

DOI:10.3876/j.issn.1000-1980.2019.03.003

库区植物塘水生植物附着细菌群落季节演替特征及影响因素

朱亮^{1,2}, 谈悦², 陈琳², 赵尚², 龙艺晴², 杨智波², 刘畅²

(1. 河海大学浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 江苏 南京 210098;

2. 河海大学环境学院, 江苏 南京 210098)

摘要:采集天然湿地中的狐尾藻、凤眼莲、睡莲3种水生植物,采用高通量测序分析3种水生植物表面附着细菌群落,探究其细菌群落结构的季节演替,并分析环境因子对群落变化的影响。结果表明:(a)3种水生植物附着细菌主要有蓝细菌门(*Cyanobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*),这3种植物表面附着的细菌群落结构在门水平上类似,在属水平上丰富度及演替特征存在差异,主要与植物茎叶面积、植物分泌物质及植物茎叶光合作用强度等因素有关;(b)在属水平上,这3种水生植物附着细菌群落季节演替是具有一定方向性的自发进行的过程,不受外在单一因子的限制,是宿主植物和外部水环境共同作用的结果;(c)通过聚类分析发现,环境变化对附着细菌群落结构的影响程度高于植物种类,环境因子的CCA分析表明温度、pH、TN是水生植物附着细菌群落演替的主要影响因素。

关键词:附着细菌群落;季节演替;水生植物;环境因子;聚类分析;CCA

中图分类号:X524 文献标志码:A 文章编号:1000-1980(2019)03-0202-07

Seasonal succession characteristics and influencing factors of bacterial community attached to aquatic plants in reservoir plant pond

ZHU Liang^{1,2}, TAN Yue², CHEN Lin², ZHAO Shang², LONG Yiqing², YANG Zhibo², LIU Chang²

(1. Key Laboratory of Integrated Regulation and Resources Development of Shallow Lakes, Hohai University, Nanjing 210098, China;

2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China)

Abstract: Three aquatic plants, Foxtail algae, Hyacinth and Water lily, were collected from natural wetlands, and the bacterial community attached to the surface of each plant was analyzed by the high-throughput sequencing. The seasonal succession of bacterial community structure was explored, and the influence of environmental factors on the change of community was also analyzed. The results show that: (a) *Cyanobacteria*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes* and *Actinobacteria* were the main bacteria adhering to these aquatic plants. The community structure of bacteria adhering to the surface of the three aquatic plants was similar at the phylum level, while the abundance and succession characteristics were different at the generic level, which are mainly related to the plant stem and leaf area, the plant secretion and the photosynthetic intensity. (b) At the generic level, the seasonal succession of bacterial community attached to three aquatic plants is a spontaneous process with a certain direction, which is not limited by the external single factor and is the affected result of host plant and external water environment. (c) Through the cluster analysis, it was found that the effect of environmental change on the community structure of attached bacteria was higher than that of plant species. CCA analysis of environmental factors showed that

作者简介:朱亮(1964—),男,教授,博士,主要从事水污染控制理论及应用研究。E-mail:zhul93828@163.com

引用本文:朱亮,谈悦,陈琳,等. 库区植物塘水生植物附着细菌群落季节演替特征及影响因素[J]. 河海大学学报(自然科学版),2019,47(3):202-208.

ZHU Liang, TAN Yue, CHEN Lin, et al. Seasonal succession characteristics and influencing factors of bacterial community attached to aquatic plants in reservoir plant pond[J]. Journal of Hohai University(Natural Sciences), 2019, 47(3): 202-208.

temperature, pH and TN were the main factors affecting the succession of attached bacterial community of aquatic plants.

Key words: attached bacterial community; seasonal succession; hydrophyte; environmental factors; cluster analysis; CCA

水生植物生长的水塘或湿地能够有效地净化水体中的污染物,水生植物对有机物、重金属以及氮磷都有良好的去除作用。植物附着细菌指的是生长在植物表面,和植物形成紧密或者松散结构的共生关系的一类细菌^[1]。水生植物及其表面附着细菌群落是水体自净体系的重要组成部分,在污染物转化及维持生态平衡方面起着重要作用^[2]。

