

滇池土著沉水植物根际可培养解磷菌 与环境因子相关性研究

董明华¹, 徐 杉^{2*}

¹昆明学院农学与生命科学学院, 云南 昆明

²昆明学院昆明滇池湖泊防治合作研究中心, 云南 昆明

Email: *dongminghua08@126.com

收稿日期: 2021年5月24日; 录用日期: 2021年6月13日; 发布日期: 2021年6月28日

摘 要

为探究云南滇池4种土著沉水植物根际沉积物中可培养解磷菌群落结构和环境因子的相互关系。采用功能筛选培养的方法对15个沉水植物的根际和非根际沉积物样品中进行解磷菌分离培养, 应用16S rDNA序列对分离得到的解磷菌进行系统发育分析, 运用软件Biodap和冗余分析(redundancy analysis, RDA)分析解磷菌群落的丰富度及其与环境因子间的相关性。结果显示, 从滇池沉水植物根际和非根际沉积物中共分离到可培养解磷菌86株, 从属于8个属27个种; 其中假单胞菌属(*Pseudomonas*)为优势菌群, 占分离的22%, 分布于该属的11个种; 杆菌属(*Bacillus*)占分离总数的18%, 共分离到3个种。滇池不同沉水植物根际沉积物中解磷菌的优势类群存在一定差异。冗余分析(RDA)的结果表明: 沉水植物根际的沉积物中氧化还原电位(Eh)和沉积物间隙水的溶解性活性磷(SRP)对解磷菌群落结构有显著影响。

关键词

滇池, 沉水植物, 解磷菌, 多样性, 相关性分析

Study on the Diversity of Culturable Phosphorus Solubilizing Bacteria and Relationship between the Environmental Factors in Rhizosphere of Submerged Plants in Dianchi Lake

Minghua Dong¹, Shan Xu^{2*}

*通讯作者。

¹School of Agriculture and Biotechnology, Kunming University, Kunming Yunnan

²Kunming Key of Hydro-Ecology Resstoration of Dianchi Lake, Kunming University, Kunming Yunnan

Email: *dongminghua08@126.com

Received: May 24th, 2021; accepted: Jun. 13th, 2021; published: Jun. 28th, 2021

Abstract

In order to explore the community structure and environmental factor characteristics of culturable phosphate-solubilizing bacteria (PSB) in the rhizosphere sediments of four native submerged plants in Dianchi Lake, Yunnan province. [Method] By using the method of functional screening medium and basing on the 16S rDNA sequence phylogenetic analysis of PSB, the PSB strains were isolated and identified from the rhizosphere and non-rhizosphere sediments and using the software BIODAP and Canoco analysis the diversity of PSB and the relationship between the environmental factors. The results showed that 86 strains of PSB were cultured and isolated, belonging to 27 species and 8 genera. Among them, the Pseudomonas was the dominant bacterium, accounting for 22% and distributed in 11 species of this genus. The Bacillus accounted for 18% of the total isolated species, and 3 species were isolated. The community structure of PSB was significantly different in the rhizosphere and non-rhizosphere sediments of the submerged plants in Dianchi Lake. RDA analysis found that the REDOX potential (Eh) and the soluble active phosphorus (SRP) were the main environmental factors for the distribution of PSB.

Keywords

Dianchi Lake, Submerged Plants, Phosphate-Solubilizing Bacteria, Diversity, Redundancy Analysis

Copyright © 2021 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

富营养化湖泊的生态修复是环境修复的研究热点。水体富营养化和水生植被退化后, 导致水体生态功能的严重退化[1]。沉水植物是水生态系统的重要初级生产者和调节者, 是富营养化湖泊稳态转换的关键生物类群之一[2] [3]。沉水植物可以显著改善水环境, 吸收水中的氮磷和有机物等营养元素和抑藻作用, 能够通过生理代谢活动, 如光合作用、呼吸作用等影响沉积物的理化环境, 改变溶氧含量、底泥的 pH 值和氧化还原电位等[4]。在浅水湖泊中沉水植物的恢复有利于提高湖泊生态系统的生物多样性和稳定性[5]。

