

doi: 10.13241/j.cnki.pmb.2024.22.003

## 四种功能水体的水质现状以及微生物群落结构分析

万年新<sup>1</sup> 吕媛媛<sup>2</sup> 慈芳芳<sup>1</sup> 卢昊宇<sup>2</sup> 徐爱玲<sup>2</sup> 孙辉<sup>1Δ</sup>

(1 山东省调水工程运行维护中心青岛分中心 山东 青岛 266111; 2 青岛理工大学环境与市政工程学院 山东 青岛 266520)

**摘要 目的:**探究四种不同功能水体--水库、南水北调东线水、海水浴场和海水养殖区域--的水质现状及其微生物群落结构组成。**方法:**对四个水体功能区分别进行采样。通过 16S rRNA 高通量测序技术,结合水质理化指标,分析比较了不同功能水体的水质现状以及微生物群落结构组成差异。**结果:**海水浴场的水质较其他三个水体功能区水质最好,水库中 TN 偏高,南水北调东线水 COD、TN 均较高,海水养殖区域中活性磷酸盐的浓度略高。四个水体功能区中海水浴场的物种丰富度以及物种多样性最高,水库、海水养殖区域的物种丰富度和多样性均较低。细菌群落组成差异主要表现在属水平。水库、南水北调东线水组成较其他两个功能区相似,主要是由于棘洪滩水库的冬季供水仅来源于南水北调东线水。此外海水浴场与海水养殖区域的细菌组成存在差异,水产养殖以及因此导致水质理化因子的改变对两地细菌群落组成差异的影响较大。总氮、总磷为影响细菌群落组成的主要环境因子。**结论:**海水浴场的水质最符合标准,水库、南水北调东线水中 TN 偏高增加水体富营养化的风险需重点关注。蓄水来源、TN、COD 与活性磷酸盐浓度偏高对造成四种功能水体细菌群落组成差异影响较大。

**关键词:**水功能区;高通量测序;环境因子;细菌群落

中图分类号:Q938.1 文献标识码:A 文章编号:1673-6273(2024)22-4214-07

## Analysis of Water Quality Status and Microbial Community Structure in Four Functional Water Bodies

WAN Nian-Xin<sup>1</sup>, LÜ Yuan-yuan<sup>2</sup>, CI Fang-fang<sup>1</sup>, LU Hao-yu<sup>2</sup>, XU Ai-ling<sup>2</sup>, SUN Hui<sup>1Δ</sup>

(1 Qingdao Branch Center, Operation and Maintenance Center of Shandong Water Transfer Project, Qingdao, Shandong, 266111, China;

2 School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao, Shandong, 266520, China)

**ABSTRACT Objective:** To investigate the water quality and its microbial community structure in four different functional water bodies-reservoirs, the South-to-North Water Diversion East Route water, seawater bathing beaches, and seawater aquaculture areas. **Methods:** Sampling was carried out in each of the four functional areas of water bodies. Through 16S rRNA high-throughput sequencing technology, combined with the physical and chemical indicators of water quality, the current status of water quality as well as the differences in the structural composition of microbial communities in different functional water bodies were analysed and compared. **Results:** The water quality of the sea bathing beach was the best compared to the other three water body functional areas, TN was high in the reservoir, COD and TN were higher in the water of the east line of the South-to-North Water Diversion, and the concentration of reactive phosphate was slightly higher in the sea water aquaculture area. Species richness as well as species diversity were highest in the four water body functional areas in the sea bathing area, and lower in the reservoir and mariculture area. Differences in bacterial community composition were mainly at the genus level. Reservoir and South-to-North Water Diversion East Line water compositions were similar compared to the other two functional areas, mainly due to the fact that the winter water supply of the Echinohontan Reservoir only comes from the South-to-North Water Diversion East Line water. In addition there were differences in the bacterial composition between the sea bathing area and the sea water aquaculture area, and aquaculture and the consequent changes in the physicochemical factors of the water quality had a greater impact on the differences in the composition of the bacterial communities in the two areas. Total nitrogen and total phosphorus were the main environmental factors affecting the bacterial community composition. **Conclusions:** The water quality of the sea bathing beaches is the most compliant with the standards, while the high TN in the reservoirs and the water of the South-to-North Water Diversion Eastern Route increases the risk of eutrophication of the water bodies and needs to be focused on. The source of impoundment, high TN, COD and reactive phosphate concentrations have a greater impact on causing differences in the bacterial community composition of the four functional water bodies.

**Key words:** Water functional zones; High-throughput sequencing; Environmental factors; Bacterial community

**Chinese Library Classification(CLC):** Q938.1 **Document code:** A

**Article ID:** 1673-6273(2024)22-4214-07

作者简介:万年新(1967-),男,本科,主要研究方向:水质监测,E-mail:wnianxin@sina.com

Δ 通讯作者:孙辉(1965-),女,正高级工程师,主要研究方向:调水工程及水质分析,E-mail:yh\_gcc@163.com

(收稿日期:2024-04-23 接受日期:2024-05-18)

## 前言

细菌作为水生态系统的重要组成部分<sup>[1]</sup>,在维持水体生态平衡与生物多样性中发挥重要作用。细菌群落对水体污染具有净化作用,同时水质理化因子的改变会直接影响微生物群落的物种丰富度和多样性<sup>[2]</sup>。由于细菌微生物对水体环境的敏感性,细菌常被作为水污染的指示生物,细菌群落的生物量、多样性都可直接反映水体的健康状况<sup>[3]</sup>。因此了解水体中的细菌群落结构组成对于维持水生态系统的健康和稳定至关重要。细菌的多样性和功能也是水生态系统适应性和恢复力的重要保证。不同水体环境中微生物的群落组成是不同的,它们受水体理化性质、生物间相互作用、人类活动以及气候条件等多因素共同影响<sup>[4]</sup>。