随着分子生物学技术尤其是高通量测序技术的发展,对于水生植物表面生物膜中细菌群落的认识不断深入,可以更好地从基因水平上去了解微生物及其群落结构特征。大量的研究表明植物表面附着细菌群落表现出群落结构多样性和宿主专一性,变形菌门是主要有优势群种,除此之外还包括蓝细菌门、拟杆菌门、放线菌门等^[3-7]。植物表面附着细菌既受到宿主植物的影响,也受到外界环境因素的影响:研究表明植物叶片比表面积较大的更适合微生物附着^[8],常会庆等^[9]研究了黄华水龙、凤眼莲等的分泌物对氮循环微生物和光合细菌的影响,发现其分泌物对光合细菌有促进生长的作用;董彬等^[10]也验证了沉水植物附着层环境中的 pH、DO、ORP 等均随感应探针到叶表距离而呈现不同的变化趋势;另外一些研究也发现富营养化湖泊通常有相对厚但松散、不稳定的附着层,而贫营养湖泊的附着层则相对紧凑而稳定^[11];杨飞等^[12]发现不同水深的沉水植物附着细菌群落多样性不同。

水生植物表面附着的细菌群落中含有大量的功能菌,包括硝化和反硝化细菌、脱硫杆菌以及分解有机磷细菌等,且其中大多数的细菌都具有较强的分解有机物的能力^[13-14]。宋玉芝等^[15]研究发现附着微生物的生物量、群落结构、厚度等都对水体中磷的去除有着显著影响。Sorensen 等^[16]发现植物叶片表面白天进行非常强烈的硝化反应。Palijan 等^[17]将不同生长状况下的金鱼藻放入同一个水体中培养,发现成熟的金鱼藻附着生物层量较大;同时,附着细菌中还存在大量的功能菌,有助于水生态环境保护与修复^[5]。

目前,植物表面附着细菌群落的研究都是在室内培养,且大多数研究集中在沉水植物,较少有对于漂浮植物、浮叶植物等水生植物附着细菌群落的研究。本文选择 3 种不同生活型的水生植物(狐尾藻、凤眼莲、睡莲)为研究对象,采用高通量测序的方法测定其茎叶表面附着微生物群落结构,探究不同植物微生物群落季节演替特征,并进一步分析环境因子、宿主植物等对其演替产生的影响,为水生态修复中植物的选择和应用提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 研究区情况

植物塘(31°40′40″N ~ 31°41′1″N,119°8′20″E ~ 119°8′35″E)位于南京市溧水区方便水库陈墩库区生态基地,是方便水库的前置库塘。方便水库是江苏省重点集中式饮用水源地,年平均水位 25.5 m,库区面积 6.68 km²,总库容 4 900 万 m³。

以狐尾藻、凤眼莲、睡莲 3 种水生植物为研究对象。水样和植物样品采集自南京市溧水区的 3 个水生植物塘,采集时间为 2017 年 4 月(春季)、7 月(夏季)、11 月(秋季)、2018 年 1 月(冬季)。

1.2 水质的测定

测定的水质指标包括水体的温度 T 、pH 值、溶解氧(DO)、总氮(TN)、总磷(TP)、高锰酸盐指数(COD_{Mn})。3 个水生植物塘水生植物采样点水质状况见表 1。

根据表 1 不同季节各植物塘的水质数据分析,可得出相应植物塘内不同生活型水生植物对污染物的削减量情况,如表 2 所示。

从表 2 可以看出,不同生活型水生植物对污染物去除效果不同,狐尾藻对 TN、TP 的去除效果最好,削减量分别达到 25.6 kg/(a · hm²)、1.0 kg/(a · hm²);凤眼莲对 NH₃-N 的去除效果最好,削减量达到 33.2 kg/(a · hm²);睡莲对 COD_{Mn} 的去除效果最好,削减量达到 51.7 kg/(a · hm²)。

表1 研究区水质参数

Table 1 Water environmental parameters of the investigated ponds

季节	采样点编号	$\rho(\text{TN})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{TP})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{COD}_{\text{Mn}})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{DO})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	pH	$T/^{\circ}\text{C}$
春季	1号	0.274	0.034	4.421	7.49	7.30	18.8
	2号	0.248	0.035	4.198	7.31	7.39	18.8
	3号	0.258	0.036	3.946	6.85	7.36	18.8
夏季	1号	0.732	0.037	5.295	3.28	7.49	28.4
	2号	0.776	0.036	5.381	2.71	7.55	28.4
	3号	0.905	0.046	5.497	4.12	7.55	28.4
秋季	1号	0.761	0.044	4.656	5.10	7.59	13.1
	2号	0.856	0.046	4.320	5.10	7.64	13.1
	3号	0.691	0.028	4.928	6.68	7.60	13.1
冬季	1号	1.050	0.021	3.728	7.53	8.18	7.5
	2号	0.967	0.023	4.272	8.48	8.29	7.5
	3号	1.070	0.019	4.832	8.66	8.30	7.5

