

巢湖水体细菌群落结构及多样性研究

张磊¹, 沈婷婷¹, 高光², 项芳芝³

(1. 滁州学院生物与食品工程学院, 滁州 239000;

2. 中国科学院南京地理与湖泊研究所湖泊与环境国家重点实验室, 南京 218000;

3. 安徽农业大学生命科学院, 合肥 230036)

摘要: 研究巢湖水体细菌群落结构和多样性, 为生态修复提供理论依据。在南淝河入湖口、兆河入湖口和裕溪河出湖口 3 个采样点采集水样, 应用高通量测序技术对水体细菌的 16S rRNA 基因进行序列测定, 应用 Qiime 软件调用 UCLUST 程序将所获得的优质序列在 97% 序列相似度下进行聚类, 应用 Mothur 软件在 OTUs 列表中根据样品的物种丰度情况计算各样品的丰富度和多样性指数。结果表明: (1) 巢湖水样具有很高的细菌多样性, 不同空间区域的群落结构存在差异; 在门水平上, 主要细菌类群有放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和浮霉菌门 (Planctomycetes); 在属水平上, 主要细菌类群有 hgcI clade、微胞藻属 (*Microcystis*)、CL500-29 marine group 和 unclassified OPB56; 3 个样点均存在大量未知的菌属。(2) 裕溪河出湖口总氮、总磷和 COD 含量较高, 球衣菌属 (*Sphaerotilus*) 丰度相对较高; 南淝河入湖口大量出现拟浮丝藻属 (*Planktothricoides*), 说明此处污染仍然较严重; 3 个样点均检测出大量从毛单胞菌科无法鉴定到属的种类 (unclassified Comamonadaceae), 指示巢湖不同空间区域的水体均受到外源污染物输入的影响。

关键词: 细菌; 群落结构; 多样性; 巢湖

中图分类号: Q938 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-3075(2018)06-0052-06

富营养化问题是当今世界面临的最主要水污染问题 (Amano et al., 2010)。巢湖是我国五大淡水湖之一, 流域内独特的自然环境特征使其单位容积中接纳废水量位于五大淡水湖之首, 最终导致湖泊呈严重富营养化状态, 严重影响了沿湖人民饮水安全及工业、农业和旅游业等发展 (邹爱红, 2009)。为了改善巢湖水质, 恢复湖泊生态系统的正常功能, 合肥市开展了大量的生态治理工程, 如河道整治、沿岸生态环境治理、湿地生态补水、藻水分离示范、引江济巢等工程。这些工程的开展无疑对巢湖水质的改善发挥了明显作用, 但对整个湖泊微生态系统的结构、功能也会产生影响。

细菌作为生态系统中种类最多、代谢最为活跃的生物类群, 广泛分布于各种类型的湖泊中, 对水体的物理、化学、生物环境的变化极为敏感 (Hahn, 2006)。生物多样性常被用作监测和预测一个水生生态系统健康与否的标准。一些研究表明, 细菌的

丰度、群落演替和多样性对湖泊的营养盐、水文等环境因子的改变有快速的响应 (Pinhassi & Berman, 2003; Shade et al., 2011)。鉴于湖泊生态系统中细菌群落对环境变化极强的敏感性, 以细菌作为研究对象, 便于在有限的时空范围内研究环境变化所引起的微生物生态效应。近年来, 高通量测序技术快速发展, 与传统的单克隆、DGGE (变性梯度凝胶电泳)、RFLP (限制性内切酶片段长度多态性) 等技术相比具有明显的通量优势和极高的分辨率, 能够更全面、准确地展示样品的微生物群落结构。本文应用高通测序技术对巢湖水体细菌群落结构和多样性进行研究, 以期对巢湖水体富营养化的生态修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验方法

1.1.1 采样 在巢湖设置 3 个采样点 (图 1), 分别为: 南淝河入湖口 (C1, 31.69°N, 117.41°E)、兆河入湖口 (C2, 31.44°N, 117.56°E) 和裕溪河出湖口 (C3, 31.59°N, 117.81°E)。采样时间为 2016 年 8 月。使用采水器采集水面下 0.5 m 处的水样 1 000 mL, 分装在灭菌塑料桶中 (期间现场测定水样的温度及 pH 值), 密封, 避光保存在 4℃ 的保温箱中, 立即运

