

条子泥垦区养殖尾水净化河道的细菌群落结构及其与环境因子的关系

王雪峰, 刘文畅, 樊利鹏, 谭洪新, 罗国芝, 孙大川

Bacterial community structure and its relationship with environmental factors in the purification channel of aquaculture Tailwater in Tiaozini Reclamation Area

WANG Xuefeng, LIU Wenchang, FAN Lipeng, TAN Hongxin, LUO Guozhi, SUN Dachuan

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12024/jsou.20220103678>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

罗非鱼养殖池塘水和表层沉积物中蓝藻的群落结构及影响因素研究

Community structure of cyanobacteria in water and surface sediment of tilapia ponds and the influencing factors

上海海洋大学学报. 2017, 26(6): 844 <https://doi.org/10.12024/jsou.20170301998>

大型海藻对海水水族箱生态微宇宙结构及稳定性的影响

Effects of macroalgae on the ecological microcosm's structure and stability of aquarium

上海海洋大学学报. 2022, (2): 421 <https://doi.org/10.12024/jsou.20210203299>

稻蟹共作与蟹单作模式下中华绒螯蟹肠道及养殖环境细菌群落组成比较

A comparative study of microbiota from the intestine of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) and their culture environment, between rice-crab co-culture and crab monoculture models

上海海洋大学学报. 2017, 26(5): 682 <https://doi.org/10.12024/jsou.20170301999>

上海市环城绿带休憩型河道浮游植物群落结构特征

Structural characteristics of phytoplankton community in suburb rivers for leisure located in Green belt around City of Shanghai, China

上海海洋大学学报. 2020, 29(5): 734 <https://doi.org/10.12024/jsou.20200302960>

凡纳滨对虾养殖池塘及外河道中后生浮游动物群落结构差异及其影响因素

Differences in metazooplankton community structure and its influencing factors in *Litopenaeus vannamei* aquaculture ponds and outer channels

上海海洋大学学报. 2022, 31(5): 1120 <https://doi.org/10.12024/jsou.20220503874>

文章编号: 1674-5566(2023)01-0150-13

DOI:10.12024/jso.20220103678

条子泥垦区养殖尾水净化河道的细菌群落结构及其与环境因子的关系

王雪峰^{1,2}, 刘文畅^{1,2}, 樊利鹏³, 谭洪新^{1,2}, 罗国芝^{1,2}, 孙大川^{1,2}

(1. 上海海洋大学上海水产养殖工程技术研究中心, 上海 201306; 2. 上海市水产动物良种创制与绿色养殖协同创新中心, 上海 201306; 3. 江苏省沿海开发有限公司, 江苏 东台 224200)

摘要: 监测条子泥垦区养殖尾水净化河道内的水体和沉积物, 以探究河道内的细菌群落结构及与环境因子的关系。结果表明, 河道内水质在不同月份间的差异显著, 沉积物的理化性质在不同位点间的差异显著。依总氮(TN)和总磷(TP)判断, 河道水体处于富营养化水平, 但满足江苏省池塘养殖尾水排放二级标准。碳酸氢钠可提取磷(Olsen-P)表明沉积物不处于高营养水平。水体和沉积物中细菌群落组成的变化同理化性质一致, 两环境中细菌群落的多样性、丰富度和组成均存在显著差异。蓝细菌门(Cyanobacteria)是水中的优势菌门之一, 在 9 月份水体中的相对丰度高达 39.33%。蓝细菌属(*Cyanobium_PCC-6307*)在水体(13.34%)和沉积物(8.15%)中均占据最高丰度, 对细菌群落的影响最大。水体中水温(T)、TN、可溶性活性磷酸盐(SRP)和高锰酸盐指数(COD_{Mn})与细菌群落显著相关($P < 0.05$)。除 TN 外, 其余 3 项指标均与蓝细菌属呈正相关。沉积物中水溶性磷(WSP)、易解析磷(RDP)和总碳(TC)与细菌群落显著相关, WSP 和 RDP 与蓝细菌属呈正相关。应加强对养殖尾水中磷的控制, 以限制蓝细菌属在河道中的富集。本研究为沿海垦区水产养殖的尾水调控和健康发展提供了参考。

关键词: 养殖尾水; 净化河道; 细菌群落; 沉积物; 沿海垦区

中图分类号: S 949 **文献标志码:** A

近年来, 我国沿海池塘养殖面积迅速扩大, 水产养殖已成为沿海地区土地复垦的重要途径之一^[1]。然而, 随着产业的发展和经济效益的提高, 沿海自然栖息地遭到破坏、原生湿地萎缩或消失等一系列问题随之出现^[2]。许多水产养殖系统会产生大量富含氮、磷和有机的废水, 对外排放到河流、湖泊和海洋中^[3]。由于承受能力有限, 大量的养分在受纳水域中积累并最终导致生态失衡^[4-5]。条子泥垦区为江苏省代表性的垦区之一, 自 2014 年开发至今, 内部条南片区已累计开垦池塘约 1 000 hm²。目前, 片区所有的池塘养殖尾水均经由一排水河道向外排出, 并依赖河道自身的生态系统进行水质净化。然而, 在尾水的长期作用下, 河道内的生态环境如何尚未进行过研究。