2 结果与讨论

2.1 附着细菌数量和多样性

如表3所示,通过高通量测序(相似度高于97%的序列归为一个OTU,覆盖度反应测序的深度与准确度,Chao指数反映植物附着细菌丰富度,Shanon指数和Simpon指数反映群落的丰富度与均匀度),3种植物表面附着细菌丰富度季节变化有所差异,狐尾藻附着细菌Chao指数秋冬季最高,春夏季节较低;凤眼莲和睡莲呈现夏秋季节较高,冬季次之,春季丰富度最低;各季节狐尾藻的Chao指数较高,说明沉水植物狐尾藻表面附着的细菌种类最丰富;Shannon指数可同时反映群落的丰富度以及均匀度,丰富度越高均匀度越大则Shannon指数值越大,狐尾藻的Shannon指数季节变化为春季和冬季较高,夏季和秋季较低,凤眼莲在夏季的多样性指数最高,其次是春季,冬季和秋季的多样性指数较低;睡莲附着细菌的多样性指数呈现夏季和秋季较高,春季和冬季较低;夏季凤眼莲附着细菌的多样性指数最高,春季、秋季和冬季狐尾藻的多样性指数最高。

表3 附着微生物菌群丰富度和多样性指数

Table 3 Richness and diversity index of the attached microbial flora

季节	水生植物	序列数	OTU 指数	Chao 指数	覆盖度/%	Shannon 指数	Simpon 指数
春季	狐尾藻	28447	946	1046	99.48	6.99	0.951
	凤眼莲	28447	152	243	99.78	2.21	0.658
	睡莲	28447	366	543	99.54	1.58	0.308
夏季	狐尾藻	23541	825	1149	98.55	3.53	0.627
	凤眼莲	23541	813	1204	98.60	3.97	0.679
	睡莲	23541	564	890	98.85	2.31	0.474
秋季	狐尾藻	25664	813	1182	98.75	3.23	0.538
	凤眼莲	25664	602	927	98.90	1.60	0.297
	睡莲	25664	891	1312	98.61	3.62	0.605
冬季	狐尾藻	47575	969	1229	99.39	3.55	0.597
	凤眼莲	47575	592	679	99.61	1.51	0.220
	睡莲	47575	468	834	99.50	1.63	0.324

3种植物附着细菌群落丰富度指数和多样性植物季节变化并不一致,狐尾藻表面附着细菌春季丰富度和多样性指数较高,而凤眼莲和睡莲则是在夏季多样性指数较高,这可能与不同季节植物生长状态有关,夏季是凤眼莲和睡莲生长旺盛期,狐尾藻在冬季处于衰亡阶段,此时营养元素的释放速率较慢^[18-19],温度的回升和大量的营养盐释放促进了细菌的生长,附着细菌群落的多样性升高。相比凤眼莲和睡莲,狐尾藻附着的细菌多样性在各季节中都是较高的,研究表明沉水植物位于水面以下其茎叶表面常聚集了各种有机物胶体、

表2 不同植物塘污染物削减量

Table 2 Pollutant reduction in different plant ponds

	$\text{kg}/(\text{a}\cdot\text{hm}^2)$			
水生植物	TN	TP	$\text{NH}_3\text{-N}$	COD_{Mn}
狐尾藻	25.6	1.00	30.1	22.4
凤眼莲	19.4	0.50	33.2	25.3
睡莲	18.1	0.80	23.6	51.7

藻类、细菌等,形成稳定的生物膜结构^[20];漂浮植物和浮叶植物附着细菌生长在水体表面,使得原本附着在其表面的微生物群落脱离的几率增大,影响附着生物膜的形成^[21]。

2.2 附着细菌群落结构

在 36 个样品中共检测出 56 个门类,其中蓝细菌门、变形菌门、拟杆菌门、放线菌门的丰富度之和占到 90% 以上。在门水平上,3 种水生植物附着细菌群落季节演替类似,只是在丰富度上略有差异,如图 1 所示。夏季和秋季附着细菌中蓝细菌门是绝对的第一优势种,丰富度达到 64.41% ~ 84.35%,春季蓝细菌门优势作用降低(27.07% ~ 38.12%),随着冬季温度下降,变形菌门成为优势菌种,丰富度为 38.90% ~ 58.94%。

