

DOI:10.3880/j.issn.1004-6933.2022.01.025

# 河流微生物生态学的研究进展

李 轶,雷梦婷,杨 楠,张文龙,牛丽华,王龙飞

(河海大学环境学院,江苏南京 210098)

**摘要:**基于对河流微生物生态学研究中的微生物群落结构构建机理、生态功能机制、环境交互作用三个关键科学问题的分析,探讨了河流微生物群落时空分布格局、生态构建理论、环境响应机制、物质循环交互作用、食物网结构功能等基础前沿理论研究,总结了基于微生物群落的河流生态健康指示、评价、诊断体系构建,基于微生物溯源技术的污染物迁移轨迹追踪和基于微生物群落重构的生态修复等应用发展现状,展望了河流微生物生态学研究的发展趋势,即方法革新化、尺度宏观化、维度全面化和成果技术化。

**关键词:**河流生态;微生物群落;物质转化;生态健康评价;微生物溯源

**中图分类号:**TV213.4;X172;X52 **文献标志码:**A **文章编号:**1004-6933(2022)01-0190-08

**Research and prospect on river microbial ecology**//LI Yi, LEI Mengting, YANG Nan, ZHANG Wenlong, NIU Lihua, WANG Longfei(*College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China*)

**Abstract:** Based on an analysis of the key scientific problems that need to be solved in river microbial ecology, including the mechanisms of community composition, ecological function, and environmental interaction, the frontier theoretical research on distribution patterns, ecological construction, environmental response, and food web construction of river microbial communities, as well as their interaction with matter transformation is discussed. The current situation of microbial community technology applied in the construction of river ecological health indication, assessment, and diagnosis system, pollutant source tracing, and river remediation is summarized. It is concluded that the future research on river microbial ecology should focus on innovative methods, large research scales, multidimensional study, and transformation of theoretical results into technical application.

**Key words:** river ecology; microbial community; matter transformation; ecological health assessment; microbial source tracking

在全球气候变化与社会经济高速发展的背景下,水利工程建设、河岸固化、污染物排放、水生生物过度捕食等人类活动扰乱了河流的自然流态与水文循环过程,改变了原有的水生栖息地环境,造成河流生态系统中生物多样性的减少,破坏了河流的生态健康并影响其生态功能的发挥<sup>[1]</sup>,因此,提升流域水环境综合治理能力迫在眉睫。流域水环境的综合治理以水文学及水资源、水力学及河流动力学、生物学、化学和生态学等多学科理论体系为基础,具有鲜明的学科交叉特点,其中,河流微生物生态学的建立和发展是水环境综合治理的内在需求,但一直缺乏系统性、针对性的研究。

微生物(包括细菌、真菌和古菌)在生态系统中具有重要地位,而河流微生物是河流生物群落

和生态系统构造最基础的部分,具有种类丰富、功能多样和响应灵敏等特点,在河流底质养分转化和循环、有机质形成与分解、河流物质循环和能量流动以及其他各类生态过程中扮演重要角色<sup>[2]</sup>。微生物是提高河流水环境自净能力、水生态自修复能力的关键因素。河流微生物群落的构建和演替过程体现了微生物与河流生态系统功能、恢复力和可持续性之间的关系,是影响污染物在河流中迁移转化的关键因素。因此,利用微生物信息评估河流生态环境、解析退化成因、追溯污染源头是开展流域水环境综合治理的重要前提,对河流生态系统重构具有重要意义。

河流生态系统在维持生态系统平衡、物质循环和水文循环、生物物种及其遗传多样性等方面发挥

基金项目:国家重点研发计划(2019YFC0408300);国家自然科学基金(51779076)

作者简介:李轶(1975—),男,教授,博士,主要从事水污染控制、水资源开发及污染环境修复研究。E-mail: envly@hhu.edu.cn

了重要作用,物种多样性丰富、生产力与生境异质性强是其显著特征<sup>[3-4]</sup>。与空气、土壤及其他水体(包括湖泊、水库、海洋)等微生物生存环境相比,河流有其特殊性质,如在吸收相同热量的前提下,河流水体的温度变化更小,对陆地环境变化的响应也较慢,因此,河流的生态空间相对封闭,生态修复时既要阻断外源污染,也需要对内源污染进行治理。在海洋、湖泊和水库等低流动性系统中,物质的物理迁移过程可被简化或忽略,其微生物生态系统结构与功能也呈现出明显的区域性特征,而河流具有三维流动性,传质、扩散和弥散等过程对河流不同相之间的物质传递具有不可忽视的影响<sup>[5]</sup>。由于河流中物质和能量的转化是在水位、流量、流速、动水压强等复杂变化的动水条件下进行的,因此水动力条件是河流微生物生态研究有别于其他水环境系统研究的重要因素<sup>[6]</sup>。此外,江、湖、河具有连通性,在进行河流微生物生态系统探究时,不能仅限于讨论单支河流,应对流域开展系统全面的调查和分析<sup>[7]</sup>。鉴于河流系统的特殊性,针对河流微生物生态研究需要充分考虑其特点,所得成果才能更为科学有效地指导河流水环境保护及生态修复实践。

本文围绕河流微生物生态学研究的关键科学问题,总结理论研究进展和技术应用现状,分析未来发展趋势,探讨河流微生物生态学在河流水环境保护与生态修复中的意义,以期为今后研究提供借鉴。

