

三峡库区浮游生物群落 DNA 结构与水体理化因子的分析

邓文娜^{1,2} 余育和¹ 颜庆云^{1,2} 宋晓红^{1,2} 张翔^{1,2} 陈洪涛³

(1. 中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072 2. 中国科学院研究生院, 北京 100039 3. 中国海洋大学, 青岛 266003)

摘要: 本文对三峡水库大坝至香溪河段所设 A、B、C、D、E、F 和 G 等 7 个站点浮游生物群落 DNA 进行了 RAPD 分子生物学研究, 并分析了其与水体理化因子的关系。各站点间 RAPD 研究表明: D 和 E 首先聚到一组, 然后与 A 聚到一起, 最后与 C 聚成一大类; B 和 F 聚成一大类; 站点 G 独自归于一类。而理化因子聚类结果显示: B 首先与 C 聚为一小类, 再与 D 聚到一起, 然后与 G、F 聚成的小类聚为一类, 而 E 与 A 分别单独归为一类。比较发现, RAPD 聚类结果中相距较近的站点在理化因子聚类中显示为相距较远的站点(如站点 A、C、D、E 之间), 而在 RAPD 聚类中相距较远的站点在理化因子聚类中显示为相距较近的站点(如站点 B、F 分别与 G 之间)。这可能因为它们之间存在负相关性, 也可能部分因为试验条件本身所造成的误差。本实验为确定浮游生物 DNA 指纹结构与理化因子的关系提供了新的信息, 进而为建立一种新的水质评价体系积累了理化因子的一些背景资料。

关键词: 三峡库区; 浮游生物; RAPD; 理化因子

中图分类号: Q178.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2009)02-0324-06

随着社会经济的高速发展, 水库在国民生产生活中的作用日显重要, 我国 80% 的城市供水依靠水库蓄水^[1]。大坝的拦截作用极大地改变了河流原先的自然过程^[2,3], 对水生生物、水化学、水体其他重要物理化学组分都造成很大的影响^[4-7]。如何评价这种影响, 对流域内社会经济的可持续发展至关重要。早在 20 世纪初, Kolkwitz 与 Marrson^[8] 就已经提出用生物指示河流水质的观点; 浩云涛等^[9] 认为通过分析水生藻类的种类和数量组成, 研究其生理、生化反应及积累毒物的特点, 可以准确地判断水质; 1996 年, 许木启等^[10] 发现浮游动物的变化与重金属含量关系密切, 其多样性指数与水体中铜的含量存在一定的回归关系。然而, 这些较为宏观的生态学方法是在不同的层面上(即不同的指示生物, 不同的理化因子)对不同的水体进行评价, 从而限制了深层次上对不同研究进行比较分析。近年, 伴随分子生物学技术的发展, 将群落生物 DNA 列为微生物生态学研究对象已成为现实^[11-13]。颜庆云等^[14] 认为浮游生物群落 DNA 指纹与生物及理化因子均存在很好的相关性; 并结合三者进行分析, 以探讨水质新的评价方法^[15]。本实验通过群落浮游生物 DNA 指纹技术进一步讨论三峡库

区浮游生物与水体理化因子的联系, 为建立水质新的评价体系提供信息。

1 材料与方法

1.1 样品采集 研究水样于 2006 年 4 月 1—3 日取自三峡水库大坝至香溪河段, 采样点 B、C、D、E、F、G 位于长江干流上, A 位于其支流香溪河上(图 1)。用 25 号(网孔 64 μ m)浮游生物网捞取表层水样于 50mL 塑料瓶中, 1.5mL 离心管分装采集水样并贮存于 4℃ 冰箱。