磷是水体富营养化的主要限制性因子之一, 是影响沉水植物生长发育的重要元素[6]。水不溶性无机磷和有机磷不能被水生植物直接利用, 沉水植物能够吸收的有效磷主要来源于沉积物中的微生物磷, 而调控沉积物有效磷释放的关键微生物之一是解磷菌[7]。解磷菌可将沉积物中的难溶性磷转化为可供水生植物利用的活性磷[8] [9]。沉水植物可以增加根际沉积物的有机质和氧的含量, 提高微生物的代谢活性; 而沉积物中微生物活性又可以促进植物对沉积物中磷的吸收, 有利于沉积物中磷的削减, 形成沉水植物——解磷菌之间的互惠关系[10] [11] [12]。解磷菌通过参与沉积物磷的存在形式、含量和转化, 对生态系统的生物群落结构与功能起着十分重要的作用, 能够促进水生态形成健康稳定的系统[13] [14]。目前, 很少有研究揭示富营养化沉积物沉水植物与解磷微生物功能类群间的相互作用, 探究该环境中解磷菌的群

落结构和分布特征对富营养化湖泊的生态环境修复具有重要的应用和理论研究价值。

本课拟以滇池沉水植物的根际解磷菌为研究对象, 针对滇池土著沉水植物根际和非根际可培养解磷菌的群落结构和分布特征进行研究, 以期为进一步研究滇池沉水植物与磷循环有关微生物的种类、生理功能和生态作用提供基础。

2. 材料和方法

2.1. 微生物培养基

采用固体培养基培养分离沉积物中的解磷菌[15]。解磷菌分离培养基: 葡萄糖 10 g, $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 0.5 g, KCl 0.3 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.3 g, $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ 10 g, $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.03 g, $\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 0.03 g, 水 1000 mL, 琼脂 20 g, pH 值 7.0~7.5。

采用 LB 培养基对分离得到的解磷菌进行纯化和保藏。LB 培养基: 胰蛋白胨 10 g, 酵母粉 5 g, NaCl 10 g, 琼脂 20 g, 水 1000 mL, 用 5 mol/L NaOH 调 pH 至 7.0。

2.2. 方法

2.2.1. 研究区域

2017 年 6 月, 结合前期关于滇池土著沉水植物分布的研究结果, 定点采集滇池有沉水植物分布区 ($24^\circ 52' 10''\text{N}$, $102^\circ 39' 41''\text{E}$) 和无沉水植物对照区 ($24^\circ 52' 20''\text{N}$, $102^\circ 39' 24''\text{E}$) 的沉积物。滇池西岸是沉水植物分布丰富的湖滨区, 采样点位于滇池西岸的西华湾, 水生植物生长区域水深约 2.1 m, pH 为 7.65, 透明度为 38 cm, 主要分布有篦齿眼子菜、马来眼子菜、穗花虎尾草和轮叶黑藻为优势类群, 沉水植物盖度在 20%~30%, 该区域的平均生物量可达到 $1.63 \text{ kg} \cdot \text{m}^{-2}$ 。基于前期滇池土著沉水植物分布特征调查, 分别选取滇池土著沉水植物的 4 种优势类群作为研究对象, 轮叶黑藻 (*Hydrilla verticillata*)、篦齿眼子菜 (*Potamogeton pectinatus*)、马来眼子菜 (*Potamogeton malaianus*) 和穗状狐尾藻 (*Myriophyllum spicatum*), 用植物采样器将 4 种沉水植物连根拔起来, 沉水植物根际表层 2 mm 的沉积物轻轻刮下, 装入无菌的采样袋, 每种植物采集 3 个植株的样品, 总共采集 12 个样品。无植物对照区水深约 3 m, pH 为 7.5, 无植物区沉积物样品采用皮特森采泥器采集, 采集 3 个平行样品, 装入无菌的采样袋中。所有沉积物样品带回试验室后用于解磷菌的分离、筛选和鉴定, 同时进行理化性质测定。

2.2.2. 样品理化性质测定

采集好的样品带回实验室, 沉积物用离心机 5000 rpm 离心 10 min 获得沉积物间隙水。间隙水用微电极测定沉水植物根际和非根际沉积物中的溶解氧(DO)和氧化还原电极(Eh)。间隙水中溶解性总磷(DTP)和溶解性活性磷(SRP)按照《水和废水的监测方法(第四版)》实施测定[16]。沉积物中总磷(TP)采用钼酸铵分光光度法进行测定[16], 总氮(TN)的测定方法见文献[17], 有机碳(TOC)的测定方法见文献[18]。