## 1 关键科学问题

河流微生物群落特征是河流生态环境和健康评价的关键依据之一,微生物群落分布及多样性影响河流生态系统结构与功能的稳定性。近年来,河流微生物生态学研究在理论体系、测试体系、模型构建和实际应用等方面面临诸多挑战。基于研究现状,本文总结出河流微生物生态研究中亟待解决的3个核心问题。

### 1.1 河流微生物群落结构构建机理

根据栖息地不同,河流微生物主要分为悬浮于水体中的浮游微生物和生存于沉积物中的沉积微生物<sup>[8]</sup>。细菌是河流中数量最多、分布最广的微生物类群之一,在河流生态系统物质循环及营养分配等重要过程中发挥主要作用<sup>[9]</sup>。河流不同相中微生物群落的组成结构、物种丰富度及多样性指数是河流微生物生态学研究的基础内容,其分布规律由群落构建机制所驱动。因此,河流微生物群落的潜在构建机理是河流微生物生态研究的第一个关键科学问题。

### 1.2 河流微生物群落生态功能机制

微生物作为河流中物质循环的主要执行者,通过交互的代谢活动,影响河流生态系统中碳、氮、磷、硫、硅、铁等诸多元素的生物地球化学循环过程。此外,河流微生物还具有降解污染物、调节营养流动等生态功能。微生物群落介导物质的转化,物质循环促进微生物群落的生长及代谢。因此,河流微生物群落对物质循环及生态调控过程的作用机制是河流微生物生态学研究的第二个关键科学问题。

### 1.3 河流微生物群落环境交互作用

河流微生物群落的组成结构和功能受其生存环境中众多因素影响,包括理化因子(温度、pH值、溶解氧等)、营养元素(氮、磷等)浓度及季节因素(光照、降雨)等。除此之外,水动力条件、生物因素以及污染物胁迫等亦对河流微生物群落的组成及功能产生重要作用<sup>[10]</sup>。在多环境因素的协同作用下,微生物群落在物质循环及生态调控过程中承担着不同的功能。因此,河流微生物群落生态功能对环境变化的响应-反馈机制是河流微生物生态学研究的第三个关键科学问题。

## 2 河流微生物生态学基础理论研究现状

基于河流微生物生态学的3个关键科学问题,从河流微生物群落的时空分布规律和生态构建机理,微生物群落在河流物质循环和生态调控中的功能机制,以及河流微生物群落对环境变化的响应-反馈作用等方面阐述河流微生物生态学的基础理论研究现状。

### 2.1 群落时空分布格局

河流微生物群落空间分布格局研究主要体现在其纵向、垂向及横向的三维分布规律上<sup>[6,11]</sup>。在现有研究中,微生物群落纵向分布特征研究占多数,如Liu等<sup>[12]</sup>对近4300 km的长江河段进行采样普查,总结出长江流域的浮游微生物及沉积微生物群落的时空分布情况;Wang等<sup>[13]</sup>对鸭绿江的浮游细菌开展了较为详尽的调查研究。近两年来出现对微生物群落垂向分布特征的研究,并将河流中微生物群落纵向和垂向分布特征进行对比,如Gao等<sup>[14]</sup>对富营养化河流微生物群落纵向和垂向分布特征开展研究;Zhang等<sup>[15]</sup>以黑臭水体及底泥中的微生物群落为研究对象,得出目标河流中不同空间组合的微生物群落之间差异性表现特征。此外,为了解河流中悬浮颗粒微生物受外源颗粒物输入的影响,Zhang等<sup>[16]</sup>在研究中揭示了城市河流弯道处泥沙粒径与微生物结构及氮物质循环效率的相关性,对河流微生物空间分布机理进行了更细致的研究。

另一方面,对河流微生物的时间变化研究主要集中在其随季节的动态变化,温度、光照和溶解氧浓度等对微生物群落有重要影响的环境因子均会随季节出现明显的协同变化,进而引起河流生态系统养分以及物质循环的改变,直接或间接地影响河流微生物的群落结构<sup>[17]</sup>。毛铁墙<sup>[18]</sup>在对湛江湾氮循环关键微生物的定量观测中发现,部分氮循环菌群丰度变化与昼夜交替有关。目前对河流微生物年际变化研究鲜有报道,多见于海洋和土壤等流动性较低、微生物群落结构更为稳定的生态系统研究<sup>[19]</sup>。现有研究表明,河流微生物的空间变化与生态构建过程密不可分,而时间变化上则多呈现出季节性特征,现有研究对河流微生物群落跨越时间、空间分布情况的讨论往往同步进行,力图反映河流微生物最为完整、全面的演替变化格局。

