

水库底泥中微生物多样性及其 与环境因子相关性分析

朱婷婷¹ 田从魁^{2,†}

1. 国家环境保护饮用水水源地管理技术重点实验室, 深圳市饮用水水源地安全保障重点实验室, 深圳市水环境中新型污染物检测与控制重点实验室, 深圳市环境科学研究院, 深圳 518001; 2. 生物资源保护与利用湖北省重点实验室, 湖北民族学院, 恩施 445000; † 通信作者, E-mail: pkutianck@163.com

摘要 为评价广东某水库底泥中微生物多样性及其与环境因子的相关性, 为该区域微生物的生态功能研究提供理论基础, 选择水库库中、外部引水入口及主要支流入口共6个采样点, 进行不同季节的水质特征分析, 结合PCR扩增技术和T-RFLP技术, 对不同时期各点水体中微生物进行多样性分析, 并分析微生物群落结构多样性与水库环境条件的关系。从总体上看, 水库底泥中各采样点间隙水的理化性质具有较高的时空差异性, 库中不同形式氮的浓度和有机碳浓度低于外部供水入口及支流, 各指标浓度大体上呈现丰水期>枯水期>平水期的现象。枯水期水库底泥的微生物比平水期和丰水期丰富, 不同时期不同采样点的细菌多样性分布也呈现不同规律。平水期的优势菌属主要有Family1_uncultured, Bacteroidetes_uncultured, *Sphingobacteriales*_uncultured和*Anaerolineaceae*, 丰水期的优势菌属主要有*Peptostreptococcaceae_incertae_sedis*, *Anaerolineaceae*, SC-I-84, *Xanthomonadales*和*Clostridium*, 枯水期的优势菌属主要有*Rhodocyclaceae*, *Fusobacteriales*, BSV26_norank, *Comamonadaceae*和*Anaerolineaceae*。水库底泥中细菌具有丰富的多样性, 水体微生物群落结构在不同点位具有一定的差异性, 受环境因子的综合影响, 不同形式氮浓度的影响尤为明显。

关键词 水库; 底泥; 微生物多样性; 环境因子; 相关性分析

中图分类号 X172

Analysis on Microbial Diversity in the Sediments and Its Relationship with Environmental Factors in a Reservoir

ZHU Tingting¹, TIAN Congkui^{2,†}

1. State Environmental Protection Key Laboratory of Drinking Water Source Management and Technology, Shenzhen Key Laboratory of Drinking Water Source Safety Control, Shenzhen Key Laboratory of Emerging Contaminants Detection and Control in Water Environment, Shenzhen Academy of Environmental Sciences, Shenzhen 518001; 2. Key Laboratory of Biological Resources Protection and Utilization of Hubei Province, Hubei University for Nationalities, Enshi 445000; † Corresponding author, E-mail: pkutianck@163.com

Abstract In order to reveal the correlation between microbial diversity and the pollution degrees of the source water in a reservoir in Guangdong Province, for better understanding the ecological functions of this region, the environmental factors and microbial community were analyzed based on the characterization of the data from six sampling sites. The microbial diversity of different points was analysed, using PCR amplification technology and T-RFLP technology. Generally, the physical and chemical properties of each sampling point in the interstitial water in the reservoir showed obvious difference. Different forms of nitrogen concentrations and organic carbon concentrations in the reservoir were lower than those of the external diversion and the tributary. The concentrations of the environmental factors were in the orders of wet season>dry season>normal season. The result showed that bacterial community structures varied considerably between the upstream and the downstream. The source water

behaved the higher level of bacterial community diversity and richer degree in dry season than that in normal season and wet season. The dominant bacteria were Family1_uncultured, Bacteroidetes_uncultured, *Sphingobacteriales_uncultured*, *Anaerolineaceae* in normal season, *Peptostreptococcaceae_incertain_sedis*, *Anaerolineaceae*, SC-I-84, *Xanthomonadales*, and *Clostridium* in wet season, *Rhodocyclaceae*, *Fusobacteriales*, BSV26_norank, *Comamonadaceae*, *Anaerolineaceae* in dry season. Bacterial diversity was rich in the sediments in the reservoir. Correlation analysis showed that the microbial community structure was different at different sites, effected by environmental factors, among which the effects of different forms of nitrogen concentration were most obvious.