自 2014 年开始,引黄济青工程开始与南水北调东线水联合为青岛市棘洪滩调蓄水库供水,棘洪滩水库是青岛市最重要的饮用水水源地。南水北调东线水、棘洪滩水库是作为集中式生活饮用水地表水源地保护区,其细菌群落结构组成与水体自净能力密切相关<sup>[5]</sup>,除此之外还可反映水质状况,因此研究其微生物群落结构组成对饮用水水源地保护以及供水安全具有重要意义。海水浴场作为海陆生态系统过渡带,了解其微生物种类及其分布特征有助于维持和保护海陆生态系统的多样性。同时作为人们休闲娱乐的重要场所,微生物群落中的某些病原微生物可能会对人体健康构成威胁。通过研究微生物群落的组成,可以识别和监测潜在病原微生物,采取预防措施,保障公众健康。鳌山湾为青岛市重要的海水养殖区域,其微生物群落结构组成对养殖物种的健康以及养殖环境具有重要作用。还可以通过细菌群落结构评估人类活动对物种多样性的影响状况。但目前大部分的研究内容主要集中对单个水体功能区细菌群落结构组成以及影响因素,不同功能水体之间的微生物群落结构对比分析数据相对较少,以及造成不同功能水体间微生物群落结构组成差异的原因还缺乏了解。

本文以棘洪滩水库、南水北调东线水、银沙滩和鳌山湾域为研究对象,在水质理化指标的分析基础上,通过高通量测序技术,对比分析不同功能水体的细菌群落组成,探讨不同水体环境对于细菌群落结构的影响。我们将重点关注微生物的物种丰富度、多样性以及与环境因子的关系。通过这些手段,我们希望能够揭示不同功能水体细菌群落组成的差异性,以及这些差异背后的影响因素。此外,本研究还可以为不同功能水体后续的开发利用以及生态保护提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 区域概况

本研究根据水源的不同用途选取四个不同功能水体,分别为水库水、南水北调东线水、海水浴场、海水养殖区域,根据不同功能水体选取合适的采样地点:棘洪滩水库(Y1)、南水北调东线水(Y2)、银沙滩(Y3)、鳌山湾(Y4)。

棘洪滩水库,位处青岛市即墨市、城阳区、胶州市交界处。库区总面积 14.422 平方公里,设计水位为 14.2 米。该水库是引黄济青工程中唯一的调蓄水库,每年计划为青岛市供水为 9000 万立方米。

南水北调东线水,取样点位于山东省滨州市博兴县陈户镇。在小清河分洪道子槽上节制闸处,南水北调东线水的长江水与引黄济青的黄河水混合,随后汇入青岛市棘洪滩水库,共同为青岛市供水。

银沙滩,位于青岛市黄岛区。景区全长 2000 余米,水清滩平,是天然的海水浴场。

鳌山湾,位于青岛市即墨区东部,面积 164 平方公里。环湾岸边滩涂是蛤类、螺、洄游性鱼、虾、蟹产卵、索饵场所,是即墨区重要的海产养殖基地。

### 1.2 样品采集与水质理化指标测定

各采样点分布如图 1 所示,水样于 2024 年 1 月份分别采集。取样器、10L 的聚乙烯水桶预先用采样点的水样进行润洗,然后在所设置的取样点采集样品。

采用哈希 HQ40d 便携式多参数水质分析仪现场测定水温、溶解氧、pH 值,哈希 2100P 浊度仪现场测定水质浊度,其他水质指标在实验室分析测定。碱性过硫酸钾消解-紫外分光光度法测定水质总氮(GB 11894-89);钼酸铵分光光度法测定水质总磷(GB 11893-89);紫外分光光度法测定淡水硝态氮(HJ/T 346-2007),海水的硝态氮使用镉柱还原法测得(GB 17378.4-2007);N-(1-萘基)-乙二胺分光光度法测定水质亚硝态氮(GB 7493-87);碱性高锰酸钾法测定海水化学需氧量(GB 17378.4-2007);纳氏试剂分光光度法测定淡水水质中的氨氮(HJ 535-2009);次溴酸盐氧化法测定海水水质中的氨氮(GB 17378.4-2007);磷钼蓝分光光度法测定海水中的活性磷酸盐(GB 17378.4-2007);铬酸钼分光光度法测定淡水中的硫酸盐(HJ/T 342-2007)。各项理化指标均做 3 组平行。

### 1.3 细菌多样性分析

用 0.22 微米的混合纤维滤膜对样品抽滤收集浮游微生物,将抽滤后的滤膜放入 50 mL 的无菌管中在 -20℃ 下贮存,然后送至上海美吉生物医药科技有限公司对其进行 DNA 提取以及高通量测序,测序平台为 Illumina MiSeq。

### 1.4 数据分析与处理

水样的理化指标使用 SPSS 27.0 软件进行单因素方差分析。微生物群落结构分析通过美吉生信云平台(<https://cloud.majorbio.com>)对 DNA 的测序数据进行优化,去除没有重复的单序列,按照 97%相似性对非重复序列进行 OTU 聚类,聚类过程中去除嵌合体,得到 OTU 的代表序列。随后通过云平台计算物种的丰富度(Chao1 指数、Ace 指数)以及物种多样性指数(Shannon 指数、Simpson 指数),在门水平和属水平分别进行物种组成分析以及主坐标分析(PcoA)。使用 Canoco5.0 软件进行冗余分析(RDA)。