## 2.2 群落生态构建理论

基于生态位理论,微生物群落的聚集和变化被分为选择、漂变、物种形成和扩散4类基本的生态过程<sup>[20-21]</sup>。确定性过程影响微生物群落对环境的适应性,决定物种的组成和丰度;随机过程导致群落组成发生不可预测的变化,两个过程共同作用,影响并改变了微生物群落在生物地球化学循环中的功能<sup>[22]</sup>。Li等<sup>[23]</sup>研究了长江三峡水库底泥中微生物群落的生态构建过程,认为均质扩散主导群落的演替变化;Zhang等<sup>[24]</sup>通过计算高海拔地区河流中微生物群落生态组合过程的比率,发现参与反硝化和厌氧氨氧化的功能菌群的生态构建驱动力是随机过程而非环境选择;Li等<sup>[25]</sup>首次将生态学的生态位和中性理论引入河流微生物学中,利用确定性和随机性方程建立了河流底质微生物群落物种丰度的驱动-响应模型,阐明了动水条件下河流底质微生物群落的响应机制,发现当雷诺数逐渐增大时,河流底质微生物群落构建的主要机制由内部竞争转向源头迁移,论证了流动水体中细菌群落的演替动态,对演替生态学做了有效补充。

## 2.3 河流微生物群落的环境响应机制

温度、pH值、溶解氧浓度等物理因素对河流微生物群落的生长变化过程发挥基本作用。因为季节因素和温度的影响具有协同效应,现有研究往往基于季节变化产生的温度和光照变化分析其对河流微生物群落的影响<sup>[14]</sup>。而Zhang等<sup>[26-27]</sup>在对青藏高原地区参与氮循环的河流微生物群落的研究中发现,低气温和较大的昼夜温差是高海拔地区河流特殊菌落形成的重要因素。同时,河流微生物群落对有机物浓度、营养元素(氮、磷等)浓度、水动力条件以及生物因素的变化也会产生明显的响应<sup>[28]</sup>。

Roberto等<sup>[29]</sup>通过研究污水排放对城市河流中微生物群落时空分布的影响,揭示了营养元素、水文特征对底质菌群的组成分布有重要作用,而对菌群功能的作用却很有限;Wang等<sup>[13]</sup>在研究中提出,浮游植物和原生物生长过程中会与浮游微生物进行营养物质的竞争,因此,浮游植物和原生细菌等生物因素对水体中的微生物群落分布及结构的影响不可忽略<sup>[30]</sup>。此外,Gao等<sup>[31]</sup>对长江干流进行大范围多季节采样研究,发现梯级大坝和三峡大坝以其独特的水力学条件调控了微生物群落的构建机制,从而影响长江干流微生物群落格局及其氮转化相关活动,从微生物生态学的角度揭示了不同类型大坝在大流域水体中对生态状况及氮转化的影响。

## 2.4 河流微生物介导的生物地球化学循环机制

随着分子生物学及计算机技术的快速发展,计算机建模方法被应用于河流系统生物地球化学循环过程与结果的定量预测,研究河流生态系统中微生物介导的物质转化潜在机制<sup>[32-33]</sup>。Preheim等<sup>[34]</sup>结合微生物数据和物质垂向迁移转化模型,预测季节性分层湖泊中生物地球化学循环速率和各物质的终态浓度;Reed等<sup>[32]</sup>提出基因中心模型,结合基因组学数据描述生物地球化学模型中的微生物群落,预测微生物群落在生物地球化学循环中的功能特征。目前大多数建模方法只关注微生物群落和化学物质的转化过程,过分简化甚至忽略物质的迁移过程。在水动力条件复杂的河流系统中,不同相(水和沉积物)之间的物质传递、流体动力学扩散等过程是物质动态变化的关键步骤<sup>[5]</sup>。因此,未来的研究中,需要进一步结合三维对流扩散方程和基因中心模型,构建耦合河流水动力与微生物代谢过程的数值模拟方法,实现对河流生物地球化学循环过程的实时、动态预测。

## 2.5 河流微生物食物网结构功能及营养调控机制

在河流生态系统中,微生物食物网作为生态系统中最基础的生态网络,控制着初级生产者的生物量及物质和能量的流动<sup>[35-36]</sup>。近年来,随着DNA宏条形码技术和环境DNA(eDNA)等新兴监测分析技术的推广,Deiner等<sup>[37]</sup>基于生态系统尺度解析微生物对环境的响应情况。Comte等<sup>[38-39]</sup>对DNA宏条形码的研究发现,当环境产生变化时,不同微生物物种会产生不同步的响应,导致微生物群落重组和系统的生态变化。Yang等<sup>[40]</sup>基于DNA宏条形码技术,分析梯级开发河流沉积物中微生物生态系统主要组分的结构和功能特征,揭示梯级水库蓄水对微生物食物网营养传递效率的上行和下行控制效应,证实了使用DNA宏条形码分析微生物食物网的可

行性。Li 等<sup>[41]</sup>通过分析目标河流的 eDNA 样本,对从细菌到无脊椎动物的多营养级生物结构进行研究,并讨论它们对生态系统功能的依赖关系,从而揭示人类活动对河流生态系统功能的显著影响。当前对河流微生物食物网结构功能及营养调控机制的研究较少,为了解河流生态系统对环境的响应,需要更深入全面的研究。

### 3 河流微生物生态学应用研究进展

河流微生物群落的组成分布特征、环境交互机制、物质转化与生态调控功能等理论研究成果具有实际应用价值,成果的应用研究包括初步建立基于微生物群落的河流生态健康指示、评价、诊断体系,利用微生物溯源技术追踪污染物迁移轨迹以及基于微生物群落重构的生态修复探索等。

#### 3.1 基于微生物群落的河流污染指示及健康评价

分子生物技术的快速发展使快速鉴定水环境中微生物群落特征成为可能,微生物具有分布范围广、生命周期短、环境响应灵敏度高等优势,逐渐成为河流生态环境监测的重要研究对象<sup>[42-43]</sup>。