Key words reservoir; sediments; microbial diversity; environmental factors; correlation analysis

随着工业化和城市化进程的加快,我国很多自然水体受到严重污染,大量污染物沉积到底泥中,使得底泥成为微生物种类丰富、物质交换频繁的载体。水体和底泥中微生物是水域生态系统的重要组成部分,微生物群落状况与水质状况有密切的联系,其结构的变化对水质污染负荷积累有很好的响应。微生物在生源要素循环、污染物降解和净化等方面起着非常重要的作用^[1-4]。因此,沉积物中微生物的群落结构是衡量水体生态系统稳定性的重要指标之一。认识底泥中微生物群落分布特征,对于阐明微生物群落与其生境的关系,有针对性地开展污染系统的生物修复具有重要意义。环境条件的改变会引起微生物群落结构及其组成的变化^[5-7],不同季节水库底泥中的微生物群落结构亦存在季节性差异。目前,关于河流和湖泊沉积物中微生物多样性的研究已有一些报道,但多针对单一季节,关于水库底泥微生物群落结构季节性变化特征的研究比较少见^[8]。对不同环境条件下微生物群落结构的多样性进行研究,对于揭示微生物与环境之间的关系以及环境综合评价分析等方面都具有重要的作用^[9-10]。

本文分别考察平水期、枯水期和丰水期广东某水库的水质理化指标、底泥的微生物群落结构情况以及响应关系,旨在更深入地掌握水库底泥微生物的时空分布及群落结构的季节性变化特征,并通过测序,了解不同时期底泥中的主要微生物,以期为水库生态系统的保护和管理提供参考。

1 材料和方法

1.1 样品的采集

分别于 2014 年 4 月(平水期)、2014 年 8 月(丰水期)和 2015 年 1 月(枯水期),在广东省某水库采集底泥样品。根据水库及其主要入库支流的环境与基本特征,本研究布设 6 个采样点,包括外部引水入口 S7、水库库中 3 个点(S8, S9, S10)、外部引水入口 S11 和主要支流入库口 S12。用抓斗式采样器

采集底泥样品,样品采集、保存与运输符合标准 HJ/T 166—2004。

1.2 理化指标的测定

测定泥样间隙水中 TOC, $\text{NH}_4^+\text{-N}$, $\text{NO}_2^-\text{-N}$, $\text{NO}_3^-\text{-N}$, TN, pH 和 ORP。 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 测定采用钠氏试剂分光光度法(GB 7479—87), $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 测定采用 N-(1-萘基)-乙二胺分光光度法(GB 13580.7—92), $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 测定采用酚二磺酸分光光度法(GB/T 7480—1987), TN 测定采用过硫酸钾氧化-紫外分光光度法(GB/T 11894—1989), TOC 测定采用燃烧氧化-非分散红外吸收法(GB 13193—91), pH 和 ORP 测定采用瑞士 Mettler 公司 S210 Seven Compact pH 计。

1.3 样品基因组总 DNA 提取和 PCR 扩增

滤纸上的微生物利用液氮冷却,研磨成粉后用 Mpbio 公司的 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 提取基因组 DNA。底泥中微生物基因组 DNA 直接用 Mpbio 公司的 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 提取。

采用 23 μL PCR 反应体系,使用 PCR 仪(ABI, GeneAmp[®] 9700 型),对细菌 16S V4-V5 区间基因进行扩增,细菌 16S V4-V5 区间基因 PCR 扩增的反应体系和 PCR 程序如下所示。

扩增引物: 515F: GTGCCAGCMGCCGCGG, 907R: CCGTCAATTCMTTTRAGTTT。

反应体系: 5×FastPfu Buffer 4 μL , 2.5 mM dNTPs 2 μL , Forward Primer (5 μM) 0.6 μL , Reverse Primer (5 μM) 0.6 μL , FastPfu Polymerase 0.4 μL , Template DNA 10 ng, 补 ddH₂O 至 20 μL 。

PCR 程序: 1) 1 cycle × (95°C 3分钟); 2) 25 cycles × (95°C 30秒, 55°C 30秒, 72°C 45秒); 3) 1 cycle × (72°C 10分钟); 4) 10°C 直至结束。

1.4 T-RFLP 分析

利用正向引物 27F (序列: 5'-AGAGTTTGATCC TGGCTCAG-3', 5'-AFM 标记)与反向引物 1492R (序列: 5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3')进行 16S

rDNA 扩增。扩增反应采用 25 μ L 体系, 模板量为 2 μ L, 阴性对照用 ddH₂O 代替模板 DNA。PCR 扩增条件为: 94 $^{\circ}$ C 5 分钟, 1 cycle; 94 $^{\circ}$ C 30 秒, 54 $^{\circ}$ C 30 秒, 72 $^{\circ}$ C 1 分钟 30 秒, 35 cycles; 延伸 72 $^{\circ}$ C 10 分钟, 1 cycle。PCR 产物纯化后, 取适量用 Alu I 进行酶切, 反应采用 10 μ L 体系, 37 $^{\circ}$ C 3 小时酶切, 完成后 65 $^{\circ}$ C 20 分钟, 终止反应。取 1 μ L 酶切产物+12 μ L 甲酰胺+0.2 μ L 内标混匀后, 在 ABI310 遗传分析仪上进行电泳, 电泳时间为 25 分钟。酶切产物通过毛细管电泳 ELITE300 进行荧光扫描。结果分析: 每一个荧光峰至少代表一个细菌或几个近缘的细菌, 可粗略地认为峰面积与细菌在某一部位的微生物群落中的数量有关。