收稿日期: 2018-02-19

基金项目: 安徽省高校自然科学基金重点项目 (KJ2016A534); 国家自然科学基金项目 (41601573); 安徽省公益性技术应用研究联动计划项目 (1704f0804053)。

作者简介: 张磊, 1983 年生, 男, 博士, 副教授, 主要从事环境微生物研究。E-mail: leizhang2014@163.com

回实验室,用于后续处理。

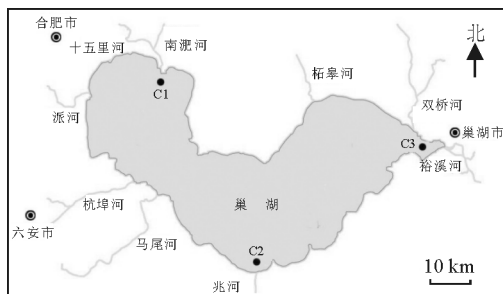


图 1 巢湖采样点

Fig.1 Location of the sampling sites in Chaohu Lake

1.1.2 DNA 完整性检测 使用 DNA 提取试剂盒提取巢湖水样的细菌基因组 DNA,通过分光光度计检测 D_{260}/D_{280} 的值,计算 DNA 的纯度(杨浩等,2017),并将 TE 缓冲液设为空白对照,在浓度检测结果的基础上采用浓度为 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳法检测其完整性。

1.2 高通量测序及数据分析

1.2.1 PCR 扩增 将提取的基因组 DNA 原液作为 PCR 模板,利用细菌的通用引物对每份水样样品 16S rRNA V4 区进行扩增。反应结束后配制 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,通过观察 PCR 扩增后图谱中样品的 DNA 条带是否明显位置一致,判断扩增后的 DNA 浓度是否达到了实验扩增要求。

1.2.2 测序数据优化处理 在高通量测序过程中,可能会产生一系列错误或疑问的序列。为了保证后续分析结果的准确性,需要对样品中获取的有效序列做进一步评估,以获得用于后续分析的序列。运用 Qiime(v1.8.0<http://qiime.org>)软件对疑问序列进行识别并剔除序列长度 ≤ 150 bp 的碱基序列、模糊碱基(N)、5'端引物错配碱基数 > 1 的碱基序列和具有相同或连续碱基数 > 8 的序列。最后通过 Qiime 软件(v1.8.0<http://qiime.org>)调用 USEARCH(v5.2.236, <http://www.drive5.com/usearch>)检查并剔除嵌合体序列。

1.2.3 OTU 聚类分析及精简 应用 Qiime 软件调用 UCLUST 程序将所获得的优质序列在 97% 序列相似度下进行聚类。以 OTUs 中每一类最长的序列作为代表序列,在相应数据库模板序列下比对样品中 OTUs 代表序列,获取样品中 OTU 所对应的分类学信息。若 OTUs 丰度值低于所测得全部样本测序总量的十万分之一,则需剔除,最终得到用于后续分析的 OTU 列表。

1.2.4 微生物多样性分析 应用 Mothur 软件(Schloss et al,2009),在 OTUs 列表中根据样品的物种丰度情况,计算各样品的丰富度和多样性指数。使用 Qiime 软件进行分析时,需依次批量导入样品的平行样数据,进一步对 OTUs 列表进行差异性分析,最终生成样品在不同分类水平(门、纲、目、科、属、种)上的物种丰度表和物种分布图。

2 结果与分析

2.1 水质分析

巢湖各采样点的理化指标见表 1。巢湖水体呈弱碱性,平均水温达到 33.2 °C。其中南淝河入湖口的氨氮、总氮、总磷和 COD 含量均为最高,分别为 0.182、1.54、0.085 和 17.3 mg/L;兆河入湖口的氨氮、总氮、总磷和 COD 含量最低,分别为 0.088、1.04、0.029 和 11 mg/L。溶解氧变化范围为 6.92 ~ 9.43 mg/L,裕溪河出湖口最低。