蓝细菌门是河湖中常见的附着藻类,夏季秋季水温较高的季节,附着细菌群落中蓝细菌门往往是第一优势菌种,这是因为在南方夏季和秋季温度较高会导致蓝藻大量繁殖,蓝细菌光合能力强,是初级生产力的主要参与者和贡献者,冬季温度降低会对蓝藻造成冲击,导致丰富度在冬季明显降低。变形菌门通常是水环境中主要的原核生物,Zwart 等^[22]发现淡水环境中含有大量的 α - β - γ -变形菌亚门,杜瑞芳等^[23]发现乌梁素海湖滨湿地中变形菌门为第一优势菌。在水生植物附着细菌中,变形菌门也是主要的细菌门类,尤其是在冬季随着蓝细菌门丰富度降低,变形菌门取代蓝细菌门成为第一优势菌;张雅洁等^[24]发现北海湖浮游细菌群落中,春季放线菌门是其优势菌门,与本文研究类似,放线菌门在土壤中存在更加广泛。

在属水平上挑选 3 种植物在不同季节丰富度前 20 的种做热图。从图 2 中可以看出,植物附着微生物呈现明显的季节演替。春季狐尾藻附着细菌群落中 *Cercis gigantea* (18.97%) 是第一优势种属,夏季心形鞘藻属 (3.89%) 成为第一优势种属;秋季狐尾藻附着细菌优势菌属演变为嗜甲基菌属 (14.41%),冬季 *Tabrizicola* (1.76%)、芽单胞菌属 (1.05%) 演变为优势菌种。春季风眼莲附着细菌中真核藻类 *Cercis gigantea* (17.02%) 是第一优势种属,夏季心形鞘藻属 (5.16%) 成为第一优势菌种,秋季短波单胞菌属丰富度最高 (11.16%),冬季 *Aquabacterium* (1.69%) 成为第一优势种属。睡莲附着细菌中春季的优势种属主要包括藻类 *Cercis gigantea* (12.97%)、根瘤杆菌属 *Rhizobacter* (2.43%),夏季乳球菌属成为第一优势菌种,秋季 *Ideonella* 丰富度较高 (1.47%),冬季 *Catenibacterium* (1.52%) 成为优势菌种。

3 种水生植物附着细菌中春季和夏季藻类 *Cercis gigantea*、心形鞘藻属、鞘丝藻属丰富度较高,春夏季节气候适宜藻类繁殖,植物表面也附着了大量的藻类,夏季乳球菌属优势度也有所上升;秋冬季节 3 种植物附着细菌群落的主要优势种的演变方向则有所差异,这可能与植物在秋冬季节时生长状况、分泌物质不同有关,呈现了一定程度的宿主专一性。

不同水生植物附着细菌群落结构的差异与植物茎叶的比表面积、分泌与植物茎叶的比表面积、植物茎叶光合作用强度等因素有关。沉水植物狐尾藻比表面积较大,提供了更大附着空间,其微生物数量和多样性高。常会庆等^[9]研究了黄华水龙、风眼莲、伊乐藻等水生植物,发现其分泌物对光合细菌都有促进生长的作用,却能抑制硝化细菌的生长。Sandjensen 等^[14]研究了 4 种沉水植物微界面氧气分布,发现叶片表面存在交替的好氧-厌氧环境,使叶片表面溶解氧变化的范围更广。除此之外,由于在本研究中狐尾藻、风眼莲、睡莲 3 种水生植物分属沉水、漂浮、浮叶植物,漂浮和浮叶植茎都在水体表面,而沉水植物则在水下,其周围水体中的 DO 含量不同也会影响茎叶表面的微环境,从而使茎叶表面微生物结构存在差异。