2.2.3. 解磷细菌的分离纯化

将采集的不同沉水植物的根际和非根际沉积物各 10 g 装于 100 mL 无菌水的锥形瓶中混匀, 进行梯度稀释, 得到的 1×10^{-4} 、 1×10^{-5} 和 1×10^{-6} 倍的稀释液, 涂布到解磷分离培养基平板上, 放置 2 h 后将培养皿反转, 于 28°C 培养 24 h。由于解磷细菌会溶解培养基中难溶性无机磷, 具有透明圈的菌落视为具有解磷活性的菌落, 将出现溶磷圈的菌株标记, 根据菌落形态等特点挑选细菌单菌落, 将单菌落接到 LB 平板上培养, 继续培养纯化 2~3 次, 获得纯培养菌株, 接种至 LB 斜面于 4°C 保存。

2.2.4. 解磷菌的分子生物学鉴定

DNA 提取和 PCR 扩增: 用 Lysis Buffer for Microorganism to Direct PCR (TaKaRa) 对分离所得解磷菌

进行细胞裂解, 裂解后的悬液作为 PCR 扩增的模板。对提取的细菌 16S rDNA 进行 PCR 扩增, 选择通用引物 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3')和 1541R (5'-AAGGAGGTGATCCAGCCGCA-3')。PCR 扩增程序为: 94℃ 5 min, 94℃ 60 s, 59℃ 60 s, 72℃ 60 s, 30 个循环, 72℃ 10 min, 扩增产物进行 1%琼脂糖凝胶电泳检测, PCR 产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。

系统发育树的构建: 将供试菌株 PCR 扩增片段测序结果经 DNASTar 软件拼接后的序列在 Gen-Bank 核酸序列数据(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>)中进行在线序列比对并选择相似性最高的相关典型菌株的 16S rDNA 基因序列, 用 CLUSTAL W 软件进行多重序列比对[19], 使用 MEGA X 软件的邻接法(Neighbor-joining)进行聚类分析和构建系统进化树[20], 重复取样 1000 次进行自展值(Bootstrapvalue)分析, 确定菌株的生物学分类地位[21]。

2.2.5. 解磷菌多样性与环境因子相关性分析

应用 BIODAP 计算多样性指数分析沉水植物根际和非根际沉积物中解磷菌的多样性。将滇池不同沉水植物根际沉积物的环境因子和解磷菌群落分布特征进行数据整理, 采用 Canoco 5.1 软件进行 RDA 分析, Spss 软件进行显著性检验分析。利用蒙特卡洛(Monte Carlo permutation)检验分析 RDA 排序轴特征值的显著性, 检验采用默认选项, 置换次数均为 499 次[22]。

3. 结果与分析

3.1. 沉水植物根际和非根际沉积物理化性质

滇池沉水植物根际和非根际沉积物中 Eh 和 SRP 含量存在明显差异。从表 1 中可以看出, 沉水植物的根际沉积物的 Eh 比无植物分布的高, 表明沉水植物提高了根际沉积物中的 Eh。非根际沉积物间隙水 SRP 是沉水植物根际沉积物的 2.4~3.2 倍, 间隙水 DTP 与 SRP 变化相一致; 但在沉水植物根际区域沉积物的 SRP 对 DTP 的贡献变化在 52.9%~72.4%, 非根际沉积物 SRP 对 DTP 的贡献为 42.5%。不同植物根际的 TN 和 TOC 存在一定差异, 并高于非根际, 而非根际沉积物的 TP 高于植物根际。不同植物间、植物根际和非根际间的 DO 含量差异小。

Table 1. Physical and chemical characteristics of the rhizosphere and non-rhizosphere sediments in Dianchi Lake

表 1. 滇池沉水植物根际和非根际沉积物的理化因子

样点	总氮(g/kg)	总有机(g/kg)	总磷(g/kg)	DTP (mg/L)	SRP (mg/L)	氧化还原电位(mV)	溶解氧(μ mol/L)
HV	3.23	28.28	1.63	0.045	0.028	223.56	215.73
PP	2.37	24.13	2.13	0.038	0.026	289.43	265.57
PM	2.82	25.44	1.61	0.051	0.027	256.67	236.32
MS	2.47	27.92	1.84	0.029	0.021	325.54	315.47
Non	1.81	16.81	2.49	0.160	0.068	164.27	223.81

注: HV, 轮叶黑藻; PP, 篦齿眼子菜; PM, 马来眼子菜, MS, 穗状狐尾藻; Non, 非根际沉积物; DTP, 间隙水中溶解性总磷; SRP, 溶解性活性磷。