作为河流系统的两个重要组成, 水体和沉积物之间紧密联系。水系中的污染物可通过交换

反应在固相和液相间迁移, 水溶性污染物可转为固相向沉积物中沉积, 沉积物中污染物又会重新释放影响上覆水体水质^[6-7]。细菌在水和沉积物间的物质循环和能量流动中起关键作用^[8], 其不仅参与有机物的生产和分解, 还有助于水生生态系统的养分循环^[9-10]。本研究采用 16S rRNA 高通量测序技术, 对条子泥垦区池塘养殖尾水净化河道内的环境因子和细菌群落进行研究, 可为我国沿海垦区的水产养殖尾水治理提供参考。

1 材料与方法

1.1 采样地点和方法

试验点位于江苏省东台市条子泥垦区条南片区(32°45'25"N, 120°56'0"E)。2020 年 9 月, 片区实际养殖水面约 800 hm²。各养殖池塘排放的尾水经 3 条东西走向的排水渠汇入净化河道, 并经由河道由北向南流入黄海。河道全长约 4.2

收稿日期: 2022-01-07 修回日期: 2022-02-22

基金项目: 上海水产养殖工程技术研究中心能力提升项目(19DZ2284300)

作者简介: 王雪峰(1997—), 男, 硕士研究生, 研究方向为循环水养殖工程和技术。E-mail: xfwang1997@163.com

通信作者: 谭洪新, E-mail: hxtan@shou.edu.cn

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

km,水面最窄处约 100 m,最宽处可达 600 m 以上。根据 3 个排水渠的汇入点,将河道划分为 3 段,每段选取中间位置结合入海闸口设立 4 个取样点(图 1)。分别于 2020 年 9 月 1 日、2020 年 11 月 7 日和 2021 年 1 月 4 日使用有机玻璃采水器 and 抓斗式采泥器采集河道内表层水体(0 ~ 50

cm)和表层沉积物(0 ~ 10 cm),每个采样点随机采集 3 ~ 4 个样本进行混合。在样本编号中,首字母 W 和 S 分别代表水体和沉积物,第二位字母 S、N 和 J 分别代表 9 月、11 月和 1 月,第三位数字代表采样点序号。