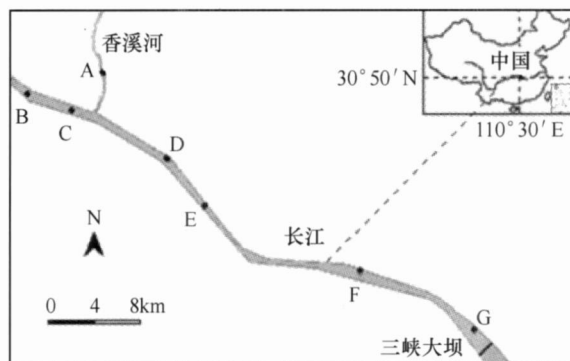


图 1 三峡库区站点分布

Fig. 1. Samples locations of the Three-Gorges Reservoir region

收稿日期: 2007-04-24 修订日期: 2008-09-12

基金项目: 国家自然科学基金项目(30570240 30490232); 国家“973”计划(2002CB412308)资助

作者简介: 邓文娜(1982-), 女, 湖南衡阳人; 硕士研究生; 研究方向为浮游生物生态学。E-mail: dengwenna@163.com

通讯作者: 余育和, E-mail: yhy@ihb.ac.cn

1.2 DNA提取 将冷藏水样以 10000 r/min 离心 10 min, 弃上清并用灭菌双蒸水清洗 2 次。向沉淀中加入 400 μ L 裂解液 (0.5% SDS, 10 mmol/L Tris-Cl, pH = 8.0, 0.1 mol/L EDTA, pH = 8.0, 蛋白酶 K, 100 μ g/mL), 于 55 $^{\circ}$ C 水浴过夜。用常规的苯酚: 氯仿法抽提 DNA, 并保存于 TE 中备用。

1.3 RAPD扩增 以 Operon 公司的 OPM、OPG 引物进行 RAPD 扩增。筛选出扩增条带清晰且多态性明显的 OPM-3、OPM-4、OPM-6、OPM-7、OPM-11、OPM-13、OPM-14、OPG-2、OPG-3、OPG-10、OPG-16 为最终反应引物。反应参照文献 [16], 并以正交法 ($L_9(3^4)$ 型) 对反应体系中起重要作用的 DNA、dNTP、 Mg^{2+} 以及引物含量进行筛选。确定最终实验反应体系为: Mg^{2+} 1.5 mmol/L, dNTP 48 μ mol/L, 引物 5.6×10^{-7} mol/L, DNA 约 30 ng。

经过对循环参数的优化选定, 在 Peik in EmerTM 9600PCR 仪上进行以下循环: 94 $^{\circ}$ C 预变性 10 min, 94 $^{\circ}$ C 变性 50 s, 38 $^{\circ}$ C 退火 40 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 3 min, 循环 40 次; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min, 反应终止于 4 $^{\circ}$ C。采用 1.5% 的琼脂糖凝胶进行检验, 并取像于 UVP 凝胶成像系统, 重复 RAPD 扩增两次以上, 并且在每次 UVP 凝胶成像系统成像时, 都以不同亮度对凝胶块

进行多次拍照。

1.4 理化因子测定 采用 BRAN + LU EBBE 公司提供的 AAII 营养盐自动分析仪测出 S_i 、 NO_2-N 、 NO_3-N 、 NH_4-N , 以及 PO_4-P 等含量, 通过黑白盘直接读取水体透明度, 溶解氧 (DO) 含量运用碘量法测得。

1.5 数据处理 根据 DNA Maker DL 2000 (宝生物工程 (大连) 有限公司提供) 的指示位置估计各扩增片段大小。运用 LabWorkTM 软件扫描分析 RAPD 扩增图谱, 分别以 1、0 代表条带的有、无, 建立二元矩阵。利用 RAPD istance 1.04 程序对结果进行聚类分析。

应用 SPSS 软件分析各理化因子的相关性, 并启用该软件的 Z scores 功能对其进行 Hierarchical cluster 聚类分析。

2 结果

2.1 RAPD 扩增

以提取的 DNA 为模板, 筛选的 11 条引物进行 PCR 扩增, 共获得 100 个站点。引物 OPM-7、OPM-11、OPM-13、OPG-2 和 OPG-16 扩增的 46 个站点具有 100% 的多态性; 而 OPG-3 扩增的站点多态性最低, 即 7 个站点中只有 4 个具有多态性 (表 1)。

表 1 随机引物的扩增结果
Tab. 1 Amplified results of random primers

引物 Primers	扩增条带数 Amplified bands quantity	多态性条带数 Polymorphism bands quantity	多态性 Polymorphism (%)
OPM-3	10	9	90
OPM-4	9	8	88.9
OPM-6	10	9	90
OPM-7	9	9	100
OPM-11	9	9	100
OPM-13	8	8	100
OPM-14	9	8	88.9
OPG-2	10	10	100
OPG-3	7	4	57.1
OPG-10	9	8	88.9
OPG-16	10	10	100
平均 Average	9.1	8.4	92