3.2. 沉水植物根际和非根际沉积物中解磷菌的群落分布

对滇池沉水植物根际和非根际沉积物中解磷菌进行分离筛选培养, 共分离得到解磷菌共 86 株。所有菌株的 16S rDNA 序列在 GenBank 数据库进行比对分析, 相似性 $\geq 97\%$ 的归为一个种, 共 8 个属 27 个种(表 2)。选取 27 个不同种代表菌株的 16S rDNA 序列构建系统发育树发现, 沉水植物根际和非根际解磷菌主要优势属为 *Pseudomonas*、*Bacillus*、*Burkholderia* 和 *Microbacterium* 等(图 1)。假单胞菌属是所有

可培养根际解磷菌中的优势菌属, 占总数 22%, 共 19 株 11 个种。杆菌属占总数的 21%, 18 株共有 3 个种。*Burkholderia* 和 *Microbacterium* 也是滇池解磷菌的优势类群, 分别为 15%和 12%。其中, 轮叶黑藻、篦齿眼子菜和穗状狐尾藻的解磷菌以 *Pseudomonas*、*Bacillus* 和 *Burkholderia* 三个属为主, 占该植物根际解磷菌总数分别为 52.9%、64.7%和 63.6%; 马来眼子菜以 *Pseudomonas*、*Bacillus* 和 *Ensifer* 三个属为主, 占该植物根际解磷菌总数的 52.4%; 非根际沉积解磷菌没有明显的优势菌属。不同沉水植物根际的优势解磷菌类群存在一定差异。

Table 2. Distribution of PSB isolated from the rhizosphere and non-rhizosphere sediments of submerged plants in Dianchi Lake
表 2. 不同沉水植物根际和非根际沉积物解磷菌群落的分布

Genus	Species	HV	PP	PM	MS	Non	Total
<i>Acinetobacter</i>	<i>Acinetobacter dispersus</i>	1	1	1	0	0	6
	<i>Acinetobacter guillouiae</i>	0	0	1	1	0	
	<i>Acinetobacter lactucae</i>	1	0	0	0	0	
<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus mycoides</i>	1	1	1	1	1	18
	<i>Bacillus toyonensis</i>	1	2	0	3	1	
	<i>Bacillus thuringiensis</i>	1	2	2	1	0	
<i>Burkholderia</i>	<i>Burkholderia cepacia</i>	1	2	2	1	1	13
	<i>Burkholderia contaminans</i>	2	1	0	2	1	
<i>Ensifer</i>	<i>Ensifer adhaerens</i>	1	1	4	2	1	9
<i>Enterobacter</i>	<i>Enterobacter asburiae</i>	2	1	1	0	1	7
	<i>Enterobacter ludwigii</i>	0	0	1	1	0	
<i>Pseudomonas</i>	<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	1	0	1		1	19
	<i>Pseudomonas brenneri</i>	0	1	0	1	0	
	<i>Pseudomonas lurida</i>	1	0	0	0	0	
	<i>Pseudomonas moraviensis</i>	0	1	1	0	0	
	<i>Pseudomonas mosselii</i>	1	0	0	1	0	
	<i>Pseudomonas oryzihabitans</i>	0	0	0	1	0	
	<i>Pseudomonas palleroniana</i>	0	0	2	0	0	
	<i>Pseudomonas poae</i>	0	1	0	0	0	
	<i>Pseudomonas protegens</i>	0	0	0	1	0	
<i>Pseudomonas putida</i>	0	0	1	0	1		
<i>Pseudomonas tolaasii</i>	0	0	0	2	0		
<i>Microbacterium</i>	<i>Microbacterium proteolyticum</i>	1	1	2	1	1	10
	<i>Microbacterium foliorum</i>	1	1	0	2	0	
<i>Serratia</i>	<i>Serratia fonticola</i>	0	1	1	0	0	4
	<i>Serratia liquefaciens</i>	1	0	0	1	0	
Total		17	17	21	22	9	86
Shannon-Weiner index		2.67	2.59	2.52	2.69	2.20	

注: HV, 轮叶黑藻(*Hydrilla verticillata*); PP, 篦齿眼子菜(*Potamogeton pectinatus*); PM, 马来眼子菜(*Potamogeton malaianus*); MS, 穗状狐尾藻(*Myriophyllum spicatum*); Non, 非根际沉积物。