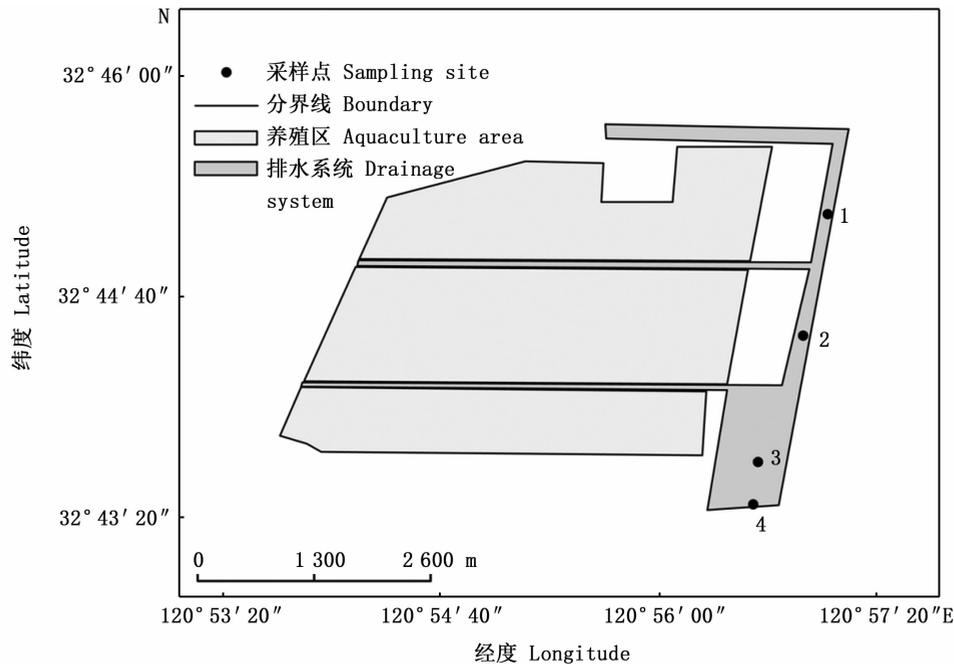


图 1 河道内采样点的分布

Fig. 1 Distribution of sampling sites in the channel

1.2 水和沉积物的质量参数

利用便携式多参数水质测量仪 (Multi 3430, 德国 WTW 公司)测定水体的 pH、溶解氧 (DO)、盐度 (SAL) 和水温 (T)。水体的总氮 (TN)、总磷 (TP) 和高锰酸盐指数 (COD_{Mn}) 分别采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法、过硫酸钾消解-钼锑抗分光光度法和酸性高锰酸盐指数法直接测定^[11]。水样经滤膜 (0.45 μm) 抽滤后,分别采用紫外分光光度法和钼锑抗分光光度法测定硝态氮 ($\text{NO}_3^- \text{-N}$) 和可溶性活性磷酸盐 (SRP)。叶绿素 a (*Chl. a*) 采用丙酮分光光度法测定^[12]。水样经滤膜 (0.45 μm) 抽滤后,测定硝态氮 ($\text{NO}_3^- \text{-N}$) 和可溶性活性磷酸盐 (SRP)。沉积物样本经冷冻干燥后,研磨过 100 目筛网。沉积物 pH 按照泥水质量比 1:2.5 混合后测定,总氮和总碳 (TC) 用元素分析仪 (Elementer Vario Max, 德国) 测定,总磷按 SMT 方法测定^[13]。沉积物中氨氮 ($\text{NH}_4^+ \text{-N}$)、 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 使用氯化钾溶液浸提后测定^[14-15],使

用不同浸提液提取后测定水溶性磷 (WSP)、易解析磷 (RDP)、藻类可利用磷 (AAP) 和碳酸氢钠可提取磷 (Olsen-p) 4 种生物可利用磷 (BAP) 含量^[16]。

1.3 细菌群落分析

根据 E. Z. N. A.® soil DNA kit (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U. S.) 说明书进行微生物群落总 DNA 抽提,使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量,使用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度。使用 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增。扩增程序为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min,27 个循环 (95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s,55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s),然后 72 $^{\circ}\text{C}$ 稳定延伸 10 min,最后在 4 $^{\circ}\text{C}$ 进行保存。利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序 (上海美吉生物医药科技有限公司)。

将所有序列读数聚类到操作分类单位 (OTU, 相似性阈值为 97%), 使用 NCBI 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) 确定每个 16S rRNA 基因测序得到的 OTU 的代表性序列的分类分配, 设置比对阈值为 70%。为了消除不同测序深度造成的偏差, 将所有测序样本分别稀化到最低序列后分析。

1.4 数据分析

使用 SPSS 19.0 进行单因素方差分析 (One-way ANOVA), 当差异显著时再使用 Duncan 氏法进行多重比较, 显著水平取 $P < 0.05$ 。微生物数据在 Majorbio I-Sanger 云在线平台上进行分析。

2 结果与分析

2.1 水体理化特征

除 SAL 外, 河道水体的各项水质指标在不同位点间的差异均不显著。不同月份河道水体的理化性质见表 1。T 处于 3.60 ~ 29.23 °C 范围, 不同月份间的差异显著 ($P < 0.05$)。SAL、pH、TP、 NO_3^- -N 和 *Chl. a* 在不同月份间的差异均不显著。DO 均可达 9 mg/L 以上, 在 11 月和 1 月间的差异显著 ($P < 0.05$)。TN 在 1 月水中的含量最高, 而 SRP 和 COD_{Mn} 在 9 月的含量最高。

表 1 不同月份河道水体的理化性质

Tab. 1 Physical and chemical properties of channel water in different months

月份 Month	T/°C	SAL	pH	DO/ (mg/L)	TN/ (mg/L)	TP/ (mg/L)	NO_3^- -N/ (mg/L)	SRP/ (mg/L)	COD_{Mn} / (mg/L)	<i>Chl. a</i> / ($\mu\text{g/L}$)
9	29.23 ± 0.84 ^a	4.63 ± 1.00	8.94 ± 0.05	12.75 ± 3.07 ^{ab}	2.69 ± 0.26 ^b	0.94 ± 0.21	0.56 ± 0.06	0.42 ± 0.07 ^a	32.45 ± 2.95 ^a	186.92 ± 28.45
	16.38 ± 0.13 ^b	5.65 ± 0.50	8.90 ± 0.04	9.58 ± 1.52 ^b	3.13 ± 0.42 ^b	0.74 ± 0.17	0.46 ± 0.12	0.31 ± 0.07 ^b	16.16 ± 2.85 ^b	236.49 ± 32.36
1	3.60 ± 0.23 ^c	5.10 ± 0.76	9.01 ± 0.05	15.83 ± 1.56 ^a	3.73 ± 0.27 ^a	0.76 ± 0.10	0.63 ± 0.08	0.24 ± 0.03 ^b	18.23 ± 1.61 ^b	185.66 ± 45.68

注: 同列不同上标小写字母表示参数在不同月份间差异显著 ($P < 0.05$)。

Notes: Lowercase letters of different superscripts in the same column indicate that the parameters were significantly different in different months ($P < 0.05$).