RAPD istance1.04软件聚类显示 7个站点可以分为 3组(图 2), D站和 E站首先聚到一组, 然后与

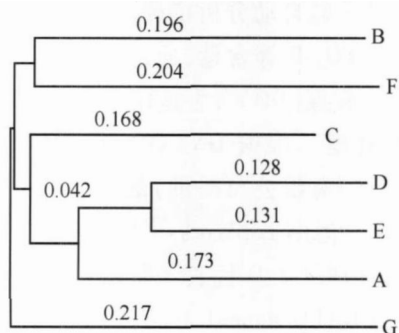


图 2 RAPD 聚类分析结果

Fig 2 Cluster analysis results of RAPD

A 站聚到一起, 最后与 C 站聚成一大类; B 站和 F 站聚成一大类; 而站点 G 独自归于一类。

2.2 理化因子

三峡库区所测营养盐 $\text{NH}_4\text{-N}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$ 、 $\text{NO}_2\text{-N}$ 、Si 和 $\text{NO}_3\text{-N}$ 及透明度、DO 等理化指标结果(表 2)。

各理化数据经 SPSS 软件进行 Pearson 系数相关性分析的结果显示(表 3), $\text{NH}_4\text{-N}$ 与透明度存在显著相关 ($p = 0.001$, $r = 0.960$), 与 DO 存在显著相关 ($p = 0.002$, $r = 0.937$); 同时, $\text{NO}_3\text{-N}$ 也与透明度 ($p = 0.001$, $r = -0.874$) 存在显著相关, 与 DO ($p = 0.023$, $r = -0.824$) 存在相关。筛选出没有相关关系的 $\text{NH}_4\text{-N}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$ 、 $\text{NO}_2\text{-N}$ 、Si 和 $\text{NO}_3\text{-N}$ 进行下一步的聚类分析。

表 2 各站点理化指标测定结果

Tab. 2 Results of physico-chemical factors of all the sample locations

站点 Locations	$\text{NH}_4\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{PO}_4\text{-P}$ ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{NO}_2\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)	透明度 Transparency (m)	溶解氧 DO (mg/L)	Si ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{NO}_3\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)
A	0.17	1.28	1.93	1.4	18.41	85.77	56.19
B	5.35	0.9	2.59	4.4	9.02	87.09	111.55
C	5.41	0.72	2.45	4.2	9.05	87.61	103.85
D	5.26	0.8	1.94	3.8	9.21	86.67	78.99
E	5.7	0.86	2.63	4.6	9.73	73.92	112.72
F	4.59	1.46	2.23	4.4	8.87	87.11	117.84
G	3.93	1.29	2.13	3.8	9.13	86.94	116.22

表 3 各理化因子的相关性分析结果

Tab. 3 Correlation analysis results of all physico-chemical factors

	$\text{NH}_4\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{PO}_4\text{-P}$ ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{NO}_2\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)	透明度 Transparency (m)	DO (mg/L)	Si ($\mu\text{mol/L}$)	$\text{NO}_3\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$)
$\text{NH}_4\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$) Pearson Correlation	1	0.571	0.634	0.960**	0.937**	-0.211	0.719
sig(2-tailed)		0.181	0.126	0.001	0.002	0.65	0.069
N	7	7	7	7	7	7	7
$\text{PO}_4\text{-P}$ ($\mu\text{mol/L}$) Pearson Correlation	-0.571	1	-0.427	-0.35	0.321	0.232	0.028
sig(2-tailed)	0.181		0.339	0.444	0.482	0.617	0.952
N	7	7	7	7	7	7	7
$\text{NO}_2\text{-N}$ ($\mu\text{mol/L}$) Pearson Correlation	0.634	-0.427	1	0.693	-0.49	-0.465	0.682
sig(2-tailed)	0.126	0.339		0.084	0.267	0.293	0.091
N	7	7	7	7	7	7	7
透明度 Transparency(m) Pearson Correlation	0.960**	-0.349	0.693	1	-0.952**	-0.219	-0.874*
sig(2-tailed)	0.001	0.444	0.084		0.001	0.637	0.001
N	7	7	7	7	7	7	7
DO(mg/L) Pearson Correlation	-0.937**	0.321	-0.488	-0.952**	1	-0.005	-0.824*

续表

		NH ₄ -N (μmol/L)	PO ₄ -P (μmol/L)	NO ₂ -N (μmol/L)	透明度 T _r ansparence (m)	DO (mg/L)	Si (μmol/L)	NO ₃ -N (μmol/L)
sig(2-tailed)		0.002	0.482	0.267	0.001		0.991	0.023
	N	7	7	7	7	7	7	7
Si(μmol/L)	Pearson Correlation	-0.211	0.232	-0.465	-0.22	-0.01	1	-0.154
sig(2-tailed)		0.65	0.617	0.293	0.637	0.991		0.741
	N	7	7	7	7	7	7	7
NO ₃ -N(μmol/L)	Pearson Correlation	0.719	0.028	0.682	0.874*	-0.824*	-0.154	1
sig(2-tailed)		-0.069	0.952	0.091	0.01	0.023	0.741	
	N	7	7	7	7	7	7	7