表 1 巢湖水体理化指标

Tab.1 Physicochemical parameters of water in Chaohu Lake

| 点 位 | 水温/ °C | pH | 溶解氧/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ | 氨氮/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ | 总氮/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ | 总磷/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ | COD/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ |
|-----|--------|------|--------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|--------------------------------------|
| C1 | 33.7 | 8.23 | 9.43 | 0.182 | 1.54 | 0.085 | 17.3 |
| C2 | 32.5 | 8.05 | 8.09 | 0.088 | 1.04 | 0.029 | 11.0 |
| C3 | 33.4 | 8.17 | 6.92 | 0.106 | 1.06 | 0.083 | 16.0 |

2.2 细菌群落多样性分析

在 97% 相似性水平下,本研究中 3 个样点水样的稀疏曲线基本接近平稳(图 2),虽然未完全达到饱和状态,但大多数样本信息能被反映表现出来,基本能够代表其细菌群落组成。巢湖细菌 16S rRNA 序列、丰富度及多样性见表 2。不同样品的 Chao 1 指数和 Shannon 指数存在较大差距,其大小顺序均表现为:裕溪河出湖口水样 $>$ 兆河入湖口水样 $>$ 南淝河入湖口水样。

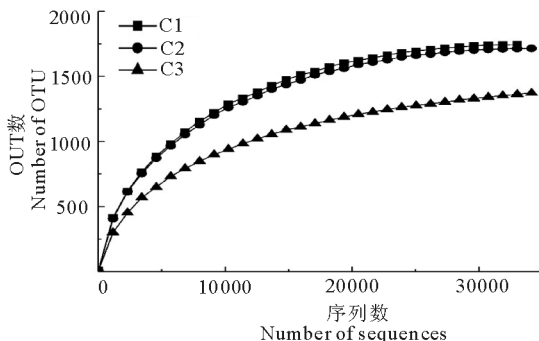


图 2 OTU 稀疏曲线

Fig.2 OTU rarefaction curve

表2 巢湖细菌 16S rRNA 序列、丰富度及多样性

Tab.2 16S rRNA gene sequence richness and diversity of the bacteria community in Chaohu Lake

| 样品 | 序列数 | OTU 数量 | 门 | 纲 | 目 | 科 | 属 | 种 | Chao 1 指数 | Simpson 指数 | Shannon 指数 |
|----|-------|-----------|------|------|------|------|-----|----|--------------|---------------|---------------|
| C1 | 41520 | 4826 | 1372 | 1369 | 1300 | 1272 | 789 | 56 | 1564 | 0.986 | 7.94 |
| C2 | 42534 | 2411 | 1713 | 1708 | 1628 | 1582 | 987 | 56 | 1715 | 0.991 | 8.44 |
| C3 | 42034 | 2486 | 1743 | 1738 | 1611 | 1610 | 995 | 44 | 1746 | 0.989 | 8.37 |

2.3 优势菌群分布

2.3.1 门水平的优势菌群分布特征 在门水平上, 3个样点的细菌群落组成存在一定差异(图3)。主要细菌类群有放线菌门(Actinobacteria, 22.1% ± 3.15%)、变形菌门(Proteobacteria, 21.6% ± 2.9%)、蓝细菌门(Cyanobacteria, 18.7% ± 6.0%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 14.6% ± 1.8%)和浮霉菌门(Planctomycetes, 6.3% ± 3.2%)。其中变形菌门在裕溪河出湖口样品中相对丰度最高(25.7%), 其次为南淝河入湖口(21.7%)和兆河入湖口(18.6%)。变形菌门中 β -变形菌(*Beta*proteobacteria)相对丰度最高(11.1% ± 1.4%), 其次为 α -变形菌(Alphaproteobacteria, 5.9% ± 1.7%)、 γ -变形菌(Gammaproteobacteria, 3.6% ± 1.0%)和 δ -变形菌(Deltaproteobacteria, 0.9% ± 0.2%)。放线菌门和浮霉菌门的相对丰度均在兆河入湖口(25.7%, 9.6%)最高, 其次为裕溪河出湖口(20.4%, 6.1%)和南淝河入湖口(20.1%, 3.2%)。蓝细菌门的相对丰度在南淝河入湖口中最高(22.5%), 其次为裕溪河出湖口(21.7%)和兆河入湖口(11.8%)。拟杆菌门的相对丰度在南淝河入湖口(16.3%)最高, 其次为兆河入湖口(14.9%)和裕溪河出湖口(13.2%)。