**a. 河流环境污染指示。**为评估污染河流的健康风险,对指示水体病原污染的微生物研究是该领域的研究重点,而传统的粪便菌指标体系被证明具有明显的局限性<sup>[44]</sup>。为准确指示河流的总体污染状况,河流微生物群落与环境因子之间的响应机制逐渐得到重视,一般认为微生物群落多样性和结构变化由水或沉积物的物理和化学特性引起,包括 pH 值、溶解氧和营养物质浓度、污染物含量等<sup>[45-46]</sup>,而忽略了微生物与微生物之间的相互作用<sup>[47]</sup>。为了研究生态系统中微生物与微生物的相互作用和指示环境状况的关键物种,可利用微生物共生网络解释水环境中潜在的物种内或物种间的相互作用<sup>[48]</sup>。Li 等<sup>[49]</sup>利用共生网络分析水体微生物群落与环境因子及不同微生物类群之间的关系,根据共生关系中的中心物种对初步限定的指示物种进行筛选,识别出指示水环境不同污染程度的关键指标物种。然而,目前特定数量的指示微生物只能定性地反映污染程度,对具体的污染数值缺乏直接定量关系。总体而言,通过筛选及构建微生物指标来指示河流污染程度的研究,将为监测和控制水环境污染水平提供新的视角。

**b. 河流生态健康评价。**国内外学者在河流健康评价方面开展了大量的研究工作,建立了多种河流健康评价方法<sup>[50]</sup>,近年来基于微生物群落的河流健康评价方法的研究正在逐步开展。Lau 等<sup>[43,51-52]</sup>基于河流细菌多样性,初步建立了细菌群落指数和

细菌生物完整性指数等评价方法,论证了微生物群落作为河流生态健康评价指标的可行性。Li 等<sup>[53]</sup>构建了基于河流底质细菌群落的生物完整性指数 (Ba-IBI),对秦淮河流域进行健康评价,结果表明,大部分的区域处于“恶劣”和“病态”等级,与当时秦淮河的黑臭状况一致。基于河流微生物构建微生物完整性指数方法被证实是一种切实有效的方法,不仅能区分不同污染等级的区域,且能与水质指数、生境指数、人口密度等建立明显的相关性<sup>[54-55]</sup>。然而,目前的研究仅是初步建立了一个基于微生物因子的生物完整性指数方法,在将来的研究中需要利用更高级的分子生物技术和更可靠的数理统计分析方法,进一步改进微生物完整性指数,提升它的实用性和准确性。

**c. 河流生态健康诊断。**随着微生物完整性指数等方法的发展,可对河流生态健康状况进行定量评估,然而,传统的相关性分析仅限于分析环境因子与微生物群落组成及分布的关系。为分析环境因素对河流微生物完整性指数的影响,Zhang 等<sup>[56-57]</sup>创新性地将微生物完整性指数和结构方程模型 (structural equation model, SEM) 相结合,定量评估各种因素对河流微生物群落的影响,并确定了影响交汇区微生物完整性指数的直接和间接影响因子,同时利用支持向量回归模型和敏感性分析识别出具有增强污染去除潜力的关键环境因子。目前关于河流生态健康诊断的研究较少,由于案例研究的局限性,所得结果没有普遍性,未来的研究中,如何在生态健康评价的基础上解析生态“病因”需要进一步关注和探索。

#### 3.2 河流污染物的微生物溯源研究

为解决河流反复污染、治标不治本的问题,对水中污染物的溯源逐渐成为热点。目前,将粪便菌群的检测与微生物溯源技术相结合用于指示河流病原污染已取得较大进展。Seurinck 等<sup>[58-59]</sup>总结了基于微生物溯源 (microbial source tracking, MST) 的粪便污染物溯源技术进展,包括基于特定微生物标记的非建库法 (拟杆菌或大肠杆菌的生物标记法、病毒标记法等) 和基于指纹图谱库的库依赖型方法 (线粒体示踪技术、群落指纹分析等)。2006 年抗生素抗性基因 (antibiotics resistance genes, ARGs) 被定义为新兴污染物,并受到普遍关注,针对河流中抗性基因的微生物溯源技术研究也逐渐涌现,Baral 等<sup>[60-61]</sup>利用具有典型代表性的微生物溯源工具 source tracker 模型分析水体中抗性基因的可能来源,为基于微生物溯源技术的河流新兴污染物源头追踪研究提供了思路。近年来,Zhang 等<sup>[62]</sup>将沉积物中微生物

物作为泥沙来源指示物,基于改进的 source tracker 模型,在获得“汇”区土著微生物数据后,重新计算分配“源”区微生物数据,通过研究泥沙输移路径,揭示不同入湖河流对湖区污染物分布和微生物多样性的影响机制,建立了适用于复杂河湖系统的泥沙溯源体系。然而,目前的微生物溯源方法仍具有较多局限性,溯源结果无法验证等问题有待解决。