## 2 结果

### 2.1 水质理化性质

各取样点水质理化指标见表 1。棘洪滩水库、南水北调东线水作为生活饮用水水源,硫酸盐与硝态氮浓度均满足 GB 3838-2002 集中式生活饮用水补充标准。根据《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002)对水质的要求,两地的总磷(TP)、溶解氧(DO)均满足 I 类水要求,氨氮达到 II 类水标准,总氮(TN)超过 V 类水限值。南水北调东线水的化学需氧量(COD)浓度接近

IV类水限值,棘洪滩水库的 COD 满足 I 类水要求。银沙滩与鳌山湾根据《海水水质标准》(GB 3097-1997) 对海水水质的分类,各指标应满足 II 类水要求。两地水样中的 DO、COD、无机

氮以及银沙滩的活性磷酸盐均达到了目标标准,鳌山湾的活性磷酸盐未达到 II 类水要求。

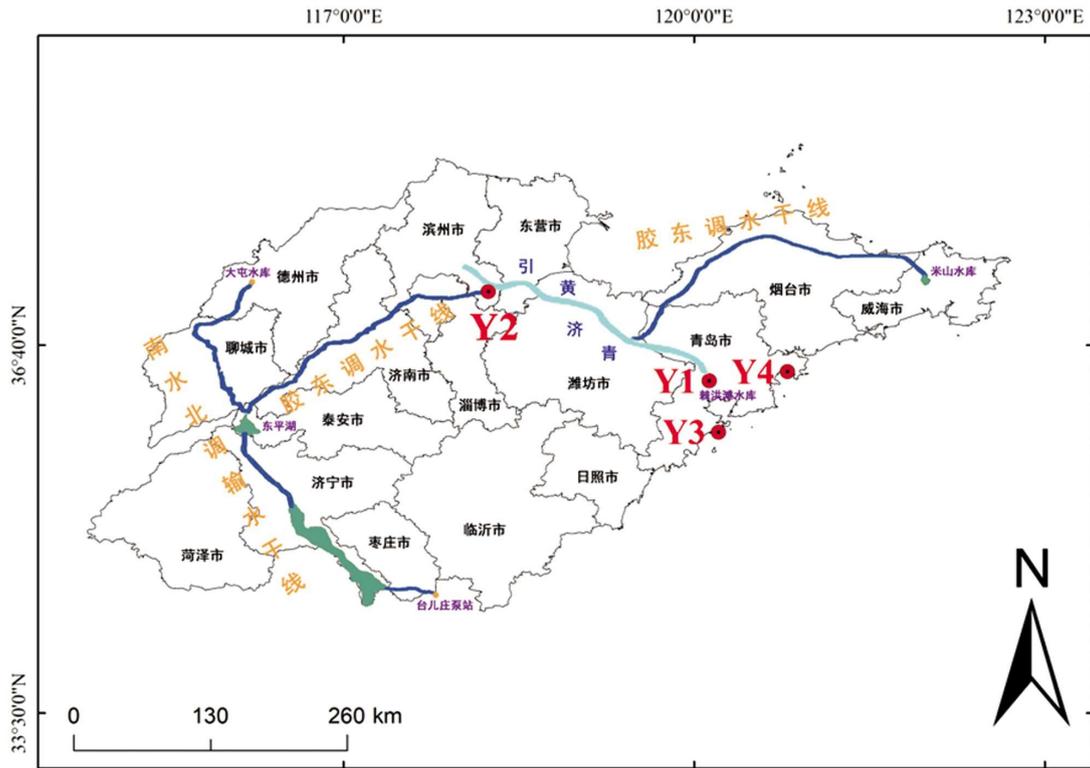


图 1 采样点位置示意图

Fig.1 Schematic diagram of sampling point locations

表 1 水样的理化指标

Table 1 Physical and chemical properties of water samples

	Y1	Y2	Y3	Y4
WT/°C	4.44± 0.05	5.77± 0.06	5.43± 0.03	4.88± 0.05
pH	8.33± 0.11	8.32± 0.10	8.26± 0.08	8.14± 0.10
Tur/NTU	1.56± 0.29	4.12± 0.43	0.44± 0.15	1.27± 0.12
DO/(mg·L <sup>-1</sup> )	13.74± 0.13	11.58± 0.20	12.63± 0.25	12.12± 0.18
COD/(mg·L <sup>-1</sup> )	9.72± 0.31	20.09± 0.22	1.27± 0.13	2.56± 0.16
TP/(mg·L <sup>-1</sup> )	0.02± 0.01	0.01± 0.01	0.02± 0.01	0.03± 0.01
PO <sub>4</sub> <sup>3-</sup> /(mg·L <sup>-1</sup> )	-	-	0.02± 0.00	0.03± 0.01
TN/(mg·L <sup>-1</sup> )	2.01± 0.11	1.50± 0.03	0.56± 0.02	0.79± 0.02
DIN/(mg·L <sup>-1</sup> )	-	-	0.12± 0.03	0.20± 0.03
NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> /(mg·L <sup>-1</sup> )	0.20± 0.03	0.30± 0.03	-	-
NO <sub>2</sub> -N/(mg·L <sup>-1</sup> )	0.01± 0.00	0.01± 0.00	-	-
NO <sub>3</sub> -N/(mg·L <sup>-1</sup> )	1.54± 0.12	0.90± 0.07	-	-
SO <sub>4</sub> <sup>2-</sup> /(mg·L <sup>-1</sup> )	203.77± 2.19	223.48± 3.48	-	-