1.5 微生物群落结构以及多样性分析

将滤纸上的微生物利用液氮冷却, 研磨成粉后用 Mpbio 公司的 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 提取基因组 DNA。底泥中微生物基因组 DNA 直接用 Mpbio 公司的 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 提取。聚合酶链式扩增引物采用细菌通用引物 515F: GTGCCAGC MGCCGCGG, 907R: CCGTCAATTCMTTTRAGTTT。每个样品的扩增均做 3 次重复, PCR 反应体系为 20 μ L, 其中包括 4 μ L 的 5 \times FastPfu Buffer, 2 μ L 的 2.5 mM dNTPs, 引物 (5 μ M) 各 0.8 μ L, 0.4 μ L 的 FastPfu Polymerase 以及 10 ng 模板 DNA。Illumina MiSeq 测序从 2% 琼脂糖凝胶中回收扩增子, 依照 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 的说明书进行纯化 (Axygen Biosciences, Union City, CA, US), 再用 QuantiFluor[™]-ST (Promega, US) 进行定量分析。将纯化后的扩增子等量混合, 然后根据 Illumina MiSeq 测序平台的标准流程进行双端 (2 \times 250 bp 或 2 \times 300 bp) 测序。原始数据提交到 NCBI Sequence Read Archive (SRA) 数据库。

1.6 冗余分析

结合高通量测序所得微生物群落结构组成结果与所测定的环境因子数据, 应用 Canoco 软件完成冗余分析 (redundancy analysis, RDA)。根据去趋势波动分析 (detrended correspondence analysis, DCA) 结果, 选用 RDA 进行群落结构与环境因子的影响分析。在 RDA 二维图中, 用带箭头的线段表示环境因子, 从样方点到数量型环境因子的箭头投影长度可表示样方内环境因子的影响值, 进而反映该环境因子对样方点群落组成的影响。

2 结果与讨论

2.1 底泥样品的理化性质分析

底泥样品间隙水的理化性质分析结果如表 1 所示。库中不同点位的底泥 (S8, S9, S10) 中, 各环境因子的检测结果在平水期、丰水期和枯水期具有一定的差异性, 库内底泥中不同形式氮的浓度和有机碳浓度均低于外部引水入口和入库支流 (S7, S11, S12), 且外部引水入口和支流入口处的底泥环境同样存在一定的时空差异性。各指标浓度大体上呈现丰水期>枯水期>平水期的现象。在外部引水入口 S11 的底泥中, 不同形式氮的浓度和有机碳浓度明显高于库区以及外部引水入口 S7 和支流入口 S12。

2.2 水库沉积物中微生物多样性分析

底泥微生物多样性的测序分析结果如表 2 所示。除平水期、丰水期和枯水期检测的序列条数在 25000~30000 之间, 覆盖率达 97% 以上, 按 97% 的相似度进一步归类后, 得到一定数量的 Operational Taxonomic Unit (OTU)。不同季节沉积物中微生物多样性的 Shannon 指数差异如图 1 所示。底泥样品的 Shannon 指数大部分处于 6~7 之间, 枯水期多样性同样高于平水期和丰水期。这主要由于枯水期水流量小, 流速较慢, 底泥环境比较稳定, 利于其中的微生物生存繁殖; 在丰水期和平水期, 底泥受到水流的冲刷, 环境存在波动, 不利于其中的微生物生存繁殖。

图 2~4 显示水库沉积物菌群多样性的 T-RFLP 分析结果, 可以看出, 底泥样品中平水期的细菌多样性低于丰水期和枯水期, 不同时期细菌多样性的差异性可能由于丰水期和枯水期降水或者地下水的补给造成底泥环境的波动, 使得底泥中细菌群落结构发生变化。

2.3 沉积物微生物群落结构组成

沉积物微生物群落结构组成如图 5 所示。平水期的优势菌属主要有 Family1_uncultured, Bacteroidetes, *Sphingobacteriales_uncultured* 和 *Anaerolineaceae*, 丰水期的优势菌属主要有 *Peptostreptococcaceae_incertain_sedis*, *Anaerolineaceae*, SC-I-84, *Xanthomonadales* 和 *Clostridium*, 枯水期的优势菌属主要有 *Rhodocyclaceae*, *Fusobacteriales*, BSV26_norank, *Comamonadaceae* 和 *Anaerolineaceae*。丰水期, 库中采样点 S10 的主要菌属与 S8, S9 不同, 主要是 VadinHA17_norank 和 *Anaerolineaceae*, 而采样点 S8, S9 的主要菌属是 *Peptostreptococcaceae_incertain_sedis*。

表 1 底泥间隙水的理化性质分析结果
Table 1 Physico-chemical characterization of interstitial water in the sediment samples