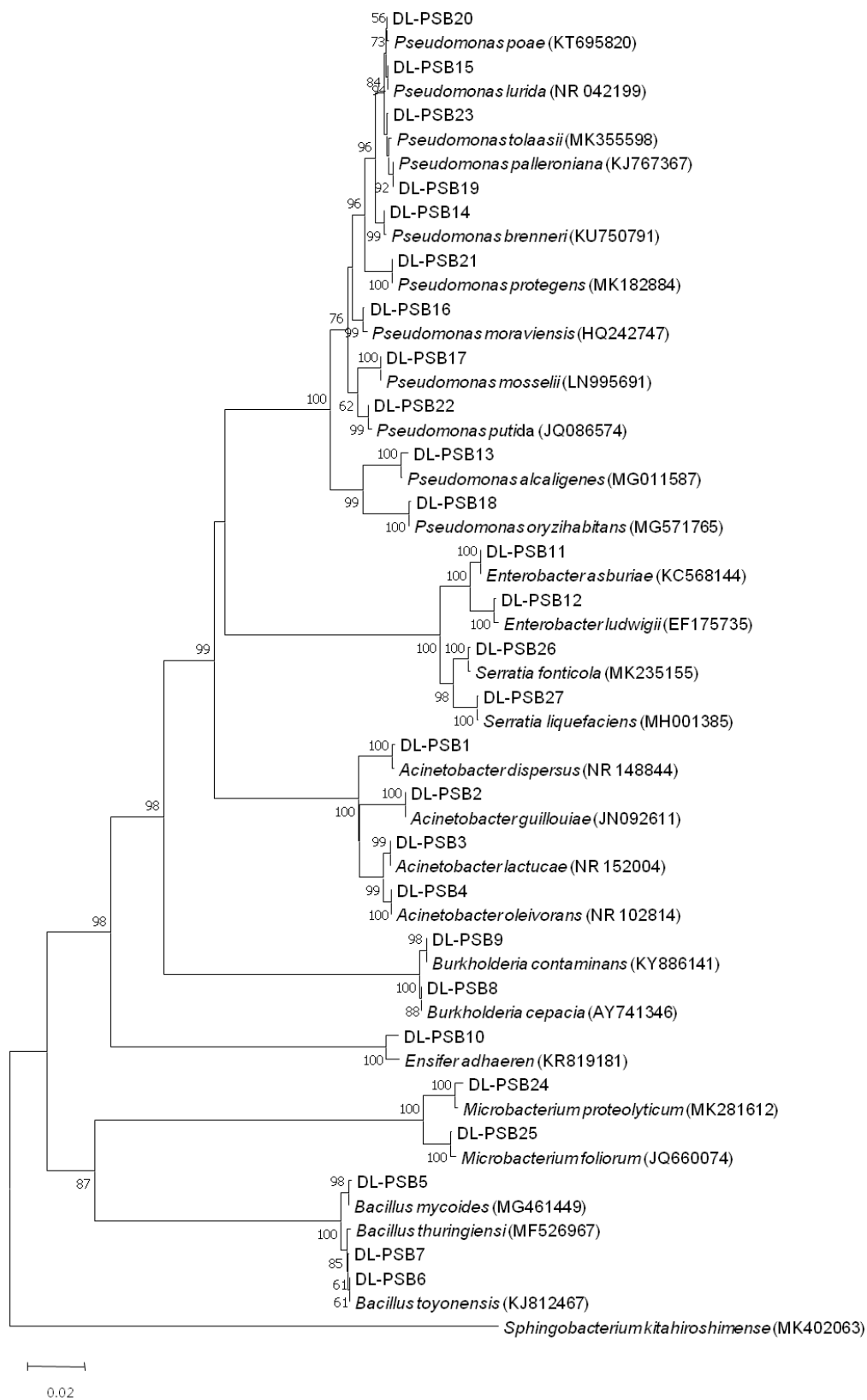


Figure 1. Neighbour-joining tree constructed of PSB strains based on the 16S rDNA gene sequences
图 1. 基于 16S rDNA 基因构建的解磷菌 Neighbour-joining 发育树

3.3. 环境因子对解磷菌分布的影响

RDA 分析结果显示, 影响解磷菌分布的主要环境因子是氧化还原电位(Eh)和 SRP, 其中 Eh 对物种的影响具有显著性, Eh 对群落变异的解释度为 49.8% ($F = 3.0, P = 0.06$), SRP 对群落分布的贡献为 43.4% ($F = 2.3, P = 0.018$)。从图 2 可以看出, *Microbacterium* 的丰富度与 Eh 呈正相关, 且达到显著水平 ($P = 0.026$); *Bacillus* 与 DO 呈正相关 ($P = 0.070$), *Microbacterium* 和 *Bacillus* 与 SRP 呈负相关 ($P = 0.058$ 和 $P = 0.155$)。 *Pseudomonas* 与 TP 之间呈负相关 ($P = 0.258$), 与其他优势解磷菌的相关性不高。TOC 也是影响解磷菌类群在沉水植物根际和非根际沉积物中分布的关键环境因子之一。