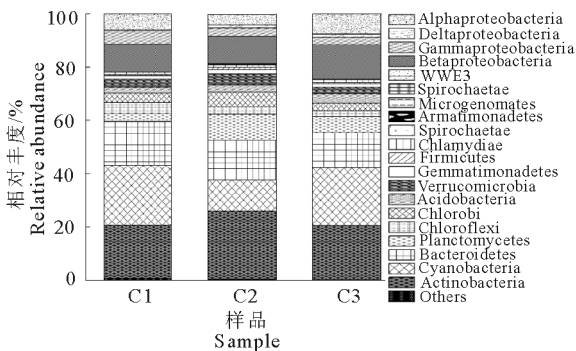


图3 巢湖水体门水平细菌群落结构及分布

Fig.3 Bacterial community composition at phylum level for each sampling site in Chaohu Lake

2.3.2 属水平的优势菌群分布 巢湖属水平细菌群落结构及分布见表3。主要细菌类群有 hgcI clade(14.8% ± 1.37%)、微胞藻属(*Microcystis*, 6.7% ± 1.34%)、CL500-29 marine group(6.4% ±

1.7%)和 unclassified OPB56(3.9% ± 1.1%)。 *Synechococcus* sp. PS717 在裕溪河出湖口相对丰度为5.09%, 在兆河入湖口和南淝河入湖口极低; 拟浮丝藻属(*Planktothricoides*)在南淝河入湖口的相对丰度达到12.40%, 而几乎不存在于兆河入湖口和裕溪河出湖口。在兆河入湖口发现了相对丰度远高于南淝河入湖口和裕溪河出湖口的 unclassified Planctomycetaceae、unclassified Chitinophagaceae 和 Candidatus Methylococcoides 的细菌类群。此外, 3个样点中均存在大量未知的菌属, 其中相对丰度较高的有 unclassified Cytophagaceae、unclassified OPB56 和 unclassified Cyclobacteriaceae。

3 讨论

本研究采用 16S rRNA 高通量测序技术对巢湖水样的细菌多样性进行分析, 3个样点的 OTU 稀疏曲线在 97% 相似性水平下接近平稳, 基本代表了其细菌群落组成; 不同样品的多样性指数变化与 OTUs 变化规律相同, 相互印证了结论的准确性。根据 3个样点菌种在门和属水平上的分布特征, 巢湖水体细菌多样性较丰富, 少数常见细菌类群在 3个样点相对丰度均较高, 多数细菌类群的相对丰度在不同样品中差异较为明显, 其中南淝河入湖口细菌多样性显著高于其他样点, 可能与该处水体中含有较高的氮、磷和有机物有关。

细菌是湖泊生态系统中分布最多、代谢最为活跃的生物, 且对环境的变化极为敏感。在门水平上, 蓝细菌门在 3个样点中所占比例均较高。氮、磷等营养元素是蓝藻得以生长繁殖的重要营养因子, 温度升高也可加快蓝藻的扩张增殖的速度(Paerl et al, 2011)。蓝细菌门在南淝河入湖口水样中的相对丰度高于裕溪河出湖口, 南淝河入湖口中氮磷营养因子的含量远高于裕溪河出湖口, 为蓝细菌门生长增殖提供了更充足的营养因子。除蓝藻门外, 拟杆菌门和变形菌门也广泛存在于南淝河入湖口和裕溪河出湖口的水样中。大多数变形菌门类群对有机基质具有很强的分解能力(薛银刚等, 2018)。而拟杆菌门可进一步沉降和分解有机物(Tang et al,