* Correlation is significant at the 0.05 level (2-tailed); ** Correlation is significant at the 0.01 level (2-tailed)

经 SPSS 的 Hierarchical cluster 聚类分析, PO₄-P、NH₄-N、NO₃-N、NO₂-N 以及 Si 等 5 组化学因子对 7 个站点聚类结果 (图 3) 显示, B 首先与 C 聚为一小类, 再与 D 聚到一起, 然后与 G、F 聚成的小类聚为一类, 而 E 与 A 分别单独归为一类。

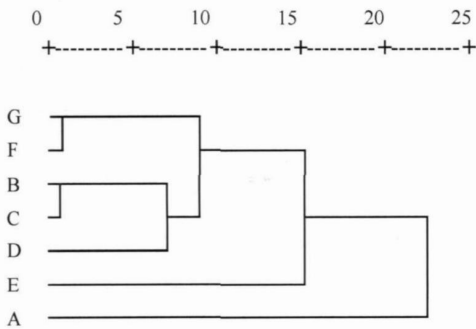


图 3 理化因子聚类结果

Fig. 3 Cluster analysis results of physico-chemical factors

3 讨论

本文通过相关性分析, 筛选出 PO₄-P、NH₄-N、NO₃-N、NO₂-N 以及 Si 等 5 组相互没有相关关系的理化因子, 通过 SPSS 软件的标准化处理降低由于单位不同或数值差异较大而造成的误差, 从而得出结果 (图 3): B、C、D、F 与 G 聚为一类, A 和 E 分别单独归类。

用于分析群落 DNA 结构的 RAPD 技术不仅操作简便、实验周期短, 且是在模板 DNA 序列信息未知的情况下通过随机引物对整个模板进行随机扩增以检测其 DNA 多态性。近年来, 该项技术已被余育和等^[12]、颜庆云等^[13, 17]拓展至群落浮游生物的研究。

在本实验中, 为得到最佳实验结果, RAPD 扩增至少重复了两次以上, 且在每次 UVP 凝胶成像系统成像时, 都以不同亮度对凝胶块进行多次拍照; 然后运用 LabWorksTM 软件对重复实验得到的多个凝胶块的不同亮度扫描照片进行多态性条带的比较分析, 从而将因 RAPD 技术可能造成的实验误差降到最低, 最终得到的聚类结果 (图 2) 表明站点 A、E、D 与 C 最先聚为一类, B、F 然后聚为另外一类, G 与各站点相距最远。

联系两组聚类图显示的结果进行分析, 即对三峡库区浮游生物群落 DNA 多态性与经相关性分析后筛选的理化因子进行分析, 发现 RAPD 聚类结果中相距较近的站点在理化因子聚类中显示为相距较远的站点 (如站点 A、C、D、E 之间), 而在 RAPD 聚类中相距较远的站点在理化因子聚类中显示为相距较近的站点 (如站点 B、F 分别与 G 之间)。颜庆云等^[14, 17]发现洞庭湖泥沙含量与水体浮游生物群落 DNA 指纹拓扑结构有着很好的相关性; 武汉东湖总氮、总磷含量与浮游植物群落 DNA 特异引物 PCR 指纹拓扑结构的聚类结果完全一致; 张翔等^[18]也认为 DNA 指纹拓扑结构与物理、化学等水质指标的分析结果十分吻合, 不同于本文的是: 它们都是一种正向的对应关系。分析其原因, 笔者认为可能有二: 第一, 基于 RAPD 指纹分析的三峡库区浮游生物群落 DNA 结构与水体理化因子可能存在一种反向的对应关系。黄程等^[19]在对三峡水库蓄水初期大宁河回水区流速与藻类生长关系的研究中发现, 在气候条件和营养盐条件适宜的情况下, 流速与藻类呈显著的负相关关系, 又有研究表明物种组成与群落

DNA 多态性相关^[20], 那么这个联系水体理化因子与群落 DNA 结构的纽带-浮游生物群落, 将水体理化因子的变化反映到 DNA 结构上表现为负相关性是可能的。第二, 本实验所采水样为瞬时水样, 可能受到瞬时外界力量(如水流、天气或人为操作等作用)的影响, 而不能完全代表各站点的特点, 从而影响最终试验数据。