水文季节	编号	浓度/(mg · L ⁻¹)					pH	ORP/mV
		NH ₄ ⁺ -N	NO ₂ ⁻ -N	NO ₃ ⁻ -N	TOC	TN		
平水期	S7	20.22	0.05	1.998	21.66	25.59	8.31	-77
	S8	13.91	0.022	1.328	30.34	19.74	8.21	-69
	S9	7.41	0.018	0.528	16.35	7.81	7.81	-48
	S10	10.09	0.022	0.382	11.98	7.83	7.83	-49
	S11	18.33	0.055	1.547	38.86	8.51	8.51	-88
	S12	27.55	0.038	4.257	92.67	8.44	8.44	-84
丰水期	S7	10.25	0.023	0.026	210.2	13.17	7.55	-36
	S8	13.98	0.016	0.622	129.2	16.38	7.77	-50
	S9	19.53	0.039	0.173	138.4	22.47	7.79	-50
	S10	11.18	0.022	0.019	123.2	13.25	7.34	-24
	S11	101.3	0.019	5.476	291.5	110.8	8.16	-73
	S12	18.37	0.075	0.333	323.7	21.46	7.99	-62
枯水期	S7	5.68	0.137	0.293	104.1	7.60	7.95	-62
	S8	2.41	0.080	0.461	87.2	4.33	7.78	-52
	S9	11.94	0.119	0.687	100.2	15.46	7.49	-35
	S10	6.34	0.099	0.325	91.6	8.79	7.63	-43
	S11	47.11	0.444	1.967	280.7	57.10	7.41	-30
	S12	15.49	0.133	0.555	186.7	20.00	7.79	-52

表 2 底泥微生物多样性的测序分析
Table 2 Sequencing and analysis of microbial diversity in the sediment samples

水文季节	编号	序列数	OTU	覆盖率/%	Shannon 指数	Simpson 指数
平水期	S7	9916	1116	97.00	5.87	0.0110
	S8	5095	867	97.00	5.80	0.0086
	S9	6001	983	97.00	6.09	0.0041
	S10	12160	1120	97.00	6.03	0.0049
	S11	14861	1272	97.00	6.15	0.0049
	S12	13837	791	97.00	5.61	0.0073
丰水期	S7	27884	2073	97.65	5.98	0.0098
	S8	32399	2322	98.01	6.23	0.0064
	S9	33455	2214	98.29	6.03	0.0110
	S10	30679	998	99.06	4.93	0.0190
	S11	34996	2290	98.58	6.06	0.0110
	S12	18078	1191	97.86	5.67	0.0093
枯水期	S7	25249	2489	97.18	6.71	0.0029
	S8	26584	2629	97.08	6.64	0.0037
	S9	26621	2429	97.31	6.53	0.0041
	S10	25808	2655	97.33	6.66	0.0048
	S11	34397	1970	98.34	5.61	0.0210
	S12	28293	1817	98.35	6.16	0.0060

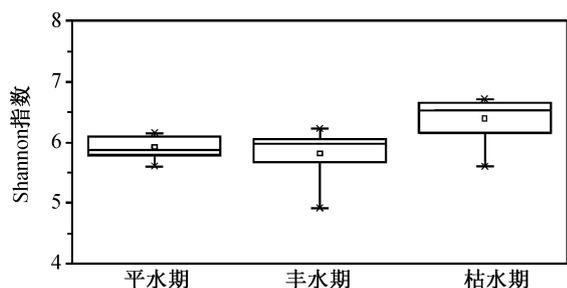


图 1 不同季节沉积物中微生物多样性的 Shannon 指数

Fig. 1 Shannon-Wiener index of microbial diversity in the sediment samples in different seasons

sedis。说明即便在库内不同采样点,底泥的菌属组成也存在差异。外部引水和支流入口中,采样点 S11 的主要菌属是 *Peptostreptococcaceae_incertae_sedis*, 采样点 S7 的主要菌属是 SC-I-84_norank 和 *Anaerolineaceae*, 采样点 S12 的主要菌属是 *Xanthomonadales* 和 *Caldidate*, 底泥的微生物组成与丰水期的水流补给结果并不一致。枯水期,库中采样点 S9 的主要菌属与 S8, S10 不同,主要是 BSV26_norank, 比例达到 10%, 而采样点 S8, S10 的主要菌属除 BSV26_norank 外,还包括 *Rhodocyclaceae* 和 *Fusobacteriales*。外部引水入口 S11 的主要菌属与