## 2.2 微生物群落结构分析

2.2.1 微生物群落的 Alpha 多样性分析 微生物群落的 Alpha 多样性指数如表 1 所示,经过 Miseq 测序,每个样品挑取 244

171 条优质序列进行分析,在相似性 97%的水平上对优质序列进行聚类分析,统计各水样样品在不同 OTU 中的丰度信息,4 个样品共得到 2752 个 OTU。其中 Y1、Y2、Y3、Y4 四组样品中

包含的 OTU 数目分别为 406、987、1800、617，Y3 样品中 OTU 数目最多，为 1800 个，占比为 65.45%。Y1 样品中 OTU 数目最少，为 406 个，占比为 14.76%。如图 2 所示，Y1、Y2、Y3、Y4 四组样品共有的 OTU 为 50 个，占比为 1.82%。Y1、Y2、Y3、Y4 四组样品特有的 OTU 分别为 75、485、1153、189，其中 Y3 独有的 OTU 最多，OTU 丰度分布越均匀，预示着生物多样性指数就越高。测序深度的覆盖度均在 97%以上，表明测序结果可靠，能够

较为真实、准确的描述出样本的微生物群落信息。Ace 指数与 Chao1 指数反映微生物群落丰富度，两者值越大物种丰富度越高。Ace 指数与 Chao1 指数表现出相同的趋势，因此 4 个取样点的物种丰富度 Y3>Y2>Y4>Y1。香农指数与辛普森指数反映微生物群落多样性，香农指数越大物种多样性越高，辛普森指数越小物种多样性越高。因此物种多样性 Y3>Y2>Y1>Y4，上述结果表明 Y3 的物种丰富度与多样性最高。

表 2 Alpha 多样性指数统计

Table 2 Statistical table of Alpha diversity index

Sampling site	Sequence number	Coverage/%	Ace	Chao1	Shannon	Simpson	OTU
Y1	57445	99.88	440.69	434.62	4.39	0.0215	406
Y2	64764	99.73	1052.89	1026.08	4.80	0.0231	987
Y3	58324	99.82	1831.14	1807.56	5.69	0.0141	1800
Y4	63638	99.77	687.20	664.82	3.95	0.0497	617

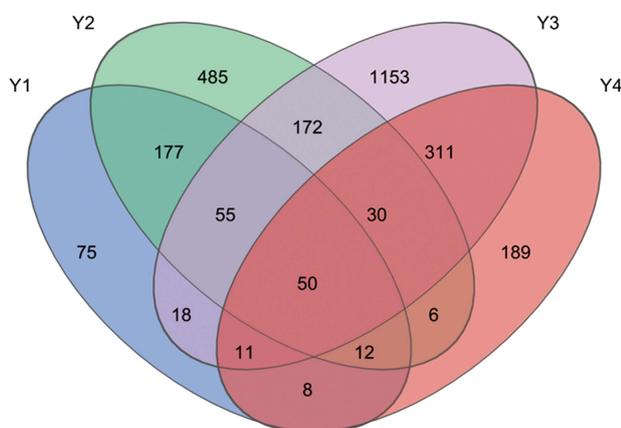


图 2 OTU 分布维恩图

Fig.2 Venn diagram of OTU distribution

2.2.2 微生物群落结构组成分析 高通量测序结果表明，从四个样点获取的 2752 个 OTU，其中包括 44 个门、122 个纲、296 个目、491 个科以及 959 个属。在 Y1 样点检测出 20 门，Y2 样点检测出 33 门，Y3 样点检测出 37 门，Y4 样点检测出 19 门，四个样点共有 14 门。图 3 展示了按照相对丰度大于 0.1% 的原则，门水平上共筛选出 10 种优势菌门。变形菌门 (*Proteobacteria*) 在 Y2、Y3、Y4 样点均为最优菌门，占比约为 42.30%~64.55%，*Proteobacteria* 为 Y1 样点的第二优势菌门，占比为 28.12%。Y1 样点的最优菌门为放线菌门 (*Actinobacteriota*) 占比为 32.32%，其余优势菌门依次为 *Proteobacteria*、拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、蓝藻门 (*Cyanobacteria*)。四种菌门相对丰度达 97.12%，Y1 样点的群落组成主要以这四种为主。Y2 除 *Proteobacteria* 外，其他物种相对丰度较高的还有 *Bacteroidota*、*Actinobacteriota*。Y3 样点的物种组成占比较高的菌门相对其他样点略多，包括 *Proteobacteria*、*Bacteroidota*、*Actinobacteriota*、*Cyanobacteria*、厚壁菌门 (*Firmicutes*)，共同占比为 86.60%。Y4 则主要以 *Proteobacteria*、*Bacteroidota*、*Cyanobacteria* 为主，相对丰度为 93.53%。综上所述，*Proteobacteria*、*Bacteroidota*、*Actinobacteriota*、*Cyanobacteria* 四种菌门在四个采样点中的相对丰度最高，占比约为 87.66%~97.60%。因此四个功能区在门水