2.2 沉积物理化特征

不同位点河道沉积物的理化性质见表 2。pH、TC、TN、TP、 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 在不同位点间的差异均不显著。4 种 BAP 在各位点的含量顺序是一致的, 均为 AAP > Olsen-p > WSP > RDP。

其中, APP 在不同位点间的差异不显著。WSP、RDP、Olsen-P 均在 4 号点的含量最高, 并显著高于 1 号和 2 号点 ($P < 0.05$)。河道沉积物所有的理化指标在不同月份间的差异均不显著。

表 2 不同位点河道沉积物的理化性质

Tab. 2 Physical and chemical properties of channel sediments at different sites

位点 Site	pH	TC/ (g/kg)	TN/ (g/kg)	TP/ (g/kg)	WSP/ (mg/kg)	RDP/ (mg/kg)	AAP/ (mg/kg)	Olsen_p/ (mg/kg)	NH_4^+ -N/ (mg/kg)	NO_3^- -N/ (mg/kg)
1	8.74 ± 0.03	15.92 ± 2.94	0.92 ± 0.30	0.68 ± 0.03	11.48 ± 2.05 ^b	0.79 ± 0.21 ^b	50.27 ± 1.06	21.80 ± 1.19 ^b	18.02 ± 9.12	17.85 ± 7.19
	8.76 ± 0.02	15.54 ± 0.36	0.90 ± 0.10	0.65 ± 0.02	11.32 ± 3.77 ^b	0.54 ± 0.16 ^b	48.18 ± 13.12	20.54 ± 7.65 ^b	14.99 ± 3.28	8.24 ± 1.30
3	8.73 ± 0.11	15.76 ± 2.51	0.93 ± 0.22	0.69 ± 0.01	20.17 ± 5.31 ^{ab}	1.33 ± 0.66 ^{ab}	81.84 ± 15.59	31.53 ± 5.17 ^{ab}	20.96 ± 9.82	14.56 ± 6.47
	8.85 ± 0.07	13.06 ± 0.55	0.67 ± 0.19	0.65 ± 0.03	27.98 ± 3.32 ^a	2.46 ± 0.36 ^a	74.51 ± 18.66	35.27 ± 3.35 ^a	14.87 ± 5.17	17.48 ± 2.95

注: 同列不同上标小写字母表示参数在位点间差异显著 ($P < 0.05$)。

Notes: Lowercase letters of different superscripts in the same column indicate that the parameters were significantly different at different sites ($P < 0.05$).

2.3 细菌群落 α 多样性

所有样本的稀释曲线都接近平缓,表明试验抽样充分,测序深度足以反映每个样本的生物信息。利用 mothur 软件,计算水体(表 3)和沉积物(表 4)中细菌群落的香农、辛普森、Ace 和 Chao 指数^[17]。其中,香农指数越大,说明群落的多样性越高,辛普森指数越大,说明群落多样性越低。

Ace 和 Chao 指数均为群落丰度指数,二者的值越大,说明群落丰富度越高。香农和辛普森指数均表明水中细菌群落的多样性在 11 月最高,与 1 月的差异显著($P < 0.05$)。Chao 和 Ace 指数表明 1、2 号点沉积物中细菌群落的丰富度显著高于 4 号点($P < 0.05$)。整体而言,沉积物中细菌群落的多样性和丰富度均显著高于水体($P < 0.05$)。

表 3 水中细菌群落的 α 多样性指数

Tab.3 Alpha diversity of bacterial communities in the water

月份 Month	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Ace 指数 Ace estimator	Chao 指数 Chao estimator
9	4.66 ± 0.15 ^b	0.027 ± 0.003 ^b	1 023.78 ± 276.09	926.20 ± 187.18
11	5.12 ± 0.16 ^a	0.015 ± 0.004 ^b	1 018.13 ± 295.98	958.49 ± 202.21
1	4.09 ± 0.28 ^c	0.053 ± 0.023 ^a	1 328.59 ± 59.43	1 018.51 ± 46.25
平均值 ± 标准差 Mean ± SD	4.62 ± 0.47	0.032 ± 0.021	1 123.50 ± 277.17	967.74 ± 165.78

注:同列不同上标小写字母表示该指标在不同月份中的差异显著($P < 0.05$)。

Notes: Different superscript lowercase letters in the same column indicate that the index was significantly different in different months ($P < 0.05$).