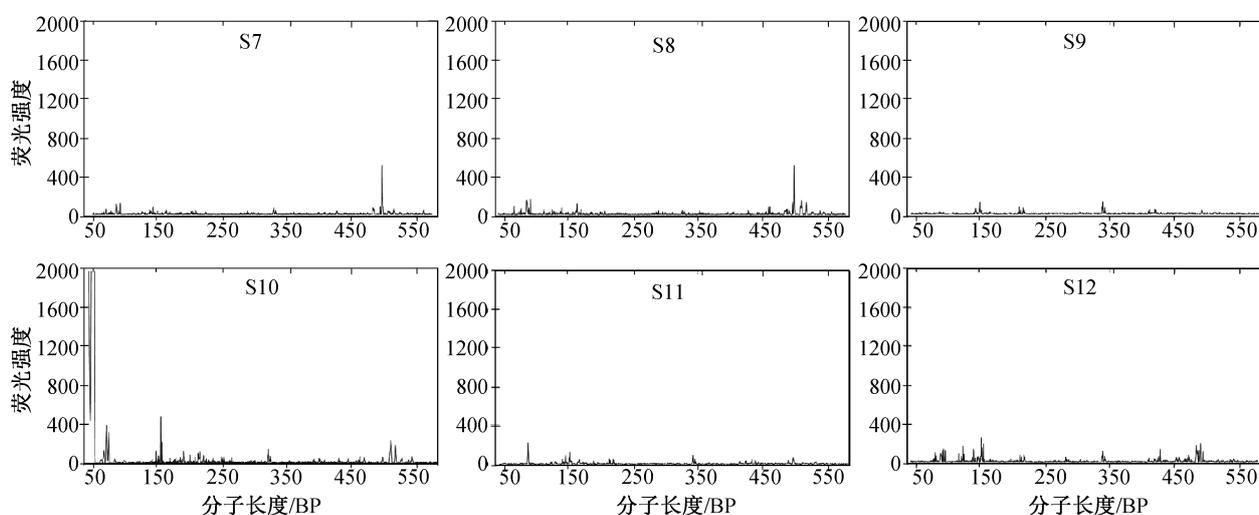


图 2 平水期沉积物菌群多样性的 T-RFLP 分析结果

Fig. 2 T-RFLP analysis results of bacterial diversity in the sediment samples in normal season

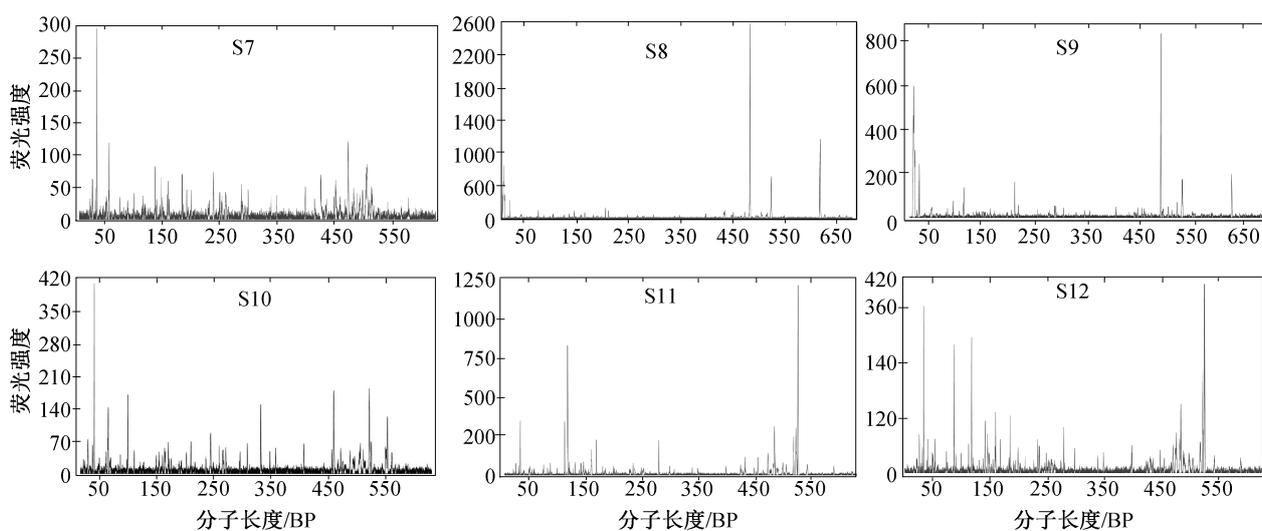


图 3 丰水期沉积物菌群多样性的 T-RFLP 分析结果

Fig. 3 T-RFLP analysis results of bacterial diversity in the sediment samples in normal season in wet season