平上的细菌群落组成基本相似。

属水平上如图 4 所示，优势菌挑选出 *norank\_f\_norank\_o\_chloroplast*、*Oleispira*、*hgcI\_clade*、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、*Sulfitobacter*、*Perluclidibaca*、*CL500-29\_marine\_group*、*Zhongshania*、*norank\_f\_norank\_o\_PeM15*、*YooniaLokt-anella* 十种。*norank\_f\_norank\_o\_chloroplast* 在四个水体功能区均有分布，*hgcI\_clade*、*Flavobacterium*、*CL500-29\_marine\_group*、*norank\_f\_norank\_o\_PeM15* 四种菌属主要分布在 Y1、Y2 样点，*Perluclidibaca* 则主要存在于 Y2 样点。*Sulfitobacter*、*Yoonia-Loktanelle* 主要分布在 Y3、Y4 样点，*Oleispira*、*Zhongshania* 主要分布在 Y4 样点。综上所述，Y1、Y2 在属水平上的细菌群落组成仍然基本相似，与 Y3、Y4 样点在属水平上的物种的差异较大。

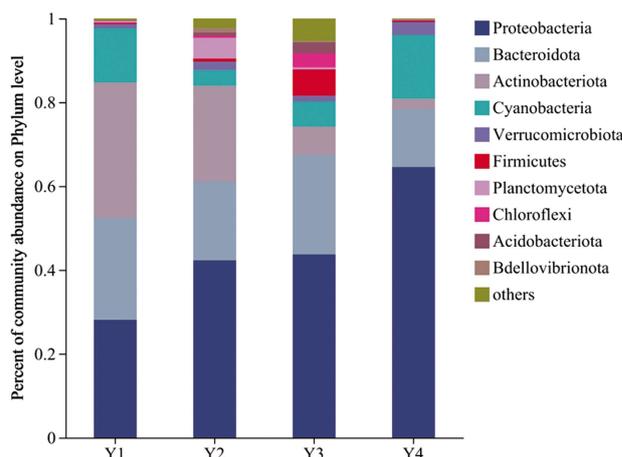


图 3 细菌门水平群落结构组成

Fig.3 Bacterial community structure composition at the phylum level

2.2.3 微生物群落的相似性分析 对 OTU 水平的微生物群落结构进行 PCoA 分析，分析结果如图 5 所示。由图可知，PCoA 第一主成分 (PC1) 对各样本物种差异的解释度为 61.70%，第二主成分 (PC2) 对各样本物种差异解释度为 28.05%，共占 89.75%，说明能够充分描述微生物群落实际的差异性和相似

性。由图分析可知, Y1、Y2 样点物种相似性较高, 与 Y3、Y4 物种差异度均较大。且 Y3、Y4 两个采样点分布在不同象限, 表明物种差异也较大。

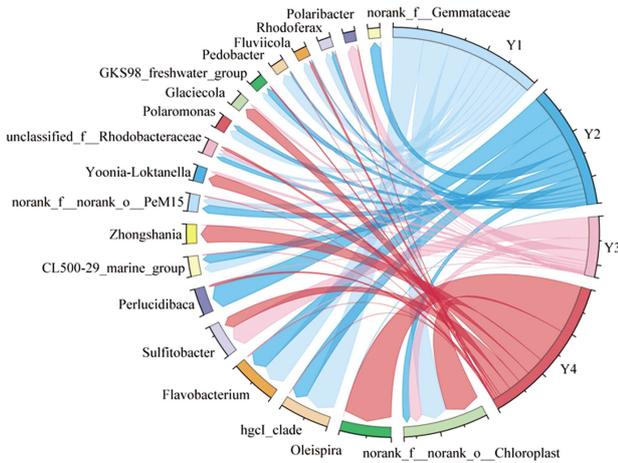


图 4 细菌属水平群落结构 Circos 分析

Fig.4 Circos analysis of the bacterial community structure at the genus level

**2.2.4 微生物群落与环境因子相关性分析** 利用 Canoco 5.0 软件对 4 个采样点微生物的门分类水平物种丰度进行除趋势对应分析 (Detrended Correspondence Analysis, DCA), 结果显示 4 个轴中的特征值最大值为 2.74, 小于 3.0, 因此线性模型中的冗余分析 (RDA) 能够更好的描述微生物群落优势菌门与环境因子的关系。

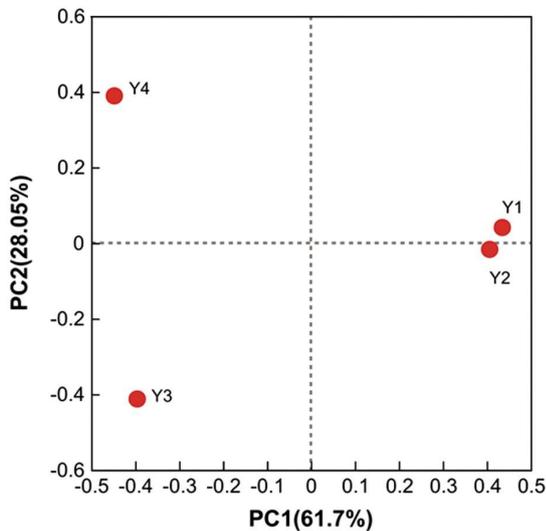


图 5 不同水体功能区微生物群落的主坐标分析

Fig.5 Principal coordinates analysis of bacterial communities in functional zones of different water body

### 3 讨论

水质理化指标是评估水体健康状况的重要参数。本研究因取样时间相近, 四个取样点的水温无明显差异。pH 均大于 7, 水体呈弱碱性。根据各温度下的饱和溶解氧值, 由表 2 数据可知, 四个样点中 Y2、Y4 样点的 DO 低于饱和溶解氧值, 分别为 11.58 mg · L<sup>-1</sup>、12.12 mg · L<sup>-1</sup>。Diaz 等<sup>[5]</sup>研究发现, DO 与有机