综上所述, 三峡库区浮游生物群落 DNA 指纹结构与水体理化因子之间联系并没有呈现出颜庆云等^[13 15]、张翔等^[16]研究的正向的对应关系, 可能因为它们之间存在的是一种负向的对应关系, 也可能部分因为试验条件本身所造成的误差。那么, 这就需要对实验水体进行长期的研究, 一方面控制因瞬时水样而造成的误差, 另一方面可进一步证实三峡库区浮游生物群落 DNA 指纹结构与水体理化因子之间的联系。总之, 本实验为确定水体浮游生物群落遗传结构与理化因子的关系提供了新的信息, 进而为建立一种新的水质评价体系, 即通过 DNA 指纹来研究制约浮游生物的理化因子以最终提供水环境信息, 积累了理化因子的一些背景资料。

参考文献:

- [1] Wang Y C, Zhu J M a M, *et al* Thermal stratification and paroxysmal deterioration of water quality in a Canyon-Reservoir southwest China [J]. *J Lake Sciences*, 2005, **17**(1): 54—60 [王雨春, 朱俊, 马梅, 等. 西南峡谷型水库的季节性分层与水质的突发性恶化. 湖泊科学, 2005, **17**(1): 54—60]
- [2] Meybeck M, Helmert P. The quality of rivers from pristine stage to global pollution [J]. *Palaeogeogr, Palaeoclimat, Palaeoecol*, 1989, **75**: 283—309
- [3] Kelly V J. Influence of reservoir on solute transport: a regional-scale approach [J]. *Hydrological Processes*, 2001, **15**: 1227—1249
- [4] Wu J G, Huang J H, Han X G, *et al* Three-Gorge Dam—experiment in habitat fragmentation [J]? *Science*, 2003, **300**: 1239—1240
- [5] Shen Z L. A study on the effects of the Three Gorge project on the distributions and changes of the nutrients in the Changjiang River estuary [J]. *Oceanol Limnol Sin*, 1991, **22**(6): 540—546 [沈志良. 三峡工程对长江口海区营养盐分布变化影响的研究. 海洋与湖沼, 1991, **22**(6): 540—546]
- [6] Dynesius M, Nilsson C. Fragmentation and flow regulation of river systems in the northern third of the world [J]. *Science*, 1994, **266**: 753—762
- [7] Humborg C, Ittekkot V, Cociasu A, *et al* Effect of Danube River dam on Black Sea biogeochemistry and ecosystem structure [J]. *Nature*, 1997, **386**: 385—388
- [8] Kolkwitz R, M arsson M. Ökologie der pflanzliche saprobien [J]. *Ber Dt Bot Ges*, 1908, **26**: 505—519
- [9] Hao Y T, Li J H, Pan X, *et al* Tolerance of *Chlorella ellipsoidea* and its removal of heavy metals [J]. *J Lake Sciencæ*, 2001, **13**(2): 158—162 [浩云涛, 李建宏, 潘欣, 等. 椭圆小球藻 (*Chlorella ellipsoidea*) 对 4 种重金属的耐受性及富集. 湖泊科学, 2001, **13**(2): 158—162]
- [10] Xu M Q, Wang Z J. Monitoring of heavy metal pollution in the Lean River and Poyang Lake with zooplanktons [J]. *Chin J Appl Environ Biol*, 1996, **2**(2): 169—174 [许木启, 王子键. 利用浮游动物群落结构与功能特征监测乐安江-鄱阳湖口重金属污染. 应用与环境生物学报, 1996, **2**(2): 169—174]
- [11] Yu Y H, Zhang W J, Yan Q Y. The feasibility for application of DNA fingerprinting to community-level life system [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2004, **28**(5): 457—463 [余育和, 张文静, 颜庆云. DNA 指纹分析技术在群落级生命系统应用的可能性. 水生生物学报, 2004, **28**(5): 457—463]
- [12] Muyzer G, De Waal E C, and Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA [J]. *Appl Environ Microbiol*, 1993, **59**(3): 695—700
- [13] Moreira D, Lopez-Garcia P. The molecular ecology of microbial eukaryotes unveils a hidden world [J]. *Trends Microbiol*, 2002, **10**(1): 31—38
- [14] Yan Q Y, Yu Y H, Zhang W J. The DNA polymorphism of plankton community and eutrophication in Lake Donghu Wuhan [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, **25**(3): 461—465 [颜庆云, 余育和, 张文静. 武汉东湖浮游生物群落 DNA 多态性与富营养化. 生态学报, 2005, **25**(3): 461—465]
- [15] Yan Q Y, Yu Y H, Feng W S *et al*. Genetic Diversity of plankton community as depicted by PCR-DGGE fingerprinting and its relation to morphological composition and environmental factors in Lake Donghu [J]. *Microbial Ecology*, **54**(2): 290—297
- [16] Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, *et al*. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers [J]. *Nucl Acids Res*, 1990, **18**(22): 6531—6535
- [17] Yan Q Y, Yu Y H, Feng W S *et al*. Relationship between nand fingerprinting of plankton community and physico-chemical factors [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2005, **29**(6): 601—606 [颜庆云, 余育和, 冯伟松, 等. 洞庭湖浮游生物群落 DNA 指纹与理化因子的关系. 水生生物学报, 2005, **29**(6): 601—606]
- [18] Zhang X, Yu Y H, Feng W S *et al*. Relationship between DNA fingerprints of plankton community and indicators of wastewater in wastewater treatment plant [J]. *J Environ Sci*, 2008, **28**(8): 1526—1533 [张翔, 余育和, 冯伟松, 等. 污水处理场中浮游生物群落 DNA 指纹及其与水质指标的关系. 环境科学, 2008, **28**(8): 1526—1533]
- [19] Huang C, Zhong C H, Deng C G, *et al*. Preliminary study on correlation between flow velocity and algae along daning river's backwater region at sluice initial stages in the Three Gorges Res-