### 3.3 基于微生物-环境交互机制的生态修复研究

目前,微生物生态修复手段主要包括直接投放微生物菌种、加入微生物促生剂和微生物-物化耦合法等,针对不同类型的河流污染,通过对菌种的筛选、配比与培养,研制具有不同污染物去除效果的微生物菌剂。Sun 等<sup>[63]</sup>对硫氧化菌进行筛选和表征,测试菌种投放对黑臭水体中参与硫循环的功能菌群的影响和除硫效果;吴霞等<sup>[64]</sup>采用梅花式接种法将本源微生物菌剂直接投入河流中,实现河流中化学需氧量(COD)、氨氮(NH<sub>3</sub>-N)和总磷(TP)的有效去除。进一步研究表明,联合投加微生物菌剂和生物促生剂可有效地影响微生物群落的生长变化,对河道污染修复效果更彻底有效<sup>[65]</sup>。由于河流具有强流动性和复杂的水力条件,微生物菌剂和促生剂的投放常常受到水流干扰,修复效果大打折扣,对此,微生物固定化原位修复技术的研究日益涌现。

基于微生物群落对所处河流环境的响应机制,探索河流微生物群落生态重构技术具有更为瞩目的研究前景,如水体复氧技术、河岸近自然修复研究等。水体复氧技术研究多关注于设备改进以提升氧转移效率<sup>[66]</sup>,对于微生物群落组成变化影响的探索较为匮乏;河道近自然修复规划需要基于对不同河流形态下微生物群落的分布及功能情况的调查与讨论。自然条件下河流的平面形态包括辫状河、曲流河、直流河、网状河等类型,而在城市建设中,通常用混凝土或其他不透水材料将城市河道重建成直流和曲流两种平面形态。与直型河道相比,弯曲河道增加了水的停留时间,并恢复了河岸缓冲带,提高了河流的自净能力,有利于污染物的降解,但是,过度的弯道可能会限制河道的水力承载能力,增加城市涝灾的风险。因此,Zhang 等<sup>[67]</sup>结合生态学基本理论和水动力学模型,探究城市河流弯道处微生物群落分布与构建特征及其对氮转化过程的影响,结果表明,通过在城市建设过程中对河道弯曲程度及泥沙粒径的合理规划,可以改变河流微生物群落特征及除氮能力。此类研究从更为独特、宏观的角度探讨了河流微生物生态系统的重构技术,具有创新性与前瞻性。

## 4 河流微生物生态学研究发展趋势

### 4.1 研究方法革新化

微生物群落的研究方法包括基于物种多样性研究的传统微生物培养法、基于代谢功能多样性与活性分析的 biolog 微平板技术、基于遗传基因多样性研究的变性梯度凝胶电泳法等。近年来,随着二代测序技术和多组学的发展,实现了一次测序就可快速获得覆盖整个基因组、转录组甚至蛋白质组的数据量,且检测成本较低,使得通过测序对某个物种的基因组、转录组和蛋白质组做细致全面的分析变得更加便捷。为了应对因测序技术发展而出现爆炸式增长的基因数据,生物信息分析算法的计算能力、运行效率及多数据源整合能力均得到大大提升,生物信息学领域硕果累累。当前,基于二代测序技术和生物信息学的微生物群落监测水平及分析方法全面革新,结合传统微生物监测方法和分析手段所具有的优势,将为河流微生物生态学的蓬勃发展奠定坚实的基础。

### 4.2 研究尺度宏观化

国内外学者对不同尺度河流的微生物生态特征进行了大量研究,而研究对象尺度逐步扩大意味着对河流微生物生态学的把握将更为宏观和全面。如 Gao 等<sup>[14]</sup>针对小型城市富营养化河流开展了细菌群落纵向及垂向季节性分布格局研究,并探讨菌群分布特征的环境影响因素,对城市污染河流的治理具有重要意义;Liu 等<sup>[12]</sup>首次对长江开展微生物群落信息的普查,研究长江细菌群落时空分布格局,并探讨大坝建设对长江微生物生态的影响,为国内大尺度河流微生物生态学研究奠定了基础。大尺度流域的微生物生态学探究将对水利工程建设、跨区域调水、流域综合治理等重大政策的制定与实施有一定的指导意义。

### 4.3 研究维度全面化

在河流微生物领域,以往的研究热点是在获取群落结构与多样性分布特征信息的基础上,针对不同类型河流的不同区域开展大量野外观测探究,揭示河流微生物群落结构与多样性的时空变化格局以及影响群落多样性的环境驱动因素。未来的河流微生物研究中,应逐步增加研究维度,一方面从细胞结构、酶活性等更为微观的视角出发,探索微生物物质转化的机理,另一方面,扩大视野,把目前研究较少的古菌和真菌纳入微生物食物网构建和营养调度机制研究的范畴,将对河流微生物群落结构与多样性的探究转化为对河流微生物食物网与河流生态功能关系的解析,从而更全面、系统、深入地发展河流微

#### 4.4 理论成果技术化

河流微生物生态学研究面临着如何将研究成果应用于河流生态健康评价与修复实践的挑战。在技术应用领域,虽然利用微生物进行河流生态健康指示、评估和诊断的体系已经较为健全,但是该评估方法目前仍未被官方评价体系收录,在微生物检测技术的准确度和时效性上有待进一步提高。此外,在技术应用领域虽然开展了许多技术理论研究,但在实际应用中仍稍显薄弱。将理论成果技术化是河流微生物生态学研究领域的一大难题。只有将基础理论研究和技术应用相结合,才能使河流微生物生态学的发展进一步焕发生机。

#### 参考文献:

[ 1 ] 高鹏杰. 浅谈河流治理中的生态问题[J]. 北京水利, 2004(4):9-11. (GAO Pengjie. Elementary discussion on ecological problems in river regulation[J]. Beijing Water, 2004(4):9-11. (in Chinese))

[ 2 ] PROSSER J I. Ecosystem processes and interactions in a morass of diversity[J]. Fems Microbiology Ecology,2012, 81(3):507-519.