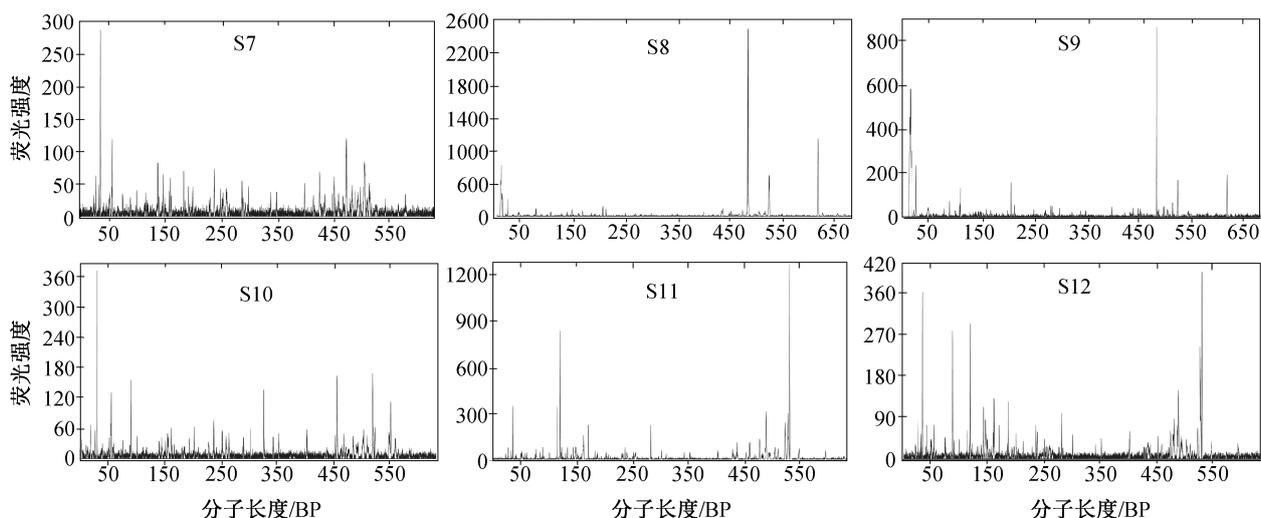


图 4 枯水期沉积物菌群多样性的 T-RFLP 分析结果
Fig. 4 T-RFLP analysis results of bacterial diversity in the sediment samples in dry season

外部引水入口 S7 和支流入口 S12 不同, 主要是 *Rhodocyclaceae*, 外部引水入口 S7 的主要菌属是 *Rhodocyclaceae* 和 BSV26_norank, 支流入口 S12 的主要菌属是 *Comamonadaceae*。在不同时期底泥中微生物的菌属组成存在较大差异, 主要原因是底泥的环境随着丰水期水量的增大波动较剧烈, 对微生物组成影响较大。

2.4 沉积物的微生物群落结构基本特征及其对环境因子响应分析

沉积物微生物群落结构与水质因子响应 RDA 分析结果如图 6 所示。平水期, 外部引水入口 S7 受亚硝氮影响, 外部引水入口 S11 的微生物群落结构主要受亚硝氮和总氮的影响, 氨氮、硝氮和总有机碳浓度的影响也很大, 支流入口 S12 主要受有机碳和硝氮浓度影响, 氨氮、总氮和亚硝氮浓度的影响也比较明显, 外部引水入口 S7 主要受亚硝氮浓度的影响, 库中 3 个采样点的微生物群落结构与各环境因子没有呈现正相关的关系。丰水期, 外部引水入口 S7 和支流入口 S12 的微生物群落结构主要受亚硝氮和有机碳浓度的影响, 库中 S8 的微生物群落结构除了受亚硝氮、有机碳浓度的影响, 还与总氮、氨氮和硝氮都呈正相关的关系, 库中 S9 和外部引水入口 S11 的微生物群落结构主要受总氮、氨氮和硝氮的影响。枯水期, 外部引水入口 S7 的微生物群落结构主要受各种形式氮浓度的影响, 其中影响最大的是亚硝氮, 库中 S8, S9 和 S10 这 3 个点的微生物群落结构与各环境因子之间没有呈现正相

关的关系, 外部引水入口 S11 的微生物群落结构与各种环境因子之间都有正相关性, 其中影响最大的是氨氮、总氮和硝氮。以上结果表明在水库的底泥中, 不同时期、不同采样地点, 环境因子对微生物群落组成的影响不同, 环境因子对微生物群落组成存在综合影响, 其中不同形式氮的浓度是主要影响因素。

3 讨论

各指标浓度大体上呈现丰水期>枯水期>平水期的现象。库中底泥环境具有较高的时空差异性, 且底泥中的有机物浓度普遍偏高, 尤其是在外部引水入口处, 需要对污染源做进一步的调查和防控。底泥中的微生物多样性十分丰富, 种群结构复杂, 且底泥在枯水期的细菌丰度和多样性高于平水期和丰水期, 枯水期水库的水文水利条件可能更有利于微生物的繁殖。大量研究表明, 生境中环境因子以及其他营养元素等显著影响微生物的种类组成, 某种营养元素含量增加, 相对应的功能性微生物数量也会随之改变^[11]。我们也得到了类似的研究结果。相关性分析结果表明, 同一时期不同采样点的沉积物中微生物组成存在一定的差异性, 在不同时期的微生物组成也不同, 但同一时期不同点位的微生物组成相差不大。平水期的优势菌属主要有 Family1_uncultured, Bacteroidetes_uncultured, *Sphingobacteriales_uncultured* 和 *Anaerolineaceae*, 丰水期的优势菌属主要有 *Peptostreptococcaceae_incertain_sedis*, *Ana-*