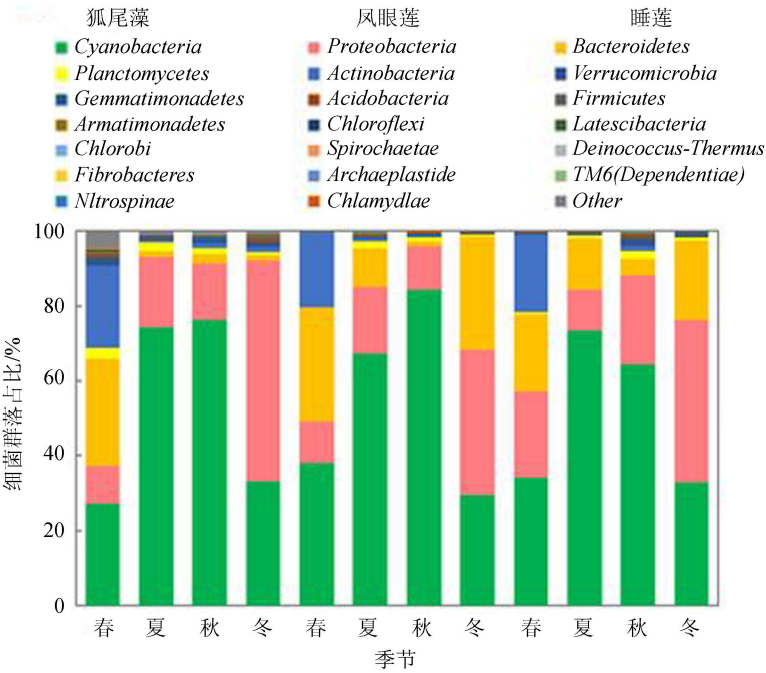


图 1 植物附着细菌群落门分类水平

Fig. 1 Categorical level in phylum of bacterial community attached to plant

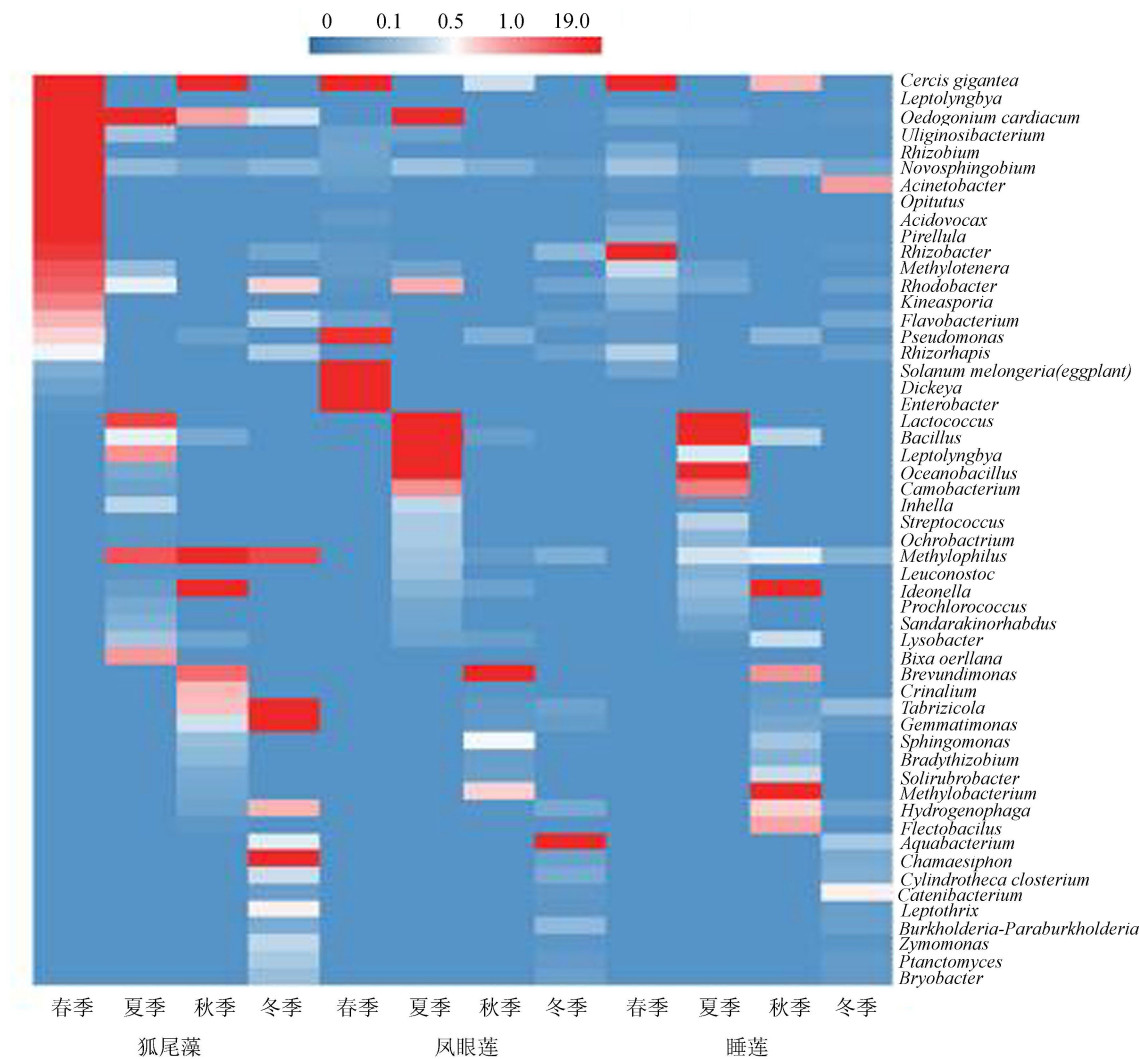


图 2 植物附着细菌群落属分类水平

Fig. 2 Categorical level in genera of bacterial community attached to plant

2.3 聚类分析

采用主成分分析法 (principal component analysis, PCA) 分析衡量不同季节不同植物附着细菌群落结构的差异性。结果表明植物附着微生物群落呈现明显的季节差异。从图 3 (其中:1—春季,2—夏季,3—秋季,4—冬季;A—狐尾藻,B—风眼莲,C—睡莲)可以看出根据群落结构的相似程度可分为 3 组,夏季和春季 3 种水生植物附着细菌群落各成一组,秋、冬季 3 种植物附着细菌群里结构比较相似,成为一组。