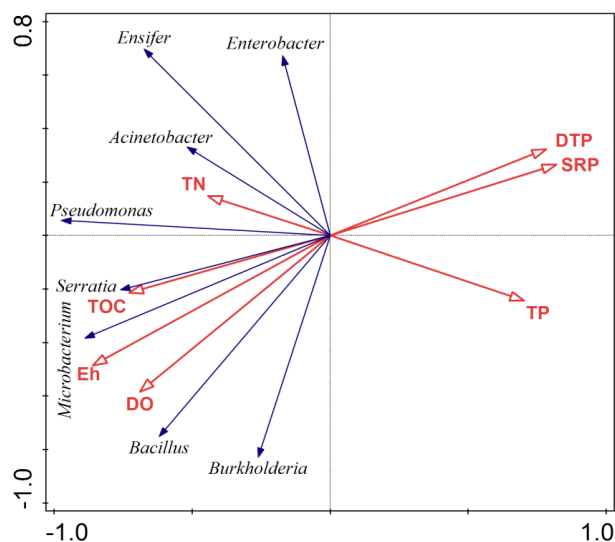


Figure 2. RDA biplot of PSB distribution and environmental factors in Dianchi Lake

图 2. 滇池沉水植物根际解磷菌分布与环境因子的 RDA 分析

4. 结论

4.1. 不同沉水植物根际的解磷菌分布

滇池不同沉水植物根际沉积物中解磷菌的优势类群存在一定差异。轮叶黑藻、篦齿眼子菜和穗状狐尾藻的解磷菌以 *Pseudomonas*, *Bacillus* 和 *Burkholderia* 三个属为主, 占该植物根际解磷菌总数分别为 52.9%、64.7%和 63.6%, 组成比例存在差异。马来眼子菜以 *Pseudomonas*, *Bacillus* 和 *Ensifer* 三个属为主, 占该植物根际解磷菌总数的 52.4%, 与其它 3 种植物的解磷优势类群不一样。无植物分布区域的沉积物中解磷菌没有明显的优势菌属。相关研究表明, 沉水植物的类型对微生物群落结构有着显著影响[23]。沉水植物通过根系活动改变根际沉积物的营养物质、pH 及其它理化性质, 改变了根际微生物群落的结构, 使得不同沉水植物的根际解磷菌存在差异。与其它研究结果相似, *Pseudomonas* 和 *Bacillus* 是植物根际土壤占主导地位的解磷菌属, 占据了超过了 55%的解磷微生物数量[24]。在滇池上层沉积物的解磷菌区系研究中, *Bacillus* 是分布最广的类群[25]。在长江口表层沉积物中的解磷菌也是以 *Bacillus* 为优势属[7]。关于解磷菌的报道较多是针对土壤中的解磷菌的分离, 而解磷菌的种类也较多集中在 *Pseudomonas* 和 *Bacillus* 等, 有关沉积物的解磷菌也较多集中湖泊和湿地的沉积物中。