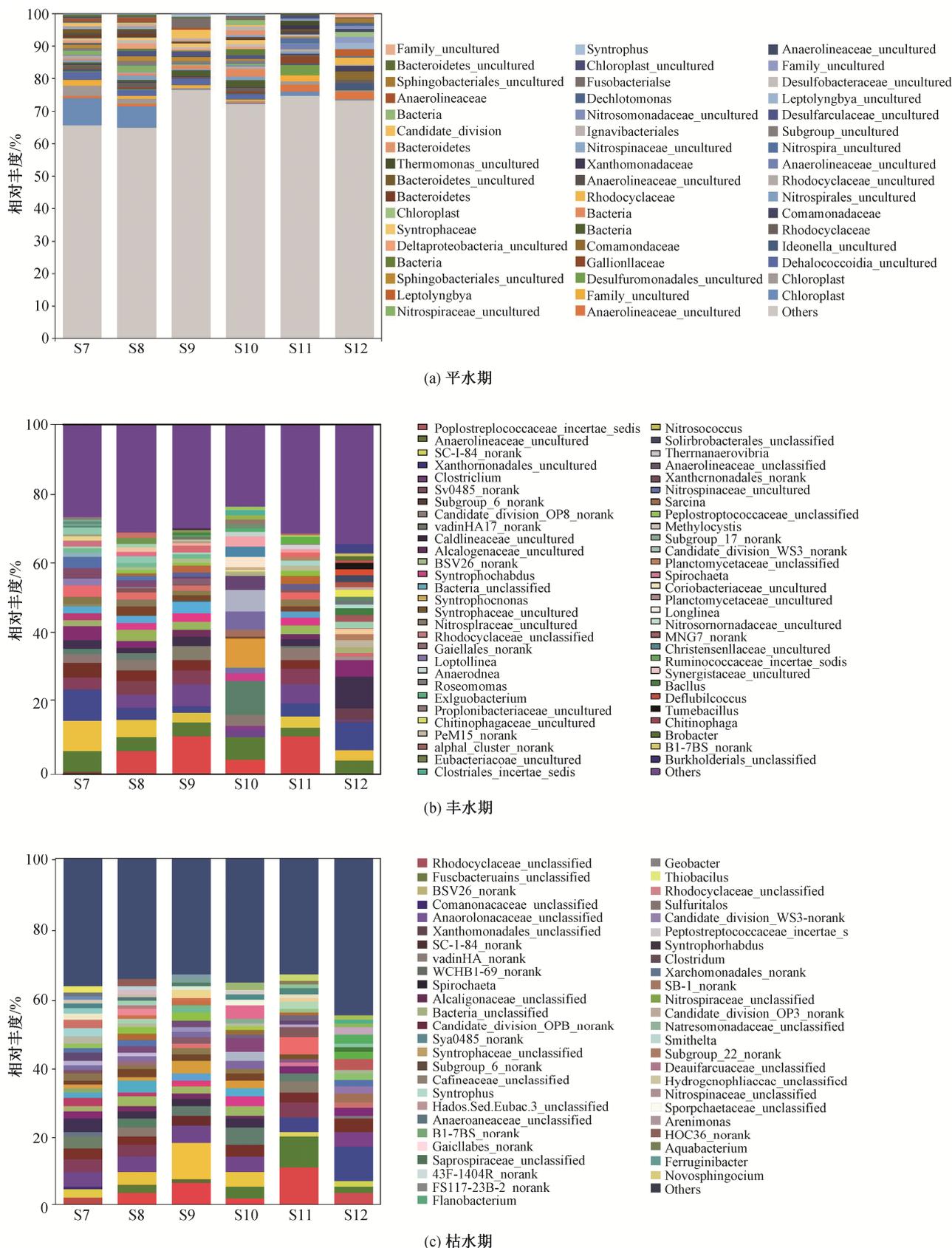


图 5 沉积物中微生物群落结构组成
 Fig. 5 Composition of microbial community structure in the sediment samples