[ 3 ] 李黎,王瑜,林岩璇,等. 河流生态系统指示生物与生物监测:概念、方法及发展趋势[J]. 中国环境监测,2018, 34(6):26-36. (LI Li, WANG Yu, LIN Kuixuan, et al. Bioindicator and biomonitoring used for river ecosystem: concepts, approaches and trends [J]. Environmental Monitoring in China,2018,34(6):26-36. (in Chinese))

[ 4 ] 戴国水. 河流生态修复理论及其应用[J]. 区域治理, 2019(50):158-160. (DAI Guoshui. The theory and application of river ecological rehabilitation[J]. Regional Governance,2019(50):158-160. (in Chinese))

[ 5 ] MURRAY A M, MAILLARD J, JIN B, et al. A modeling approach integrating microbial activity, mass transfer, and geochemical processes to interpret biological assays: an example for PCE degradation in a multi-phase batch setup [J]. Water Research,2019,160:484-496.

[ 6 ] WARD J V. The serial discontinuity concept: extending the model to floodplain rivers [J]. River Research & Applications,2010,10(2/3/4):159-168.

[ 7 ] 彭瑞善. 对近期治黄科研工作的思考[J]. 人民黄河, 2010,32(9):6-9. (PEN Ruishan. Thoughts on the recent scientific research on the Yellow River[J]. Yellow River, 2010,32(9):6-9. (in Chinese))

[ 8 ] 何浩然,潘保柱,余珂,等. 黄土高原水体浮游微生物及沉积微生物研究进展[J]. 生命科学研究,2019,23(4):324-336. (HE Haoran, PAN Baozhu, YU Ke, et al. Research advance in planktonic microorganisms and sedimentary microorganisms in the Loess Plateau[J]. Life

Science Research,2019,23(4):324-336. (in Chinese))

[ 9 ] BATES S T, BERG-LYONS D, CAPORASO J G, et al. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil [J]. Isme Journal, 2011, 5(5): 908-917.

[ 10 ] 苗令占,王沛芳,侯俊,等. 金属纳米材料对不同微生物聚集体的毒性研究进展[J]. 水资源保护,2019,35(1):73-78. (MIAO Lingzhan, WANG Peifang, HOU Jun, et al. Research progress on toxicity of metallic nanomaterials to different microbial aggregates[J]. Water Resources Protection,2019,35(1):73-78. (in Chinese))

[ 11 ] 张水龙,冯平. 河流不连续体概念及其在河流生态系统研究中的发展现状[J]. 水科学进展,2005,16(5):758-762. (ZHANG Shuilong, FENG Ping. Serial discontinuity concept and its development status in river ecosystem research[J]. Advance in Water Science,2005,16(5): 758-762. (in Chinese))

[ 12 ] LIU T, ZHANG A N, WANG J, et al. Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River[J]. Microbiome,2018, 6(1):16.

[ 13 ] WANG P, WANG X, WANG C, et al. Shift in bacterioplankton diversity and structure: influence of anthropogenic disturbances along the Yarlung Tsangpo River on the Tibetan Plateau, China [J]. Scientific Reports,2017,7(1):12529.

[ 14 ] GAO Y, WANG C, ZHANG W, et al. Vertical and horizontal assemblage patterns of bacterial communities in a eutrophic river receiving domestic wastewater in southeast China[J]. Environmental Pollution,2017,230: 469-478.

[ 15 ] ZHANG W, LEI M, LI Y, et al. Determination of vertical and horizontal assemblage drivers of bacterial community in a heavily polluted urban river [J]. Water Research, 2019,161:98-107.

[ 16 ] ZHANG W, WANG H, LI Y, et al. Bend-induced sediment redistribution regulates deterministic processes and stimulates microbial nitrogen removal in coarse sediment regions of river[J]. Water Research,2020,170: 115315.

[ 17 ] READ D S, GWEON H S, BOWES M J, et al. Catchment-scale biogeography of riverine bacterioplankton [J]. Isme Journal,2015,9(2):516-526.

[ 18 ] 毛铁墙. 湛江湾氮循环关键微生物对主要环境因子的响应机制研究[D]. 湛江:广东海洋大学,2020.

[ 19 ] TRIPATHI B M, STEGEN J C, KIM M, et al. Soil pH mediates the balance between stochastic and deterministic assembly of bacteria [J]. Isme Journal, 2018, 12(4): 1072-1083.

[ 20 ] VELLEND M. Conceptual synthesis in community ecology [J]. Quarterly Review of Biology,2010,85(2):183-206.