表 4 沉积物中细菌群落的 α 多样性指数

Tab.4 Alpha diversity of bacterial communities in the sediments

位点 Site	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Ace 指数 Ace estimator	Chao 指数 Chao estimator
1	6.08 ± 0.06	0.008 ± 0.000	4 253.86 ± 266.23 ^a	3 286.14 ± 149.18 ^a
2	6.22 ± 0.06	0.009 ± 0.002	4 529.04 ± 105.78 ^a	3 515.76 ± 89.81 ^a
3	6.13 ± 0.11	0.008 ± 0.000	3 964.99 ± 494.39 ^{ab}	3 156.31 ± 323.57 ^{ab}
4	5.89 ± 0.16	0.008 ± 0.002	3 416.64 ± 157.45 ^b	2 760.61 ± 186.66 ^b
平均值 ± 标准差 Mean ± SD	6.08 ± 0.16	0.008 ± 0.001	4 041.13 ± 507.54	3 179.71 ± 342.90

注:同列不同上标小写字母表示该指标在不同位点中的差异显著($P < 0.05$)。

Notes: Different superscript lowercase letters in the same column indicate that the index was significantly different at different sites ($P < 0.05$).

2.4 细菌群落 β 多样性

使用主坐标分析(PCoA)在 OTU 水平展示细菌群落的 β 多样性。ANOSIM 相似性分析表明,水中细菌群落组成在不同位点间的差异不显著,但在不同月份间的差异显著($P < 0.05$,图 2a)。沉积物中细菌群落组成在不同位点间的差异显著($P < 0.05$,图 2b),在不同月份间的差异不显著。整体而言,水体和沉积物中的细菌群落组成存在显著差异($P < 0.05$,图 2c)。水中细菌样本按月份聚集,不同月份间距离较远,各沉积物样本紧密聚集。

2.5 细菌群落组成和差异

将相对丰度低于 1% 的群落都归为稀有种,并为“Others”,共有 11 类菌门在水中的相对丰度超过 1% (图 3a)。变形菌门(Proteobacteria)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、放线菌门

(Actinobacteriota)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度最高,均达 10% 以上。为了便于区分,将相对丰度高于 10% 的菌门视为优势菌^[18]。方差分析表明,4 类优势菌门的相对丰度在不同月份间均存在显著差异($P < 0.05$,表 5)。变形菌门在 1 月显著富集,相对丰度高达 43.48%。蓝细菌门在 9 月显著富集,相对丰度高达 39.33%。放线菌门和拟杆菌门的相对丰度均在 11 月最高,在 9 月最低。共有 18 类菌门在沉积物中的相对丰度超过 1% (图 3b)。变形菌门、绿弯菌门(Chloroflexi)、脱硫菌门(Desulfobacterota)和放线菌门的相对丰度均达 10% 以上,为沉积物中的优势菌。变形菌门在所有样本中均占据优势,相对丰度超过 20%。方差分析表明,沉积物中各优势菌门的相对丰度在不同位点和不同月份间的差异均不显著。