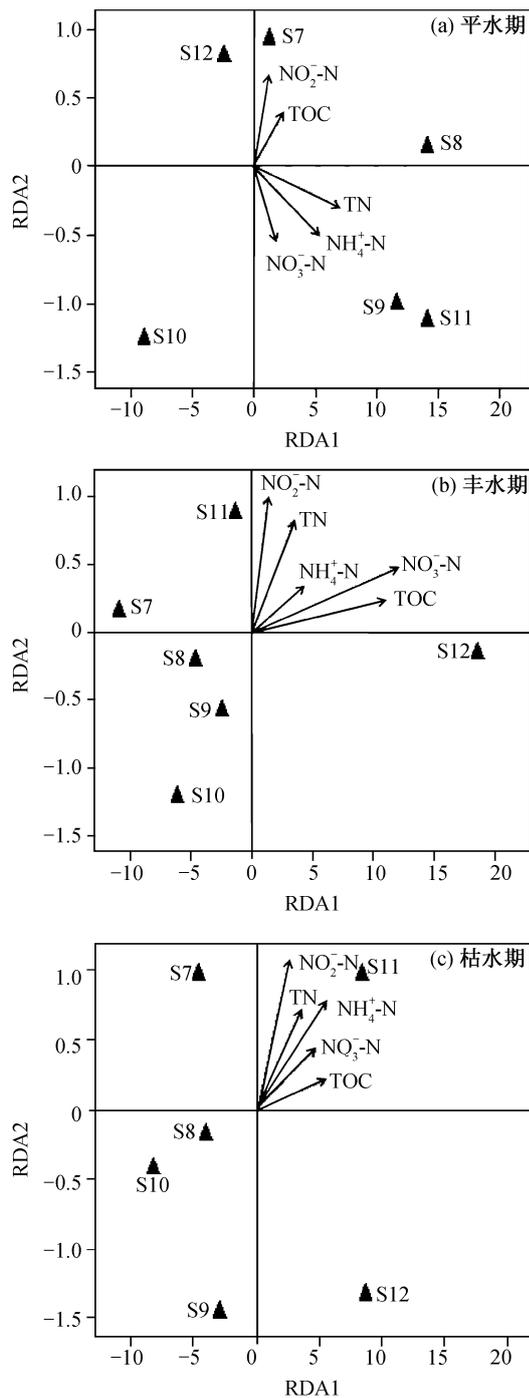


图 6 沉积物的微生物群落结构与环境因子响应分析结果
Fig. 6 Response analysis of microbial community structure and environmental factors in the sediment samples

erolineaceae, SC-I-84, *Xanthomonadales* 和 *Clostridium*, 枯水期的优势菌属主要有 *Rhodocyclaceae*, *Fusobacteriales*, BSV26_norank, *Comamonadaceae* 和 *Anaerolineaceae*。不同时期的优势菌属呈现一定的相似性, 同时存在一定的差异性。环境因子响应分析结果表明, 在不同时期、不同采样点, 影响微生物群落结构组成的主要环境因子不同, 但是都受到氮浓度的影响, 这是由于自然界中的固氮作用、氨化作用、硝化作用和反硝化作用都离不开微生物的参与。

参考文献

- [1] 柴晓娟, 骆大伟, 吴春笃, 等. 水体中微生物分布及与环境要素的相关性研究. 人民长江, 2008, 39(3): 45-48
- [2] 任丽娟, 何聃, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展. 生物多样性, 2013, 21(4): 421-432
- [3] Newton R J, Jones S E, Eiler A, et al. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2011, 75(1): 14-49
- [4] Zwart G, Crump B C, Agteveld M P K V, et al. Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences from plankton of lakes and rivers. *Aquatic Microbial Ecology*, 2002, 28(2): 141-155
- [5] 全向春, 王育来, 何孟常, 等. FISH 方法解析大辽河入海口沉积物中微生物的垂直分布特征. 环境科学学报, 2009, 29(7): 1502-1509
- [6] Chen J, Xie P. Tissue distributions and seasonal dynamics of the hepatotoxic microcystins-LR and -RR in two freshwater shrimps, *Palaemon modestus* and *Macrobrachium nipponensis*, from a large shallow, eutrophic lake of the subtropical China. *Toxicol*, 2005, 45(5): 615-625
- [7] 周霜艳, 陈小娜, 崔磊, 等. 秦皇岛新开河河口邻近海域细菌多样性及其影响因子. 微生物学通报, 2016, 43(12): 2578-2593
- [8] 宋巍, 安德荣, 刘雪, 等. DGGE 分析东江流域农村饮用水源中微生物多样性及其与环境因子相关性. 微生物学通报, 2009, 32(9): 1311-1317
- [9] Wang Z H, Yang J Q, Zhou J, et al. Composition and structure of bacterial communities in waste water of aquatic products processing factories. *Research Journal of Biotechnology*, 2014, 9(2): 65-70
- [10] 王佳, 彭剑峰, 宋永会, 等. 浑河底泥微生物群落季节性变化特征. 环境科学研究, 2016, 29(2): 202-210
- [11] 圣平, 于一尊, 王东升, 等. 通过 PCR-DGGE 技术分析鄱阳湖不同河口底泥中微生物多样性. 江西科学, 2015, 33(3): 312-317