- [21] ZHOU J, NING D. Stochastic community assembly: does it matter in microbial ecology? [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, 81(4): 2-17.
- [22] STEGEN J C, LIN X, KONOPKA A E, et al. Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities [J]. *Isme Journal*, 2012, 6(9): 1653-1664.
- [23] LI Y, GAO Y, ZHANG W, 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.
- [24] ZHANG S, QIN W, BAI Y, et al. Linkages between anammox and denitrifying bacterial communities and nitrogen loss rates in high-elevation rivers [J]. *Limnology and Oceanography*, 2021, 66(3): 765-778.
- [25] LI Y, WANG C, ZHANG W, et al. Modeling the effects of hydrodynamic regimes on microbial communities within fluvial biofilms: combining deterministic and stochastic processes [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(21): 12869-12878.
- [26] ZHANG S, QIN W, XIA X, et al. Ammonia oxidizers in river sediments of the Qinghai-Tibet Plateau and their adaptations to high-elevation conditions [J]. *Water Research*, 2020, 173: 115589.
- [27] ZHANG S, XIA X, LI S, et al. Ammonia oxidizers in high-elevation rivers of the Qinghai-Tibet Plateau display distinctive distribution patterns [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, 85(22): e01701-19.
- [28] LAFRANCOIS B M, NYDICK K R, CARUSO B. Influence of nitrogen on phytoplankton biomass and community composition in fifteen snowy range lakes (Wyoming, USA) [J]. *Arctic Antarctic and Alpine Research*, 2003, 35(4): 499-508.
- [29] ROBERTO A A, VAN GRAY J B, LEFF L G. Sediment bacteria in an urban stream: spatiotemporal patterns in community composition [J]. *Water Research*, 2018, 134: 353-369.
- [30] GE Y, HE J, ZHU Y, et al. Differences in soil bacterial diversity: driven by contemporary disturbances or historical contingencies? [J]. *Isme Journal*, 2008, 2(3): 254-264.
- [31] GAO Y, ZHANG W, LI Y, et al. Dams shift microbial community assembly and imprint nitrogen transformation along the Yangtze River [J]. *Water Research*, 2020, 189: 116579.
- [32] REED D C, ALGAR C K, HUBER J A, et al. Gene-centric approach to integrating environmental genomics and biogeochemical models [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111(5): 1879-1884.
- [33] LI M, QIAN W, GAO Y, et al. Functional enzyme-based approach for linking microbial community functions with biogeochemical process kinetics [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, 51(20): 11848-11857.
- [34] PREHEIM S P, OLESEN S W, SPENCER S J, et al. Surveys, simulation and single-cell assays relate function and phylogeny in a lake ecosystem [J]. *Nature Microbiology*, 2016, 1(9): 16130.
- [35] MOUGI A, KONDOH M. Diversity of interaction types and ecological community stability [J]. *Science*, 2012, 337(6092): 349-351.
- [36] ROCHA M I A, RECKNAGEL F, MINOTI R T, et al. Assessing the effect of abiotic variables and zooplankton on picocyanobacterial dominance in two tropical mesotrophic reservoirs by means of evolutionary computation [J]. *Water Research*, 2019, 149: 120-129.
- [37] DEINER K, FRONHOFFER E A, MACHLER E, et al. Environmental DNA reveals that rivers are conveyor belts of biodiversity information [J]. *Nature Communications*, 2016, 7: 12544.
- [38] COMTE J, CULLEY A I, LOVEJOY C, et al. Microbial connectivity and sorting in a High Arctic watershed [J]. *Isme Journal*, 2018, 12(12): 2988-3000.
- [39] ZHAO Z B, HE J Z, GEISEN S, et al. Protist communities are more sensitive to nitrogen fertilization than other microorganisms in diverse agricultural soils [J]. *Microbiome*, 2019, 7(1): 1-16.
- [40] YANG N, LI Y, ZHANG W, et al. Cascade dam impoundments restrain the trophic transfer efficiencies in benthic microbial food web [J]. *Water Research*, 2020, 170: 115351.
- [41] LI F, ALTERMATT F, YANG J, et al. Human activities' fingerprint on multitrophic biodiversity and ecosystem functions across a major river catchment in China [J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(12): 6867-6879.
- [42] 廖静秋, 黄艺. 应用生物完整性指数评价水生生态系统健康的研究进展 [J]. *应用生态学报*, 2013, 24(1): 295-302. (LIAO Jingqiu, HUANG Yi. Research progress on using index of biological integrity to assess aquatic ecosystem health [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(1): 295-302. (in Chinese))
- [43] LAU K E M, WASHINGTON V J, FAN V, et al. A novel bacterial community index to assess stream ecological health [J]. *Freshwater Biology*, 2015, 60(10): 1988-2002.
- [44] HOLCOMB D A, STEWART J R. Microbial indicators of fecal pollution: recent progress and challenges in assessing water quality [J]. *Current Environmental Health Reports*, 2020, 7(3): 311-324.
- [45] XIE Y, WANG J, WU Y, et al. Using in situ bacterial communities to monitor contaminants in river sediments [J]. *Environmental Pollution*, 2016, 212: 348-57.
- [46] BIER R L, VOSS K A, BERNHARDT E S. Bacterial