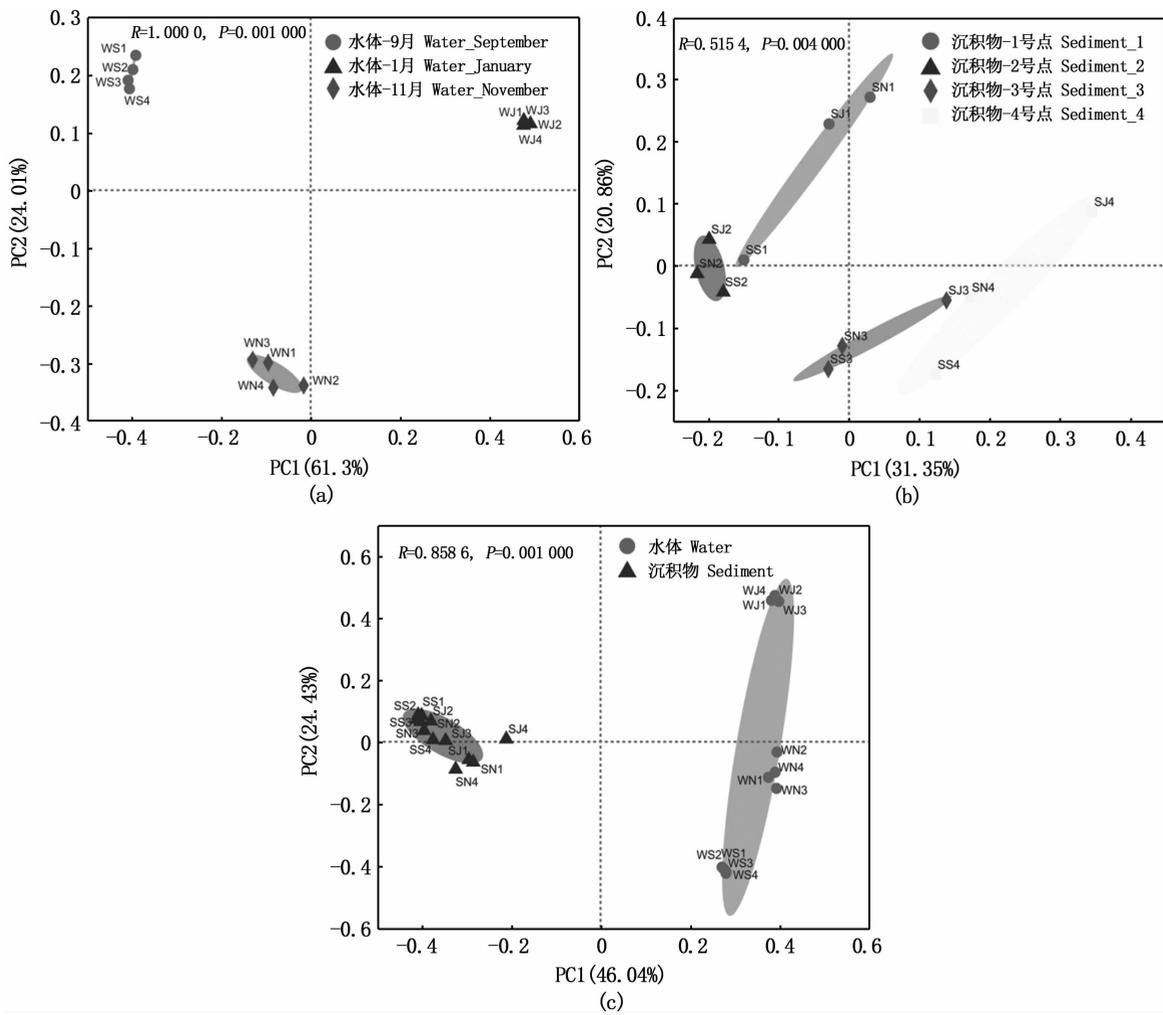


图 2 水体和沉积物中细菌群落的 PCoA 分析

Fig. 2 PCoA analysis of bacterial communities in water and sediments

共有 54 类菌属在水中的相对丰度超过 1% (图 4a)。属水平上,将相对丰度高于 3% 的菌属视为优势菌^[19]。蓝细菌属 (*Cyanobium_PCC-6307*)、海源菌属 (*Idiomarina*)、*Candidatus_Aquiluna*、浮丝藻属 (*Planktothrix_NIVA-CYA_15*) 和 *CL500-3* 的相对丰度均达 3% 以上,为水中优势菌属。其中,蓝细菌属在 9 月显著富集 ($P < 0.05$),相对丰度高达 31.46% (表 6)。*CL500-3* 与蓝细菌属的相对丰度在月份间的变化一致,海源菌属和浮丝藻属一致。共有 51 类菌属在沉积物中的相对丰度超过 1% (图 4b)。仅有蓝细菌属和硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 的平均相对丰度达 3% 以上。方差分析表明,2 类菌属的相对丰度在

不同位点和不同月份间的差异均不显著。

图 5 列举了河道内相对丰度前 10 的门和属,以及它们在水体和沉积物间的丰度差异。门水平上,变形菌门在水体和沉积物中的相对丰度均最高,差异不显著。放线菌门在水中的相对丰度显著高于沉积物 ($P < 0.05$)。除此之外,优势菌蓝细菌门、拟杆菌门在水中显著富集,绿弯菌门、脱硫菌门在沉积物中显著富集 ($P < 0.05$)。属水平上,蓝细菌属在水体和沉积物的相对丰度均最高,差异不显著。包括海源菌属、浮丝藻属等 7 类菌属在水中显著富集,仅有硫杆菌属在沉积物中显著富集 ($P < 0.05$)。