2017)。本研究显示,南淝河入湖口和裕溪河出湖口处的 COD 值(17.3、16.0 mg/L)显著高于兆河入湖

口处(11.0 mg/L),在一定程度上促进了拟杆菌门和变形菌门类群在这 2 处的生长繁殖。

表 3 巢湖水体属水平细菌群落结构及分布

Tab.3 Bacterial community composition at genus level for each sampling site in Chaohu Lake

| 门 | 属 | 丰 度/% | | |
|------------------|-------------------------------------|-------|-------|-------|
| | | C1 | C2 | C3 |
| Actinobacteria | CL500-29 marine group | 5.74 | 8.04 | 5.41 |
| Actinobacteria | hgcI clade | 13.45 | 16.70 | 14.35 |
| Cyanobacteria | <i>Microcystis</i> | 7.13 | 4.90 | 8.11 |
| Cyanobacteria | <i>Synechococcus</i> sp. PS717 | 0.01 | 0.89 | 5.09 |
| Cyanobacteria | <i>Prochlorococcus</i> | 0.04 | 0.36 | 2.45 |
| Cyanobacteria | <i>Synechococcus</i> | 0.09 | 1.20 | 2.27 |
| Cyanobacteria | unclassified FamilyI | 0.25 | 2.00 | 1.57 |
| Cyanobacteria | unclassified Chloroplast | 0.13 | 0.89 | 1.29 |
| Cyanobacteria | <i>Planktothricoides</i> | 12.40 | 0.05 | 0.01 |
| Proteobacteria | MWH-UniP1 aquatic group | 1.03 | 2.89 | 3.34 |
| Proteobacteria | <i>Sphaerotilus</i> | 1.15 | 1.52 | 2.83 |
| Proteobacteria | <i>Roseomonas</i> | 3.36 | 1.32 | 2.67 |
| Proteobacteria | <i>Acidibacter</i> | 3.07 | 1.90 | 2.22 |
| Proteobacteria | unclassified A0839 | 0.06 | 1.12 | 1.41 |
| Proteobacteria | <i>Polynucleobacter</i> | 2.78 | 0.81 | 0.78 |
| Proteobacteria | unclassified Comamonadaceae | 1.19 | 0.94 | 1.34 |
| Planctomycetes | CL500-3 | 0.61 | 5.54 | 3.33 |
| Planctomycetes | unclassified Planctomycetaceae | 0.25 | 1.99 | 0.94 |
| Bacteroidetes | unclassified Cytophagaceae | 2.32 | 2.43 | 2.81 |
| Bacteroidetes | unclassified NS11-12 marine group | 2.99 | 1.74 | 1.39 |
| Bacteroidetes | unclassified Cyclobacteriaceae | 2.05 | 2.76 | 1.07 |
| Bacteroidetes | unclassified Chitinophagaceae | 0.36 | 1.51 | 0.67 |
| Bacteroidetes | <i>Chryseolinea</i> | 1.37 | 1.00 | - |
| Bacteroidetes | unclassified Saprospiraceae | 1.35 | 0.58 | 1.20 |
| Bacteroidetes | <i>Dinghuibacter</i> | 0.97 | 0.97 | 0.74 |
| Chlorobi | unclassified OPB56 | 3.44 | 5.37 | 2.73 |
| Chloroflexi | <i>Roseiflexus</i> | 3.92 | 2.76 | 1.39 |
| Gemmatimonadetes | <i>Gemmatimonas</i> | 0.64 | 1.14 | 0.90 |
| Verrucomicrobia | <i>Candidatus Methylocandidatus</i> | 0.14 | 1.59 | 0.49 |
| Verrucomicrobia | <i>Opiritus</i> | 1.94 | 0.91 | 0.79 |

在属的水平上,微胞藻属(*Microcystis*)在 3 个样点中的相对丰度较高。研究表明,在一定范围内,溶解氧、水温、总氮和总磷等环境因子与微胞藻属(*Microcystis*)的藻密度呈正相关关系(Liu et al, 2011),因此微胞藻属在巢湖水体生长繁殖较好的原因可能与适宜的水温和充足的营养因子有关。hgcI clade、CL500-29 marine group 在 3 个样点中的相对丰度也较高。hgcI clade 具有很强的吸收碳水化合物和富氮化合物的遗传能力,并耐受较低的 DO 浓度(Ghylin et al, 2014),还能利用低温水中的低浓度溶解有机碳(Liu et al, 2015),而 CL500-29 marine group 能够有效利用多种形式的碳化合物(Lindh et al, 2015)。球衣菌属(*Sphaerotilus*)可利用简单的有机物作为碳源和能源,可降解污水中的有机物和有毒物质,进而改善水质(陈接锋等, 2002)。相关研