- community responses to a gradient of alkaline mountaintop mine drainage in Central Appalachian streams [J]. *Isme Journal*, 2015, 9(6) :1378-1390.
- [47] HU A, JU F, HOU L, et al. Strong impact of anthropogenic contamination on the co-occurrence patterns of a riverine microbial community [J]. *Environmental Microbiology*, 2017, 19(12) :4993-5009.
- [48] BERRY D, WIDDER S. Deciphering microbial interactions and detecting keystone species with co-occurrence networks [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5(219) : 1-14.
- [49] LI Y, WU H, SHEN Y, et al. Statistical determination of crucial taxa indicative of pollution gradients in sediments of Lake Taihu, China [J]. *Environmental Pollution*, 2019, 246:753-762.
- [50] 张炜华, 刘华斌, 罗火钱. 河流健康评价研究现状与展望 [J]. *水利规划与设计* 2021(4) : 57-62. (ZHANG Weihua, LIU Huabin, LUO Huoqian. Status quo and prospect of river health assessment [J]. *Water Resources Planning and Design*, 2021(4) :57-62. (in Chinese))
- [51] 黄艺, 舒中亚. 基于浮游细菌生物完整性指数的河流生态系统健康评价: 以滇池流域为例 [J]. *环境科学*, 2013, 34(8) : 3010-3018. (HUANG Yi, SHU Zhongya. Bacterioplankton index of biotic integrity (BP-IBI): an approach for assessing river ecosystem health in Dianchi Watershed [J]. *Environmental Science*, 2013, 34(8) : 3010-3018. (in Chinese))
- [52] 张旭. 淡水水体底泥微生物群落特征及微生物指标评价研究 [D]. 上海: 上海大学, 2016.
- [53] LI J, LI Y, QIAN B, et al. Development and validation of a bacteria-based index of biotic integrity for assessing the ecological status of urban rivers: a case study of Qinhuai River basin in Nanjing, China [J]. *Journal of Environmental Management*, 2017, 196:161-167.
- [54] NIU L H, LI Y, WANG P F, et al. Development of a microbial community-based index of biotic integrity (MC-IBI) for the assessment of ecological status of rivers in the Taihu Basin, China [J]. *Ecological Indicators*, 2018, 85: 204-213.
- [55] YANG N, LI Y, ZHANG W, et al. Reduction of bacterial integrity associated with dam construction: a quantitative assessment using an index of biotic integrity improved by stability analysis [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 230:75-83.
- [56] ZHANG W, ZHU M, LI Y, et al. How fluvial inputs directly and indirectly affect the ecological status of different lake regions: a bio-assessment framework [J]. *Journal of Hydrology*, 2020, 582:1-9.
- [57] ZHANG W, SUN C, LI Y, et al. Identifying key environmental factors for enhancing the pollutant removal potential at a river confluence [J]. *Environmental Research*, 2020, 180:1-9.
- [58] SEURINCK S, VERSTRAETE W, SICILIANO S D. Microbial source tracking for identification of fecal pollution [J]. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 2005, 4(1) :19-37.
- [59] 敖静, 阮晓红, 万宇. 水环境中粪便污染的微生物溯源技术及研究进展 [J]. *环境与健康杂志*, 2012, 29(7) : 658-662. (AO Jing, RUAN Xiaohong, WAN Yu. Development of microbial source tracking of fecal pollution in water [J]. *Journal of Environmental Health*, 2012, 29(7) :658-662. (in Chinese))
- [60] BARAL D, DVORAK B I, ADMIRAAL D, et al. Tracking the sources of antibiotic resistance genes in an urban stream during wet weather using shotgun metagenomic analyses [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(16) :9033-9044.
- [61] LI L G, YIN X, ZHANG T. Tracking antibiotic resistance gene pollution from different sources using machine-learning classification [J]. *Microbiome*, 2018, 6(1) : 93-105.
- [62] ZHANG W, GU J, LI Y, et al. New insights into sediment transport in interconnected river-lake systems through tracing microorganisms [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53(8) :4099-4108.
- [63] SUN Z, PANG B, XI J, et al. Screening and characterization of mixotrophic sulfide oxidizing bacteria for odorous surface water bioremediation [J]. *Bioresource Technology*, 2019, 290:121721.
- [64] 吴霞, 谢悦波. 直接投菌法在城市重污染河流治理中的应用研究 [J]. *环境工程学报*, 2014, 8(8) :3331-3336. (WU Xia, XIE Yuebo. Application of directly adding microbial agent to improve water quality of heavily polluted urban river [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2014, 8(8) :3331-3336. (in Chinese))
- [65] 孙井梅, 刘晓朵, 汤茵琪, 等. 微生物-生物促生剂协同修复河道底泥: 促生剂投量对修复效果的影响 [J]. *中国环境科学*, 2019, 39(1) :351-357. (SUN Jingmei, LIU Xiaoduo, TANG Yinqi, et al. Microorganism and biostimulant collaboratively remediate river sediment: influence of biostimulant quantity on repair performance [J]. *China Environmental Science*, 2019, 39(1) : 351-357. (in Chinese))
- [66] FORTH M, LILJEBLADH B, STIGEBRANDT A, et al. Effects of ecological engineered oxygenation on the bacterial community structure in an anoxic fjord in western Sweden [J]. *Isme Journal*, 2015, 9(3) :656-669.
- [67] ZHANG W, WANG H, LI Y, et al. Bend-induced sediment redistribution regulates deterministic processes and stimulates microbial nitrogen removal in coarse sediment regions of river [J]. *Water Research*, 2019, 170:1-10.