4.2. 沉水植物根际解磷菌与环境因子相关性

沉水植物根际的沉积物中氧化还原电位(Eh)和沉积物间隙水的溶解性活性磷(SRP)对解磷菌群落结

构有显著影响。沉水植物可以使沉积物有氧层厚度增加, 改变沉积物的氧化还原电位, 进而改变了根际微环境中微生物的数量和种类[26]。在与湖泊类似的人工湿地底泥中植物根际促进沉积物中氧化层形成, 氧化层中氧化还原电位比污染层升高 150% [27]。相关研究也发现, 沉水植物的代谢活动会提高根际沉积物中氧化还原电位, 进而影响微生物的群落结构[28]。沉水植物通过提高沉积物中氧化还原电位, 氧化还原电位与解磷功能微生物的分布呈正相关性。在沉水植物分布的区域, 沉积物有机质(TOC)和溶解氧(DO)的增加也会促进解磷细菌的代谢活动, 使得沉水植物根际沉积物的解磷菌丰富度高于非根际[29] [30]。同时, 在沉水植物苦草根系的吸收以及根系周围形成的微生物, 对于磷的去除有着良好的效果[31]; 解磷菌参与沉积物中有效磷的释放, 使得沉水植物根际沉积物中 TP 高于非根际沉积物。在滇池底泥磷高含量区域, 解磷菌的种群和数量与底泥磷含量成负相关关系[32]。研究结果也发现, 沉水植物能够吸收根际沉积物中 SRP [33]; 进而影响解磷群落结构的分布与 SRP 呈负相关。沉水植物吸收的有效磷直接来自于沉积物, 而沉积物中的解磷细菌促进了沉积物中 SRP 的释放[34]。沉水植物根际沉积物中解磷菌的数量和种类分布特征与环境因子密切相关。沉水植物根际沉积物有较高含量 TOC 和 DO 等有利条件, 也会提高解磷细菌群落的多样性, 为解磷细菌的生存提供了特定的微生态环境, 进而解磷细菌增强了植物对根际沉积物中有效磷的吸收, 保障了沉水植物生长的稳定。

基金项目

云南省地方本科高校(部分)基础研究联合专项资金项目(2017FH001-111, 202001BA070001-163)、昆明学院校级人才引进项目(YJL19004)。

参考文献

- [1] 王琦, 高晓奇, 肖能文, 等. 滇池沉水植物的分布格局及其水环境影响因子识别[J]. 湖泊科学, 2018, 30(1): 157-170.
- [2] Brinson, M.M., Lugo, A.E. and Brown, S. (1981) Primary Productivity, Decomposition and Consumer Activity in Freshwater Wetlands. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **12**, 123-161. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.12.110181.001011>
- [3] 卢姣姣, 张萌, 全水清, 等. 低氧、高铵和低光对沉水植物苦草(*Vallisneria natans*)生长与 C-N 代谢生理指标的影响特征[J]. 湖泊科学, 2018, 30(4): 1064-1074.
- [4] 吴振斌, 邱东茹, 贺锋, 等. 沉水植物重建对富营养水体氮磷营养水平的影响[J]. 应用生态学报, 2003, 14(8): 1351-1353.
- [5] Adriana, C., Paolo, Z. and Amedeo, A. (2009) Growth and Nutrient Absorption of Two Submerged Aquatic Macrophytes in Mesocosms, for Reinsertion in a Eutrophicated Shallow Lake. *Wetlands Ecology Manage*, **17**, 107-115. <https://doi.org/10.1007/s11273-008-9091-9>
- [6] 刘正文, 张修峰, 陈非洲, 等. 浅水湖泊底栖-敞水生境耦合对富营养化的响应与稳态转换机理: 对湖泊修复的启示[J]. 湖泊科学, 2020, 32(1): 1-10.
- [7] 鲁小曼, 尚琨, 刘欣, 等. 长江口表层沉积物中可培养有机解磷菌多样性特征[J]. 海洋科学进展, 2019, 37(3): 495-507.
- [8] Yamamoto, Y., Satoh, N. and Hayashi, H. (1991) Distribution of Different Forms of Phosphorus and Phosphate-Solubilizing Bacteria in Lake Sediments. *Japanese Journal of Limnology*, **52**, 205-213. <https://doi.org/10.3739/rikusui.52.205>
- [9] 孙晓杭, 张昱, 张斌亮, 等. 微生物作用对太湖沉积物磷释放影响的模拟实验研究[J]. 环境化学, 2006, 25(1): 24-27.
- [10] Huang, L., Du, S., Fan, L., et al. (2011) Microbial Activity Facilitates Phosphorus Adsorption to Shallow Lake Sediment. *Journal of Soil and Sediments*, **11**, 185-193. <https://doi.org/10.1007/s11368-010-0305-4>
- [11] Jensen, M., Liu, Z., Zhang, X., et al. (2017) The Effect of Biomanipulation on Phosphorus Exchange between Sediment and Water in Shallow, Tropical Huizhou West Lake, China. *Limnological Ecology and Management of Inland Waters*, **63**, 65-73. <https://doi.org/10.1016/j.limno.2017.01.001>