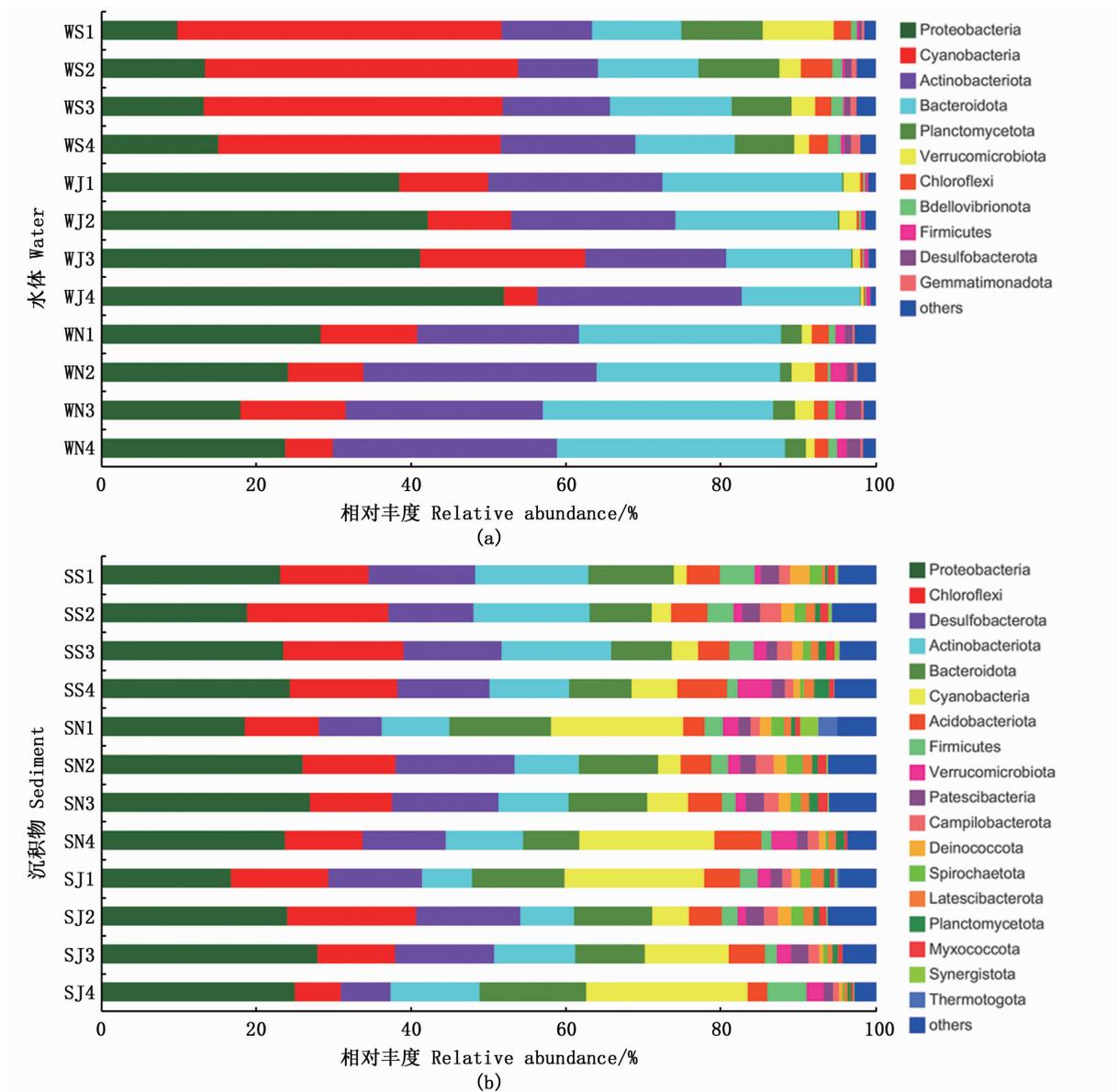


图 3 水体和沉积物中细菌群落在门水平上的组成

Fig. 3 Composition of bacterial communities in water and sediments at the phylum level

表 5 水中优势菌门在不同月份中的相对丰度

Tab. 5 Relative abundance of dominant bacteria phyla in water in different months

优势菌门 Dominant bacterial phyla	9 月 September	11 月 November	1 月 January	平均值 ± 标准差 Mean ± SD
变形菌门 Proteobacteria	12.93 ± 1.92 ^c	23.57 ± 3.68 ^b	43.48 ± 5.11 ^a	26.66 ± 13.22
蓝细菌门 Cyanobacteria	39.33 ± 2.04 ^a	10.50 ± 2.88 ^b	11.97 ± 6.08 ^b	20.60 ± 13.86
放线菌门 Actinobacteriota	13.30 ± 2.67 ^b	26.33 ± 3.58 ^a	22.06 ± 2.95 ^a	20.56 ± 6.24
拟杆菌门 Bacteroidota	13.26 ± 1.53 ^c	27.22 ± 2.50 ^a	18.88 ± 3.30 ^b	19.79 ± 6.27

注:同行不同上标小写字母表示该菌门在不同月份中的差异显著 ($P < 0.05$)。

Notes: Different superscript lowercase letters in the same line indicate significant differences in the phylum in different months ($P < 0.05$).