PCA 分析揭示了季节对附着细菌群落结构表现出的差异性高于植物种类的影响,说明在植物生长初期 (春季) 主要依靠周围水体中的浮游细菌随机选择其附着细菌,生长旺盛期 (夏季) 通过周围水体汲取养分形成稳定的附着细菌群落,衰亡期 (秋、冬季) 因周围水体温度、溶解氧等原因无法保证其营养而衰亡,由此说明 3 种水生植物对环境因子变化敏感。

2.4 环境因子分析

通过典型相关分析法 (canonical correlation analysis, CCA) 分析探讨环境因子对植物附着细菌群落的影响。水生植物附着细菌群落既受到植物生长状况、分泌物质的影响呈现一定程度的宿主专一性,同时也受到

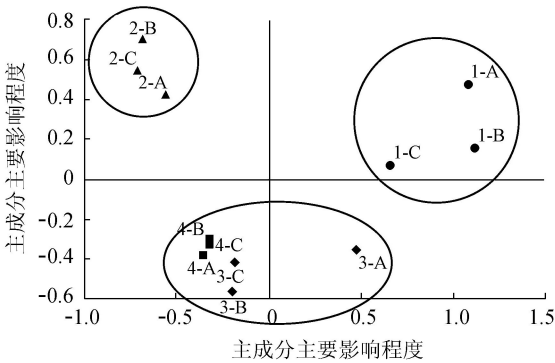


图 3 植物样本聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of plant samples

外界环境的调控,金梦婷等^[25]研究发现温度、硝态氮、COD 等是城市水体中生物膜群落的主要影响因素,朱亮等^[26]对大运河沉积物中微生物测定发现水质指标是细菌群落差异的主要影响因素。

将4个季节3种水生植物的细菌群落与水质因子(表1)进行 CCA 分析。从图4(其中:1—春季,2—夏季,3—秋季,4—冬季;A—狐尾藻,B—凤眼莲,C—睡莲)可以看出,春季3种水生植物样品附着细菌群落与 DO 呈正相关,与 pH、TN 呈负相关。夏季附着细菌与 T、TN、TP、COD 都呈正相关,春夏季节附着细菌群落中藻类是主要附着菌属,夏季温度适宜,营养元素的输入使藻类大范围生长。秋季附着细菌群落与 T、TP 呈负相关,与 DO 呈正相关;冬季水生植物附着细菌群落与 pH、TN 呈正相关,与 T、TP 呈负相关。

3 结 论

a. 在门水平上,3种水生植物附着细菌群落季节演替类似,只在丰富度上略有差异。夏季和秋季蓝细菌门(64.41%~84.35%)是绝对的第一优势种,春季拟杆菌门和放线菌门丰富度增加(38.91%~43.66%),随着冬季温度下降,变形菌门成为优势菌种(38.90%~58.94%)。

b. 在属水平上,3种水生植物附着细菌群落季节演替不同,呈现一定程度的宿主专一性。春季3种水生植物附着微生物群落中藻类 *Cercis gigantea* (12.8%~18.9%)是第一优势菌种;夏季狐尾藻和凤眼莲中 *Oedogonium cardiacum* (1.89%~3.15%)是第一优势菌种,睡莲中乳球菌属 *Lactococcus* 是优势最高的种属(7.40%),秋季狐尾藻中 *Methylophilus* 丰富度最高(14.41%),凤眼莲中短波单胞菌属丰富度最高(11.16%),睡莲中丰富度最高的是 *Ideonella* (1.47%);冬季狐尾藻附着细菌群落中 *Tabrizicola* (1.76%)演变为优势菌种, *Aquabacterium* (1.69%)是凤眼莲的第一优势种属,而睡莲中 *Catenibacterium* (1.52%)丰富度最高。

c. T、pH、TN 是水生植物附着细菌群落演替的主要影响因素,春季3种水生植物样品附着细菌群落与 DO 呈正相关关系,与 pH 和 TN 呈现负相关关系;夏季附着细菌与 T、TN、TP、COD 都呈现正相关关系;秋季附着细菌群落与 T、TP 呈负相关,与 DO 呈正相关;冬季附着细菌群落与 pH、TN 呈正相关,与温度和 TP 则呈现负相关。