究表明,溶解氧、C/N 和 C/P、总氮等营养因子可影响球衣菌属(*Sphaerotilus*)的生长繁殖速度(池振明, 1999; 许晓路和申秀英, 1992),而该菌属在裕溪河出湖口水样中相对丰度较高,可能与该处有较高氮磷和 COD 有关。此外,在 3 个水样中还检测出大量无法确定到属的从毛单胞菌科(unclassified Comamonadaceae)。从毛单胞菌科中大部分菌属可分解污染物,氨氮、酚类物质、碳氮等营养因子对该菌科的生长繁殖均产生影响(赵燕等, 2012),这也暗示巢湖不同空间区域的水体均受到外源污染物输入的影响。

巢湖不同空间分布的水体样品的细菌群落结构存在一定的差异性。拟浮丝藻属(*Planktothricoides*)在南淝河入湖口水样中的相对丰度达到 12.40%,但几乎不存在于兆河入湖口和裕溪河出湖

口。作为我国水华蓝藻新记录属(吴忠兴等,2008),拟浮丝藻属的大量出现说明南淝河入湖口的水污染经过长时间的治理后,依然很严重。此外,在兆河入湖口中发现了相对丰度远高于南淝河入湖口和裕溪河出湖口的 unclassified Planctomycetaceae、unclassified Chitinophagaceae 细菌类群。近年来,安徽省政府为改善巢湖水质,开展了大量的环境治理工作,如环巢湖综合治理工程、“引江济巢”工程等。其中,每年夏季开展的“引江济巢”工程引入长江水冲洗巢湖,来水所携带的大量外源微生物直接进入巢湖水体,可能会对湖泊微生态系统产生影响。兆河入湖口水样中发现了相对丰度远高于南淝河入湖口和裕溪河出湖口的 unclassified Planctomycetaceae、unclassified Chitinophagaceae 和 *Candidatus Methylacidiphilum* 等细菌类群,具体原因有待进一步研究。此外,本研究发现了大量无法鉴定至已知种属的类群(如 unclassified Cytophagaceae、unclassified OPB56、unclassified Comamonadaceae 等),这些未分类菌属的发现可为探索未知菌群的特性提供参考,日后仍需对其进行深入研究。

参考文献

陈接锋,许旭萍,李惠珍,2002.球衣菌属的研究概况[J].环境科学与技术,(6):43-46,49.

池振明,1999.微生物生态学[M].济南:山东大学出版社:134-137.

吴忠兴,余博识,彭欣,等,2008.中国水华蓝藻的新记录属——拟浮丝藻属(*Planktothricoides*) [J].武汉植物学研究,(5):461-465.

许晓路,申秀英,1992.活性污泥丝状菌膨胀起因分析及控制措施[J].环境科学,13(6):57-61.

薛林刚,刘菲,孙萌,等,2018.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,(3):1-12.

杨浩,张国珍,杨晓妮,等,2017.16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J].环境科学,(4):1-17.

邹爱红,2009.巢湖西半湖水体中有机污染物监测及污染现状的研究[D].合肥:合肥工业大学.

赵燕,薛林贵,李琳,等,2012.丛毛单胞菌在环境污染物降解方面的研究进展[J].微生物学通报,39(10):1471-1478.

Amano Y, Sakai Y, Sekiya T, et al,2010. Effect of phosphorus fluctuation caused by river water dilution in eutrophic lake on competition between blue-green alga *Microcystis aeruginosa* and diatom *Cyclotella* sp.[J].

Journal of Environmental Sciences, 22(11): 1666-1673.

Ghylin T W, Garcia S L, Moya F, et al, 2014. Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the freshwater acI Actinobacteria lineage[J]. The ISME journal, 8(12): 2503.

Hahn Martin W, 2006. The microbial diversity of inland waters[J]. Current Opinion in Biotechnology, 17: 256-261.

Liu J, Fu B, Yang H, et al, 2015. Phylogenetic shifts of bacterioplankton community composition along the Pearl Estuary: the potential impact of hypoxia and nutrients[J]. Frontiers in microbiology, 6: 64.