污染物的浓度有关, 因此 Y2、Y4 样点的低溶解氧则可能表明水体中的有机污染物浓度偏高。Y2 样点的 COD 值 (20.09 ± 0.22) 接近 IV 类水限制, 这与董贯仓等<sup>[6]</sup>研究发现南水北调东线工程在冬季时 COD 较高的结果一致。Y1、Y2 两个功能区的 TN 均超过 V 类水限制, 棘洪滩水库的冬季蓄水主要源自南水北调东线水<sup>[7]</sup>; TN 中主要以硝酸盐氮为主, 长江水中的无机氮浓度偏高, 可能是造成两地 TN 过高的主要原因; 同时南水北

境因子的关系。门水平的 RDA 结果显示 (图 6), 第一排序轴与第二排序轴对微生物群落优势菌门的解释度分别为 83.05%、11.45%, 总解释度为 94.50%。TN 是对水样中门水平的微生物群落结构影响最大的环境因子。环境因子箭头连线与优势菌门箭头连线的夹角为锐角时, 二者呈正相关, 角度越小, 相关性越大。反之, 夹角为钝角时呈负相关。夹角为直角时, 二者没有相关性。因此 *Bacteroidota*、酸杆菌门 (*Actinobacteriota*)、浮霉菌门 (*Planctomycetota*) 与环境因子 TN 呈正相关, *Actinobacteriota* 与 TN 的相关性最强。 *Bacteroidota*、*Actinobacteriota*、*Planctomycetota*、*Cyanobacteria* 与 COD 呈正相关。 *Proteobacteria*、疣微菌门 (*Verrucomicrobiota*)、*Acidobacteriota*、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、*Firmicutes* 则与 TN、COD 呈负相关。 *Proteobacteria*、*Verrucomicrobiota*、*Cyanobacteria* 与 TP 呈正相关, 其余优势菌门均与其呈负相关。

属水平的 RDA 结果显示 (图 7), 第一排序轴与第二排序轴对微生物群落优势菌门的解释度分别为 67.15%、22.22%, 总解释度为 89.37%。对水样中属水平的微生物群落结构影响最大的环境因子是 TP。 *Sulfitobacte*、*Oleispira*、*Zhongshania*、*Yoonia-Loktanelia*、*norank\_f\_norank\_o\_chloroplast* 与其呈正相关, 与 TN、COD 呈负相关。 *Zhongshania* 与 TP 的相关性更强。 *hgcI-clade*、*Flavobacterium*、*CL500-29\_marine\_group*、*Perlu cidibaca*、*norank\_f\_norank\_o\_PeM15* 与环境因子 COD、TN 呈正相关, 与 TP 呈负相关。 *norank\_f\_norank\_o\_PeM15* 与 COD 的相关性更大, *hgcI-clade* 与 TN 的相关性更大。

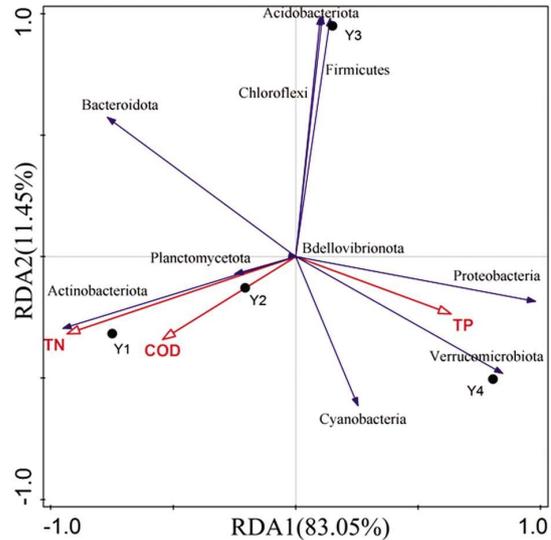


图 6 细菌门水平群落和环境因子的冗余分析

Fig.6 Redundancy analysis (RDA) of bacterial communities and environmental factors at the phylum level

污染物的浓度有关, 因此 Y2、Y4 样点的低溶解氧则可能表明水体中的有机污染物浓度偏高。Y2 样点的 COD 值 (20.09 ± 0.22) 接近 IV 类水限制, 这与董贯仓等<sup>[6]</sup>研究发现南水北调东线工程在冬季时 COD 较高的结果一致。Y1、Y2 两个功能区的 TN 均超过 V 类水限制, 棘洪滩水库的冬季蓄水主要源自南水北调东线水<sup>[7]</sup>; TN 中主要以硝酸盐氮为主, 长江水中的无机氮浓度偏高, 可能是造成两地 TN 过高的主要原因; 同时南水北

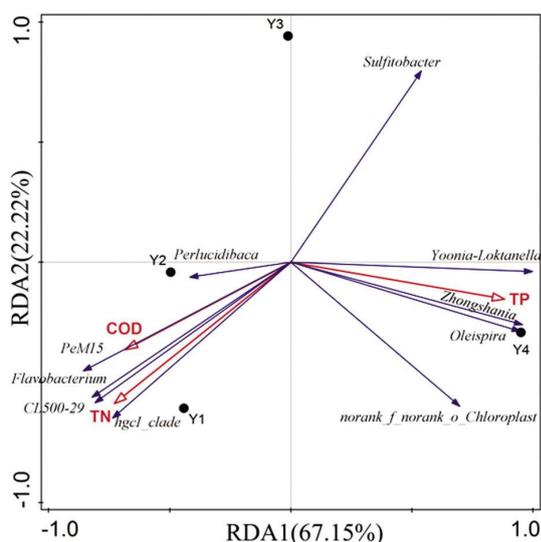


图7 细菌属水平群落和环境因子的冗余分析

Fig.7 Redundancy analysis(RDA) of bacterial communities and environmental factors at the genus level