ervoir [J]. *J Agro-Environ Sci.*, 2006, **25**(2): 453—457 [黄程, 钟成华, 邓春光, 等. 三峡水库蓄水初期大宁河回水区流速与藻类生长关系的初步研究. 农业环境科学学报, 2006, **25**(2): 453—457]

[20] Yan Q Y, Yu Y H, Feng W S *et al.* Corresponding relations be-

tween DNA fingerprinting topological structure and species composition of plankton community in Dongting Lake [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, **25**(9): 2221—2226 [颜庆云, 余育和, 冯伟松. 洞庭湖浮游生物群落 DNA 指纹拓扑结构与物种组成对应关系. 生态学报, 2005, **25**(9): 2221—2226]

DNA STRUCTURE ANALYSING OF PLANKTON COMMUNITY AND PHYSICO-CHEMICAL FACTORS IN THE THREE-GORGES RESERVOIR REGION

DENG Wen-Na^{1,2}, YU Yu-Hu¹, YAN Qing-Yun^{1,2}, SONG Xiao-Hong^{1,2}, ZHANG Xiang^{1,2} and CHEN Hong-Tao³

(1. *Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072*; 2. *Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039*; 3. *Ocean University of China, Qingdao 266003*)

Abstract Along with the development and progress of society economy, dams have been playing increasingly important roles and so does the Three-Gorges Dam. Inevitably, hydrobiological hydrochemistry and other key physico-chemical factors of water body were altered. In order to evaluate these changes, many pursuers study water quality through bio-detectors and physico-chemical factors. But both of the two methods failed to compare from different studies since different bio-detector and physico-chemical factors were adopted. In this paper, the author tries to probe into a new way through discussing the relationship between DNA structure of plankton community and physico-chemical factors in the Three-Gorges Reservoir region (TGRR).

Random amplified polymorphic DNA (RAPD) was used to analyze DNA structure of plankton community and got the result that 7 locations clustered into 3 groups. Station D and E clustered together at first, then A and C joined in this group. B and F was as another group, and G was different from all the others. While the physico-chemical factors clustering showed that station B and C clustered as a group at first, then adding D into this group. G and F clustered into another group. A and E was other two separated groups. After comparing some stations such as A, C, D and E clustered close in RAPD while were away from each other in physico-chemical factors. On the other hand, B-G and F-G clustered apart from each other while reversed in physico-chemical factors analysis. All the results indicated two possibilities. One was that DNA structure of plankton community under RAPD analysis and physico-chemical factors analysis of water body in the TRGG correlate negatively, the other was because of the instantaneous samples, some natural and artificial factors such as water flow, weather, man-made operations and so on, might affect the experiment results to some extent. Accordingly, new information about physico-chemical factors has been obtained, which is beneficial to affirm relationship of DNA structure of plankton community and physico-chemical factors. Furthermore, it is better for establishing a new assessment system of water quality.

Key words TGRR; Plankton; RAPD; Physico-chemical factors