Lindh M V, Lefébure R, Degerman R, et al, 2015. Consequences of increased terrestrial dissolved organic matter and temperature on bacterioplankton community composition during a Baltic Sea mesocosm experiment[J]. Ambio, 44(3): 402-412.

Liu X, Lu X, Chen Y, 2011. The effects of temperature and nutrient ratios on *Microcystis* blooms in Lake Taihu, China: an 11-year investigation[J]. Harmful Algae, 10(3): 337-343.

Paerl H W, Hall N S, Calandrino E S, 2011. Controlling harmful cyanobacterial blooms in a world experiencing anthropogenic and climatic-induced change [J]. Science of the Total Environment, 409(10): 1739-1745.

Pinhassi J, Berman T, 2003. Differential growth response of colony-forming α - and γ -proteobacteria in dilution culture and nutrient addition experiments from Lake Kinneret (Israel), the eastern Mediterranean Sea, and the Gulf of Eilat[J]. Applied and Environmental Microbiology, 69: 199-211.

Shade A, Read J S, Welkie D G, et al, 2011. Resistance, resilience and recovery: aquatic bacterial dynamics after water column disturbance[J]. Environmental Microbiology, 13: 2752-2767.

Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al, 2009. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and environmental microbiology, 75(23): 7537-7541.

Tang X, Chao J, Gong Y, et al, 2017. Spatiotemporal dynamics of bacterial community composition in large shallow eutrophic Lake Taihu: High overlap between free-living and particle-attached assemblages[J]. Limnology and Oceanography, 62(4): 1366-1382.

Bacterial Community Structure and Diversity in Chaohu Lake

ZHANG Lei¹, SHEN Ting-ting¹, GAO Guang², XIANG Fang-zhi³

(1.College of Biology and Food Engineering, Chuzhou University, Chuzhou 239000,P.R.China;

2.State Key Laboratory of Lake Science and Environment, Nanjing Institute of Geography and Limnology, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008,P.R.China;

3.School of Life Sciences, Anhui Agricultural University, Hefei 230036,P.R.China)

Abstract: In recent years, the problem of eutrophication in Chaohu Lake has intensified and *cyanobacteria* blooms occur frequently, resulting in the deterioration of water quality. Research on the composition and diversity of the aquatic bacteria community is important for management and restoration of aquatic ecosystems. We investigated the bacterial community structure and diversity in Chaohu Lake, aiming to provide a theoretical basis for ecological restoration. In August 2016, water samples were collected from sites near the inflows of Nanfei River (C1), Zhaohe River (C2) and Yuxi River (C3). Water temperature, pH and DO were measured in situ as water samples were collected and ammonia nitrogen, TN, TP and COD were determined in the lab. The 16S rRNA gene of the bacteria was sequenced using high-throughput sequencing technology. The resulting sequences with less than 97% sequence similarity were clustered and the richness and diversity index of each sample was calculated according to the species abundance of the samples and expressed in operational taxonomic units (OTUs) using MOTHUR software. There were three general findings. (1) The Shannon indices of bacteria in samples from all three locations were above 7.5, with the highest value at Site C2 and the lowest at Site C1. Chaohu Lake has high bacterial diversity and community structure varies significantly with location. (2) At the phylum level, the dominant bacterial groups were Actinobacteria, Proteobacteria, Cyanobacteria, Bacteroidetes and Planctomycetes. At the genus level, the dominant bacterial groups were the hgcI clade, genus *Microcystis*, CL500-29 marine group and unclassified OPB56. There were a large number of unclassified genera in the three sites. (3) Total nitrogen (1.06 mg/L), total phosphorus (0.083 mg/L) and COD (16.0 mg/L) at the mouth of Yuxi River were lower than at the entrance of Nanfei River (1.54 mg/L, 0.085 mg/L, 17.3 mg/L), but higher than the entrance of Zhaohe River (1.04 mg/L, 0.029 mg/L, 11.0 mg/L). The abundance of genus *Sphaerotilus* at the mouth of Yuxi River was relatively higher, and the large number of genus *Planktothricoides* in the Nanfei River bay indicates serious pollution. The large number of unclassified Comamonadaceae detected at all three sampling sites indicates that the water in these areas of Chaohu Lake are affected by input of exogenous pollutants.

Key words: bacterial; community structure; diversity; Chaohu Lake