调东线工程受上游流域工业污染以及农业用水的影响,也会导致干渠内 TN 偏高;在近海岸网箱养殖过程中,养殖高峰期水体中磷的含量会出现较大值。Y4 作为海水养殖区域,养殖物种排泄物或投加饵料等原因均会造成水体中活性磷酸盐含量升高。

Alpha 多样性分析是反映群落结构和功能特征的重要指标,四种指数分析表明不同功能区细菌群落的物种丰度与多样性是不同的。Y3 样点的物种丰富度与多样性均表现为最高(表 2),海洋的潮汐作用可能是导致该地物种丰度以及多样性偏高主要原因<sup>[8]</sup>;潮汐作用还可将营养物质输送到近海岸潮汐间区域,促进微生物的生长。Y4 样点的物种丰富度与物种多样性均较低,研究表明水产养殖会对水体微生物群落产生影响<sup>[9]</sup>,其中由养殖造成的环境因子的变化是影响海洋微生物群落结构的关键因素<sup>[10]</sup>,可能由于活性磷酸盐浓度偏高造成物种丰富度以及多样性降低。此外不同程度的人类干预也会对水体中细菌群落结构产生影响。南水北调工程作为大规模的跨区域调水工程,调水沿线水体交换频繁,同时流域内受到多重人类活动的影响,如农业用水、工业污染等<sup>[11,12]</sup>。因此调水沿线水体(Y2)和受水地区(Y1)的生态系统受这些因素的影响,导致物种丰富度与物种多样性偏低。

四个功能区的细菌群落结构组成在门水平上较为相似,主要以 *Proteobacteria*、*Bacteroidota*、*Actinobacteriota*、*Cyanobacteria* 为主,其他水体研究也得出了类似的结论<sup>[13]</sup>。*Proteobacteria* 作为细菌中最大的主体,对水体环境中细菌结构组成至关重要<sup>[14]</sup>。*Proteobacteria* 在有机物降解中起重要作用,主导反硝化作用<sup>[15]</sup>。水产养殖导致水体中有机物浓度偏高,可能是造成 Y4 样点 *Proteobacteria* 的相对丰度高于其他样点的主要原因。*Bacteroidota* 主要是降解纤维素、果胶等碳水化合物,以此参与碳循环过程以及能量流动。*Cyanobacteria* 丰富度较高的水体通常预示着水体中 N、P 含量过高,Y1、Y4 样点 *Cyanobacteria* 的相对丰度较高,此与水质理化指标分析的结果一致。*Actinobacteriota* 是典型的淡水菌<sup>[16]</sup>,因此在 Y3、Y4 海水水体中的

相对丰度不高;有研究发现,*Actinobacteriota* 适宜生长在水质较好的环境中,在淡水水体中可能是 Y1 样点的 COD 低于 Y2,导致 *Actinobacteriota* 相对丰度偏高。*Chloroflexi* 常见于污泥絮体内部,Kragelund 等<sup>[17]</sup>通过对活性污泥中的 *Chloroflexi* 研究发现,此菌与生物除磷有关。Y2、Y3 两地总磷含量不高可能与 *Chloroflexi* 有关。

Hosokawa 等<sup>[18]</sup> 研究发现 *hgcI\_clade*、*CL500-29\_marine\_group* 广泛分布于淡水,本研究与其得出相似的结果。有研究发现 *hgcI\_clade* 与氮循环途径中的反硝化与固氮作用有关<sup>[19]</sup>。Ghylin T W 等<sup>[20]</sup>研究发现 *hgcI\_clade* 对碳水化合物具有很强的吸附能力,能够耐受低 DO 环境<sup>[21]</sup>,并且可以在低温状态下利用低浓度的溶解性有机碳<sup>[22]</sup>。*CL500-29\_marine\_group* 被发现可以利用多种形式的碳化合物。冗余分析(RDA)结果显示,*hgcI\_clade*、*CL500-29\_marine\_group* 与 TN 呈正相关,因此两种优势属主要分布在 TN 含量偏高的 Y1、Y2 样点。同时还发现 *norank\_f\_norank\_o\_PeM15*、*Flavobacterium* 也主要存在于 Y1、Y2 淡水功能区且与 TN 呈正相关。*Flavobacterium* 擅长分解大分子有机颗粒物,它被认为参与硝化作用和潜在的脱氮能力。*Sulfitobacter* 是一类可以利用硫化物作为能量来源的生物,主要分布在 Y3、Y4 样点参与海洋硫循环。研究发现近岸海水养殖对海水沉积物中的细菌群落组成以及功能具有显著影响<sup>[23]</sup>,因此 Y4 样点的 *Oleispira* 的相对丰度显著高于 Y3 样点可能与鳌山湾沿岸的海产养殖有关。因此属水平上四个功能区的细菌群落组成存在显著差异,主要表现为 Y1、Y2 样点的物种组成相似,与 Y3、Y4 两地的物种组成存在显著差异。Y3、Y4 两功能区随同为自然海水,因水生环境与后续行使功能不同属水平的细菌群落组成也存在差异。

