia cultural pond [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2015, 24(4): 513-522.
- [21] MCQUEEN D J, POST J R, MILLS E L. Trophic relationships in freshwater pelagic ecosystems [J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1986, 43(8): 1571-1581.
- [22] 李乾岗, 魏婷, 张光明, 等. 三角帆蚌对白洋淀底泥氮磷释放及微生物的影响探究 [J]. 环境科学研究, 2020, 33(10): 2318-2325.
- LI Q G, WEI T, ZHANG G M, et al. Effects of *Hyriopsis cumingii* on Nitrogen and Phosphorus releases from sediment and on wetland microorganisms in Baiyangdian wetland [J]. Research of Environmental Sciences, 2020, 33(10): 2318-2325.
- [23] 赵黎明, 吕瑛, 李旭东, 等. 鲢鳙引入对于稻虾综合种养水体微生物多样性的影响研究 [J]. 河南水产, 2020(4): 19-21.
- ZHAO L M, LYU Y, LI X D, et al. Effects of introduction of silver carp and bighead carp on microbial diversity in the water of integrated rice-crayfish cultivation system [J]. Henan Fisheries, 2020(4): 19-21.
- [24] 李建柱, 侯杰, 张鹏飞, 等. 空心菜浮床对鱼塘水质和微生物多样性的影响 [J]. 中国环境科学, 2016, 36(10): 3071-3080.
- LI J Z, HOU J, ZHANG P F, et al. Influence on water quality and microbial diversity in fish pond by ipomoea aquatica floating-bed [J]. China Environmental Science, 2016, 36(10): 3071-3080.
- [25] AI Y H, LEE S, LEE J. Drinking water treatment residuals from cyanobacteria bloom-affected areas; investigation of potential impact on agricultural land application [J]. Science of the Total Environment, 2020, 706: 135756.
- [26] SUN Y, LI X, LIU J J, et al. Comparative analysis of bacterial community compositions between sediment and water in different types of wetlands of northeast China [J]. Journal of Soils and Sediments, 2019, 19(7): 3083-3097.
- [27] EILER A, BERTILSSON S. Composition of freshwater

- bacterial communities associated with cyanobacterial blooms in four Swedish lakes [J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(3): 838.
- [28] LOGUE J B, BURGMANN H, ROBINSON C T. Progress in the ecological genetics and biodiversity of freshwater bacteria [J]. *BioScience*, 2008, 58(2): 103-113.
- [29] LI X, LI Y Y, LYU D Q, et al. Nitrogen and phosphorus removal performance and bacterial communities in a multi-stage surface flow constructed wetland treating rural domestic sewage[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 709: 136235.
- [30] 朱莉飞, 李伟, 周雨琪, 等. 罗非鱼养殖水体水质参数与菌群多样性分析[J]. *华北农学报*, 2020, 35(s1): 416-423.
- ZHU L F, LI W, ZHOU Y Q, et al. Analysis of water quality and bacterial diversity of aquaculture water of Tilapia [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2020, 35(s1): 416-423.
- [31] 李杨, 王芳, 杨海滢, 等. 高通量测序研究李氏禾生态浮床净化污水的微生物群落结构变化[J]. *西南农业学报*, 2018, 31(9): 1903-1911.
- LI Y, WANG F, YANG H Y, et al. Study on microbial community composition and variation based on high throughput sequencing under *Leersia hexandra* Swartz ecological floating bed [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31(9): 1903-1911.
- [32] ORTIZ-HERNÁNDEZ M L, QUINTERO-RAMÍREZ R, NAVA-OCAMPO A A, et al. Study of the mechanism of *Flavobacterium* sp. for hydrolyzing organophosphate pesticides [J]. *Fundamental & Clinical Pharmacology*, 2003, 17(6): 717-723.
- [33] 张德锋, 李爱华, 龚小宁. 鲟分枝杆菌病及其病原研究[J]. *水生生物学报*, 2014, 38(3): 495-504.
- ZHANG D F, LI A H, GONG X N. Research on the Mycobacteriosis and its pathogen in sturgeons [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2014, 38(3): 495-504.
- [34] 薛银刚, 刘菲, 孙萌, 等. 太湖竺山湾春季浮游细菌群落结构及影响因素[J]. *环境科学*, 2018, 39(3): 1151-1158.
- XUE Y G, LIU F, SUN M, et al. Community structure and influencing factors of bacterioplankton in spring in Zhushan Bay, Lake Taihu [J]. *Environmental Science*, 2018, 39(3): 1151-1158.
- [35] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学*, 2018, 39(8): 3660-3669.
- WANG H, ZHAO W, XIE Z G, et al. Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe reservoir and its key driving factors [J]. *Environmental Science*, 2018, 39(8): 3660-3669.

Effect of multi-trophic freshwater ecosystem construction on microorganisms

HAN Zheng¹, TANG Chunyu², SHAO Liu^{1,3}, CHEN Siwei¹, ZHANG Shengman¹, HE Peimin^{1,3}

(1. College of Marine Ecology and Environment, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. College of Water Conservancy and Civil Engineering, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, Heilongjiang, China; 3. Engineering Research Center of Water Environment Ecology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: Microorganism is an important part of freshwater ecosystem and its community composition is closely related to water environment. Five experimental groups were set up in the laboratory to simulate the population structure of the ecosystem by planting the evergreen submersible plant *Vallisneria natans* and introducing *Bellamya aeruginosa*, *Hyriopsis cumingii* and *Carassius auratus*. In this paper, the effects of different aquatic organisms on bacterial community structure were explored by constructing a multi-trophic freshwater ecosystem. The results showed that the dominant bacteria groups in the freshwater ecosystem were Proteobacteria, Actinobacteriota, Bacteroidota and Cyanobacteria. The existence of snails, mussels and fish greatly reduced the number of Cyanobacteria in the water, which could effectively control the overreproduction of Cyanobacteria. The bacterial Shannon index was higher in *Vallisneria natans* and *Vallisneria natans* - *Bellamya aeruginosa* - *Hyriopsis cumingii*, but lower in *Vallisneria natans* - *Bellamya aeruginosa* and *Vallisneria natans* - *Bellamya aeruginosa* - *Hyriopsis cumingii* - *Carassius auratus*. RDA results showed that there were significant differences in the abundance of microbial communities among different systems. The introduction of different aquatic organisms and the content of DO are the direct factors affecting the change of microbial community, and the change of nutrient concentration is mainly dependent on the interaction between aquatic organisms and microorganisms, which is an indirect factor affecting the change of microbial community. In conclusion, the construction of multi-trophic ecosystem can not only improve the water quality, but also increase the diversity of bacteria in the water, change the community structure of bacteria in the water, and make it more healthy and stable.

Key words: multi-trophic; freshwater ecosystem; microbial community; biodiversity; redundancy analysis