参考文献:

[1] 何聃,任丽娟,邢鹏,等. 沉水植物附着细菌群落结构及其多样性研究进展[J]. 生命科学,2014,26(2): 161-168. (HE Dan,REN Lijuan,XING Peng,et al. Research progress of diversity and community structure of epiphytic bacteria on submerged macrophytes[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences,2014,26(2):161-168. (in Chinese))

[2] 刘凯辉,张松贺,吕小央,等. 南京花神湖3种沉水植物表面附着微生物群落特征[J]. 湖泊科学,2015,27(1): 103-112. (LIU Kaihui,ZHANG Songhe,LYU Xiaoyang,et al. The characteristics of epiphytic microbes of three submerged macrophytes in Lake Huashen[J]. Journal of Lake Sciences,2015,27(1):103-112. (in Chinese))

[3] HE D, REN L, WU Q. Epiphytic bacterial communities on two common submerged macrophytes in Taihu Lake: diversity and host-specificity[J]. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 2012, 30(2): 237-247.

[4] PANG S, ZHANG S, LYU X Y, et al. Characterization of bacterial community in biofilm and sediments of wetlands dominated by aquatic macrophytes[J]. Ecological Engineering,2016,97:242-250.

[5] 马杰. 浅水湖泊典型沉水植物附着细菌群落结构特征[D]. 南京:南京师范大学,2016.

[6] POLLARD P C. Bacterial activity in plant (*Schoenoplectus validus*) biofilms of constructed wetlands[J]. Water Research,2010, 44(20): 5939-5948.

[7] 马杰,范娟,王国祥,等. 洪泽湖3种沉水植物附着细菌群落结构及多样性[J]. 湖泊科学,2016,28(4): 852-858. (MA Jie,FAN Zhou,WANG Guoxiang, et al. Diversity and community structure of epiphytic bacteria on different submerged macrophytes in Lake Hongze[J]. Journal of Lake Sciences,2016,28(4):852-858. (in Chinese))

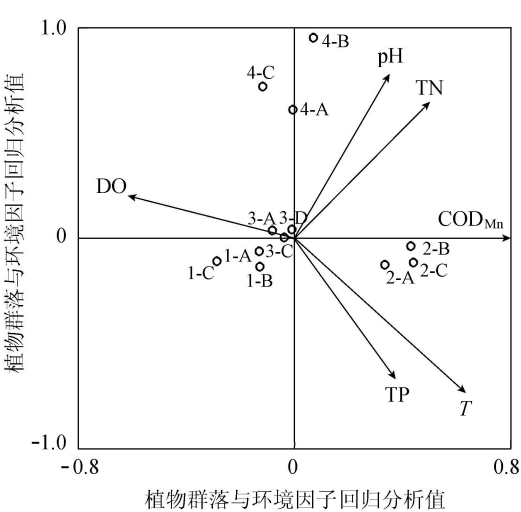


图4 植物附着细菌群落与环境因子 CCA 分析
Fig.4 CCA ordination biplot between attached bacterial community and environmental factors