环境因子对微生物的群落结构组成具有重要影响。通过冗余分析(RDA)可知,对四个水体功能区影响最大的环境因子为 TN、TP, TN 过高会导致 *Cyanobacteria* 大量繁殖,压缩其他细菌的生存空间降低两个功能区水体的物种多样性。同时 TN 过高还可能会引起水体富营养化,降低微生物的多样性,导致 Y1、Y2 两地的物种丰富度与物种多样性下降。有研究表明,海水养殖区域的总磷(TP)和盐度是影响表层水体微生物群落结构的重要因子<sup>[24]</sup>。可能是由于海产养殖导致活性磷酸盐含量升高,造成 Y4 样点的生物多样性降低。因此 TN 是通过影响优势菌属的相对丰度进一步影响细菌群落组成。

#### 参考文献(References)

- [1] 胡安谊,李姜维,杨晓永,等.宁波三江口水域原核生物群落结构分析[J].环境科学,2015,36:2487-2495.
- [2] 陈兆进,丁传雨,朱静亚,等.丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J].中国环境科学,2017,37:336-344.
- [3] Bourhane Z, Lanzén A, Cagnon C, et al. Microbial diversity alteration reveals biomarkers of contamination in soil-river-lake continuum[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 421: 126789.
- [4] 彭柯,董志,邱琰茗,等.基于 16S rRNA 高通量测序的北运河水体及沉积物微生物群落组成对比分析[J].环境科学,2021,42:5424-5432.
- [5] Diaz R J, Rosenberg R. Spreading dead zones and consequences for marine ecosystems[J]. Science, 2008, 321: 926-929.

- [6] 董贯仓, 冷春梅, 丛旭日, 等. 南水北调东线工程运行3年后东平湖浮游植物群落特征及环境驱动因子[J]. 湖泊科学, 2022, 34: 61-73.
- [7] 丁宁, 杨莹莹, 万年新, 等. 调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素[J]. 环境科学, 2023, 44: 1484-1496.
- [8] 张胜东, 王勋功, 甄毓. 潮汐作用对滨海浅层地下水中细菌群落结构的影响[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2021, 51: 89-96.
- [9] 梁川, 周利, 邓洁, 等. 渔业养殖对水体和沉积物细菌群落结构及分子生态网络特征的影响[J]. 环境科学学报: 1-15.
- [10] Lu H-P, Yeh Y-C, Shiah F-K, et al. Evolutionary constraints on species diversity in marine bacterioplankton communities [J]. The ISME Journal, 2019, 13: 1032-1041.
- [11] Guo C B, Chen Y S, Gozlan R E, et al. Patterns of fish communities and water quality in impounded lakes of China's south-to-north water diversion project[J]. Science of the Total Environment, 2020, 713.
- [12] Qu X, Chen Y S, Liu H, et al. A holistic assessment of water quality condition and spatiotemporal patterns in impounded lakes along the eastern route of China's South-to-North water diversion project[J]. Water Research, 2020, 185.
- [13] 王森, 陈建文, 张红, 等. 毫清河水体细菌群落的结构和分布特征[J]. 环境科学, 2023, 44: 2113-2121.
- [14] Padhy S, Bhattacharyya P, Nayak S, et al. A unique bacterial and archaeal diversity make mangrove a green production system compared to rice in wetland ecology: A metagenomic approach[J]. Science of The Total Environment, 2021, 781: 146713.
- [15] Yang Z, Zhou Q, Sun H, et al. Metagenomic analyses of microbial structure and metabolic pathway in solid-phase denitrification systems for advanced nitrogen removal of wastewater treatment plant effluent: a pilot-scale study[J]. Water Research, 2021, 196: 117067.
- [16] Wang P, Chen B, Yuan R, et al. Characteristics of aquatic bacterial community and the influencing factors in an urban river[J]. Science of the Total Environment, 2016, 569: 382-389.
- [17] Kragelund C, Caterina L, Borger A, et al. Identity, abundance and ecophysiology of filamentous Chloroflexi species present in activated sludge treatment plants [J]. FEMS microbiology ecology, 2007, 59: 671-682.
- [18] Hosokawa S, Kuroda K, Narihiro T, et al. Cometabolism of the superphylum Patescibacteria with anammox bacteria in a long-term freshwater anammox column reactor[J]. Water, 2021, 13: 208.
- [19] Ruprecht J, Birrer S, Dafforn K, et al. Wastewater effluents cause microbial community shifts and change trophic status [J]. Water research, 2021, 200: 117206.
- [20] Ghylin T W, Garcia S L, Moya F, et al. Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the fresh water actinobacteria lineage[J]. The ISME journal, 2014, 8: 2503-2516.
- [21] Liu J, Fu B, Yang H, et al. Phylogenetic shifts of bacterioplankton community composition along the Pearl Estuary: the potential impact of hypoxia and nutrients [J]. Frontiers in microbiology, 2015, 6: 122282.
- [22] 李建柱, 侯杰, 张鹏飞, 等. 空心菜浮床对鱼塘水质和微生物多样性的影响[J]. 中国环境科学, 2016, 36: 3071-3080.
- [23] Shi R, Han T, Huang H, et al. The extent and pattern of mariculture impacts on spatial and seasonal variations of sediment bacterial communities among three coastal waters [J]. Frontiers in Marine Science, 2022, 9: 782456.
- [24] 胡晓娟. 广东典型海域微生物群落特征分析 [D]. 广东: 暨南大学, 2013.