

МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ СЕЗОННОГО РАЗНООБРАЗИЯ
БАКТЕРИАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ В ГОРОДСКОМ ОЗЕРЕ
(оз. ЦЗИНХУ, ЦЕНТРАЛЬНЫЙ КИТАЙ)¹

© 2022 г. С. Ц. Лю^a, В. Ц. Вэнь^b, С. С. Ян^b, С. Я. Сюй^a, Т. Ч. Цзи^a, Х. М. Лю^a, Г. П. Чжу^a, *

^aАньхойский педагогический университет, Уху, Аньхой, Китай

^bКитайский университет науки и технологий, Хэфэй, Аньхой, Китай

*e-mail: gpz2012@ahnu.edu.cn

Поступила в редакцию 22.12.2021 г.

После доработки 24.02.2022 г.

Принята к публикации 28.02.2022 г.

В работе исследованы сезонные и пространственные факторы, контролирующие состав и разнообразие бактериальных сообществ в городском оз. Цзинху г. Уху, около р. Янцзы в провинции Аньхой, Центральный Китай. Образцы, собранные в разных местах и в разные времена года, анализировали с помощью секвенирования 16S рРНК. При этом физико-химические показатели проб из разных мест, собранные в разные сезоны, измеряли и анализировали совместно. По индексу разнообразия летне-осенное разнообразие было выше, чем осенне-зимнее. По относительной численности Cyanobacteria, Proteobacteria и Bacteroides были более многочисленным бактериальным сообществом в оз. Цзинху. Согласно анализу RDA, помимо температуры, наибольшая корреляция численности бактериального сообщества была с O₂, аммиаком и общим азотом.

Ключевые слова: бактериальное сообщество, биоразнообразие, факторы среды, городское озеро, 16S rРНК

DOI: 10.31857/S0320965222040295

Metagenomics Analysis on Bacterial Communities Seasonal Diversity
in the Urban Lake Jinghu, Central of China

X. J. Liu^a, W. J. Wen^b, X. X. Yang^b, H. Y. Hu^a, T. Ch. Ji^a, H. M. Liu^a, and G. P. Zhu^a, *

^aAnhui Normal University, Anhui, China

^bUniversity of Science and Technology of China, Hefei, Anhui, China

*e-mail: gpz2012@ahnu.edu.cn

Abstract—Seasonal and spatial factors controlling the composition and diversity of bacterial communities in the urban Jinghu Lake of Wuhu City, near the Yangtze River in Anhui Province, Central of China were investigated. Samples collected in different places and at different times of the year were analyzed using 16S rRNA sequencing. At the same time, the physico-chemical parameters of samples from different places and collected in different seasons were measured and analyzed together. According to the diversity index, the summer-autumn diversity was higher than the autumn-winter one. According to the relative abundance of Cyanobacteria, Proteobacteria and Bacteroidetes were the most numerous bacterial communities in the Jinghu Lake. According to the RDA analysis, in addition to temperature, the greatest correlation of the bacterial community was O₂, ammonia and total nitrogen.

Keywords: bacterial community, biodiversity, environmental factors, Urban Lake, 16S rDNA

¹ Полный текст статьи опубликован на английском языке в журнале *Inland Water Biology*, 2022, Vol. 15, No. 4 и доступен на сайте по ссылке <https://www.springer.com/journal/12212>.