- [8] 由文辉. 淀山湖着生藻类群落结构与数量特征[J]. 环境科学, 1999, 20(5): 62-65. (YOU Wenhui. The species composition and quantitative features of the periphytic algae communities in Dianshan Lake[J]. Environmental Science, 1999, 20(5): 62-65. (in Chinese))
- [9] 常会庆, 丁学峰, 蔡景波. 水生植物分泌物对微生物影响的研究[J]. 水土保持研究, 2007, 14(4): 57-60. (CHANG Huiqing, DING Xuefeng, CAI Jingbo. Effects of crude exudates of a aquatic macrophytes on bacteria[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2007, 14(4): 57-60. (in Chinese))
- [10] 董彬, 韩睿明, 王国祥. 沉水植物茎叶微界面特性研究进展[J]. 生态学报, 2017, 37(6): 1769-1776. (DONG Bin, HAN Ruiming, WANG Guoxiang. Research advances in and perspectives on characteristics of the micro-boundary layer around leaves and stems of submerged macrophytes[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(6): 1769-1776. (in Chinese))
- [11] RAEDER U, RUZICKA J, GOOS C. Characterization of the light attenuation by periphyton in lakes of different trophic state[J]. Limnologia, 2010, 40(1): 40-46.
- [12] 杨飞, 尹杰, 张毅敏, 等. 两种沉水植物附着生物种群特征对水深的响应研究[J]. 环境科学学报, 2018, 38(6): 1-14. (YANG Fei, YIN Jie, ZHANG Yimin, et al. Research on characteristics of epiphytic organism of two submerged macrophytes and its response to water depth[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2018, 38(6): 1-14. (in Chinese))
- [13] RUSCONI R, LECUYER S, AUTRUSSON N, et al. Secondary flow as a mechanism for the formation of biofilm streamers[J]. Biophysical Journal, 2011, 100(12): 3054.
- [14] SANDJENSEN K, REVSBECH N P, RGENSEN B J. Microprofiles of oxygen in epiphyte communities on submerged macrophytes[J]. Marine Biology, 1985, 89(1): 55-62.
- [15] 宋玉芝, 秦伯强, 高光. 附着生物对富营养化水体氮磷的去除效果[J]. 长江流域资源与环境, 2009, 18(2): 180-185. (SONG Yuzhi, QIN Boqiang, GAO Guang. Removal effects of periphyton on nitrogen and phosphorus in the eutrophic water body[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2009, 18(2): 180-185. (in Chinese))
- [16] SORENSEN J, JORGENSEN T, BRANDT S. Denitrification in stream epilithon: seasonal variation in gelbæk and rabis baek denmark[J]. Fems Microbiology Letters, 1988, 53(6): 345-353.
- [17] PALIJAN G, FUKS D, VIDA KOVIC J. Spatial and temporal distribution of net nitrite and nitrate production on submersed macrophyth ceratophyllum demersum[J]. Fresenius Environmental Bulletin, 2009, 18(1): 64-69.
- [18] 张来甲, 叶春, 李春华, 等. 沉水植物腐解对水体水质的影响[J]. 环境科学研究, 2013, 26(2): 145-151. (ZHANG Laijia, YE Chun, LI Chunhua, et al. The effect of submerged macrophytes decomposition on water quality[J]. Research of Environmental Sciences, 2013, 26(2): 145-151. (in Chinese))
- [19] VIS C, HUDON C, CARIGNAN R. Influence of the vertical structure of macrophyte stands on epiphyte community metabolism[J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2006, 63(5): 1014-1026.
- [20] 吕小央, 张松贺, 刘凯辉, 等. 水生植物-生物膜体系的生态功能与互作机制研究进展[J]. 水资源保护, 2015, 21(2): 20-25. (LYU Xiaoyang, ZHANG Songhe, LIU Kaihui, et al. Advances in ecological function and interaction mechanism of aquatic macrophyte-biofilm system[J]. Water Resources Protection, 2015, 21(2): 20-25. (in Chinese))
- [21] HIFNEY A F, FAWZY M A, ISSA A A, et al. Biodegradation of *palisada perforata* (rhodophyceae) and *sargassum* sp. (phaeophyceae) biomass by crude enzyme preparations from algicolous fungi[J]. Journal of Applied Phycology, 2015, 27(6): 2395-2404.
- [22] ZWART G, CRUMP B C, AGTERVELD M, et al. Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences from plankton of lakes and rivers[J]. Aquatic Microbial Ecology, 2002, 28(2): 141-155.
- [23] 杜瑞芳, 李靖宇, 赵吉. 乌梁素海湖滨湿地细菌群落结构多样性[J]. 微生物学报, 2014, 54(10): 1116-1128. (DU Ruifang, LI Jingyu, ZHAO Ji. Bacterial diversity in littoral wetland of Wuliangsu Lake[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2014, 54(10): 1116-1128. (in Chinese))
- [24] 张雅洁, 李珂, 朱浩然, 等. 北海湖微生物群落结构随季节变化特征[J]. 环境科学, 2017, 38(8): 3319-3329. (ZHANG Yajie, LI Ke, ZHU Haoran, et al. Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake[J]. Environmental Science, 2017, 38(8): 3319-3329. (in Chinese))
- [25] 金梦婷, 朱亮, 朱彧, 等. 城市缓流水体生物膜群落与环境因子响应关系[J]. 湖泊科学, 2015, 7(1): 58-66. (JIN Mengting, ZHU Liang, ZHU Yu, et al. Relationship between the biofilm microbial communities and the environmental factors of municipal slow-flow water[J]. Journal of Lake Sciences, 2015, 7(1): 58-66. (in Chinese))
- [26] 朱亮, 赵林多, 刘钢, 等. 大运河沉积微生物群落结构特征分析[J]. 中国矿业大学学报, 2010, 39(2): 295-301. (ZHU Liang, ZHAO Linduo, LIU Gang, et al. Research on seasonal and spatial shifts in river sediments microbial community structure[J]. Journal of China University of Mining and Technology, 2010, 39(2): 295-301. (in Chinese))