- [12] 高丽, 周健民. 磷在富营养化湖泊沉积物-水界面的循环[J]. 土壤通报, 2004, 35(4): 512-515.
- [13] Liang, J.L., Liu, J., Jia, P., *et al.* (2020) Novel Phosphate-Solubilizing Bacteria Enhance Soil Phosphorus Cycling Following Ecological Restoration of Land Degraded by Mining. *The ISME Journal*, **14**, 1-14. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0632-4>
- [14] 胡晓娟, 李卓佳, 曹煜成, 等. 养殖池塘生态系统中磷的收支及解磷微生物的研究进展[J]. 安全与环境学报, 2010, 10(1): 7-11.
- [15] 杨慧, 范丙全, 龚明波, 等. 一株新的溶磷草生欧文氏菌的分离、鉴定及其溶磷效果的初步研究[J]. 微生物学报, 2008, 48(1): 51-56.
- [16] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 第4版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002: 254-279.
- [17] 孟亚媛, 王圣瑞, 焦立新, 等. 滇池表层沉积物氮污染特征及其潜在矿化能力[J]. 环境科学, 2015, 36(2): 471-480.
- [18] 张文菊, 彭佩饮, 童成立, 等. 洞庭湖湿地有机碳垂直分布与组成特征[J]. 环境科学, 2005, 26(3): 56-60.
- [19] Thompson, J.D., Higgins, D.G. and Gibson, T.J. (1994) CLUSTAL W: Improving the Sensitivity of Progressive Multiple Sequence Alignment through Sequence Weighting, Position-Specific Gap Penalties and Weight Matrix Choice. *Nucleic Acids Research*, **22**, 4673-4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
- [20] Kimura, M. (1980) A Simple Method for Estimating Evolutionary Rates of Base Substitutions through Comparative Studies of Nucleotide Sequences. *Journal of Molecular Evolution*, **16**, 111-120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- [21] Studier, J.A. and Keppler, K.J. (1988) A Note on the Neighbor-Joining Algorithm of Saitou and Nei. *Molecular Biology and Evolution*, **5**, 729-731.
- [22] Lepš, J. and Šmilauer, P. (2003) *Multivariate Analysis of Ecological Data Using CANOCO*. Cambridge University Press, Cambridge. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511615146>
- [23] Ingemann, J.S., Kühl, M. and Priemé, A. (2007) Different Bacterial Communities Associated with the Roots and Bulk Sediment of the Seagrass *Zostera Marina*. *FEMS Microbiology Ecology*, **64**, 108-117. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2007.00373.x>
- [24] 赵小蓉, 林启美, 孙焱鑫, 等. 玉米根际与非根际解磷细菌的分布特点[J]. 生态学杂志, 2001, 20(6): 62-64.
- [25] 樊竹青, 张灼. 滇池上层底泥解磷菌的区系特点[J]. 大理学院学报, 2007, 6(6): 21-23.
- [26] 田翠翠, 王纯波, 李倩, 等. 轮叶黑藻(*Hydrilla verticillata*)对沉积物-水界面微观剖面理化参数的影响[J]. 湖泊科学, 2013, 25(5): 101-108.
- [27] 张雪, 姜翠玲, 朱立琴, 等. 大型表面流人工湿地长期运行下底泥污染特性及氧化层甄别[J]. 湖泊科学, 2019, 31(3): 677-688.
- [28] 曾巾, 杨柳燕, 梁医, 等. 南京玄武湖底泥微生物群落结构研究[J]. 生态科学, 2008, 27(5): 351-356.
- [29] 赵安娜, 冯慕华, 郭萧, 等. 沉水植物氧化塘对污水厂尾水深度净化效果与机制的小试研究[J]. 湖泊科学, 2010, 22(4): 538-544.
- [30] 张丁予, 章婷曦, 董丹萍, 等. 沉水植物对沉积物微生物群落结构影响: 以洪泽湖湿地为例[J]. 环境科学, 2016, 37(5): 144-151.
- [31] 张亚朋, 章婷曦, 王国祥. 苦草(*Vallisneria natans*)对沉积物微生物群落结构的影响[J]. 湖泊科学, 2015, 27(3): 445-450.
- [32] 东野脉兴, 樊竹青, 张灼, 等. 滇池微生物解磷与聚磷作用的实验研究及磷的现代沉积与微生物成矿作用[J]. 吉林大学学报(地球科学版), 2003, 33(3): 282-289.
- [33] 王立志. 两种沉水植物对间隙水磷浓度的影响[J]. 生态学报, 2013, 35(4): 1051-1058.
- [34] 郭万喜, 侯文华, 缪静, 等. 不同水生植物对系统中磷分配的影响[J]. 北京化工大学学报(自然科学版), 2007, 34(1): 1-4.