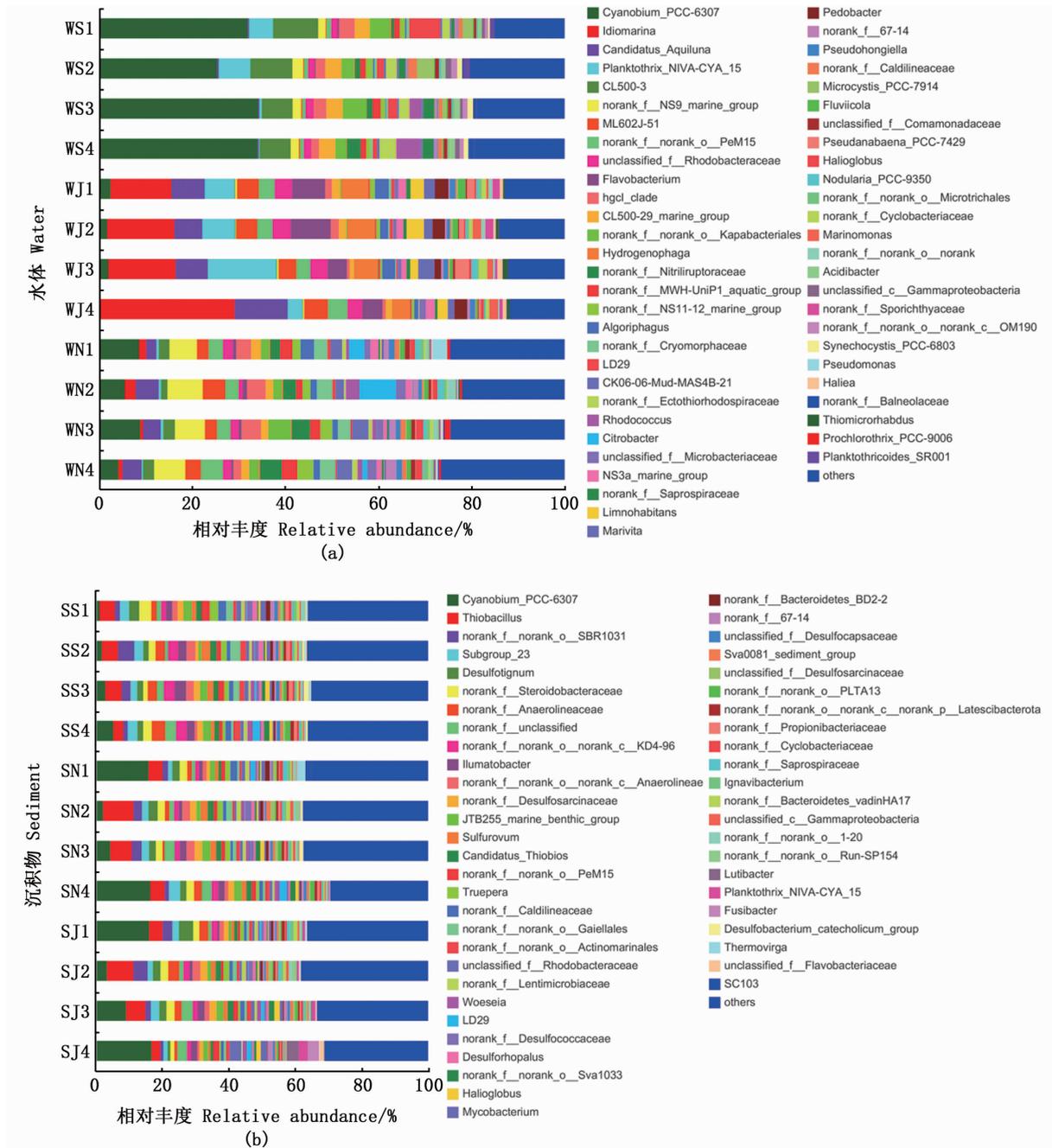


图 4 水体和沉积物中细菌群落在属水平上的组成

Fig. 4 Composition of bacterial communities in water and sediments at the genus level

表 6 水中优势菌属在不同月份中的相对丰度

Tab. 6 Relative abundance of dominant bacteria genera in water in different months

优势菌群 Dominant bacterial community	9 月 September	11 月 November	1 月 January	平均值 ± 标准差 Mean ± SD
蓝细菌属 <i>Cyanobium_PCC-6307</i>	31.46 ± 3.61 ^a	6.84 ± 2.01 ^b	1.71 ± 0.79 ^c	13.34 ± 13.21
海源菌属 <i>Idiomarina</i>	0.01 ± 0.00 ^b	1.37 ± 0.67 ^b	17.70 ± 6.43 ^a	6.36 ± 8.86
<i>Candidatus_Aquiluna</i>	0.29 ± 0.05 ^c	3.78 ± 1.02 ^b	7.87 ± 2.08 ^a	3.98 ± 3.37
浮丝藻属 <i>Planktothrix_NIVA-CYA_15</i>	3.15 ± 2.88 ^b	0.45 ± 0.12 ^b	7.79 ± 4.24 ^a	3.80 ± 4.24
<i>CL500-3</i>	8.00 ± 1.39 ^a	2.13 ± 0.45 ^b	0.14 ± 0.03 ^c	3.43 ± 3.44

注:同行不同上标小写字母表示该菌属在不同月份中的差异显著 ($P < 0.05$)。

Notes: Different superscript lowercase letters in the same line indicate significant differences in the genus in different months ($P < 0.05$).

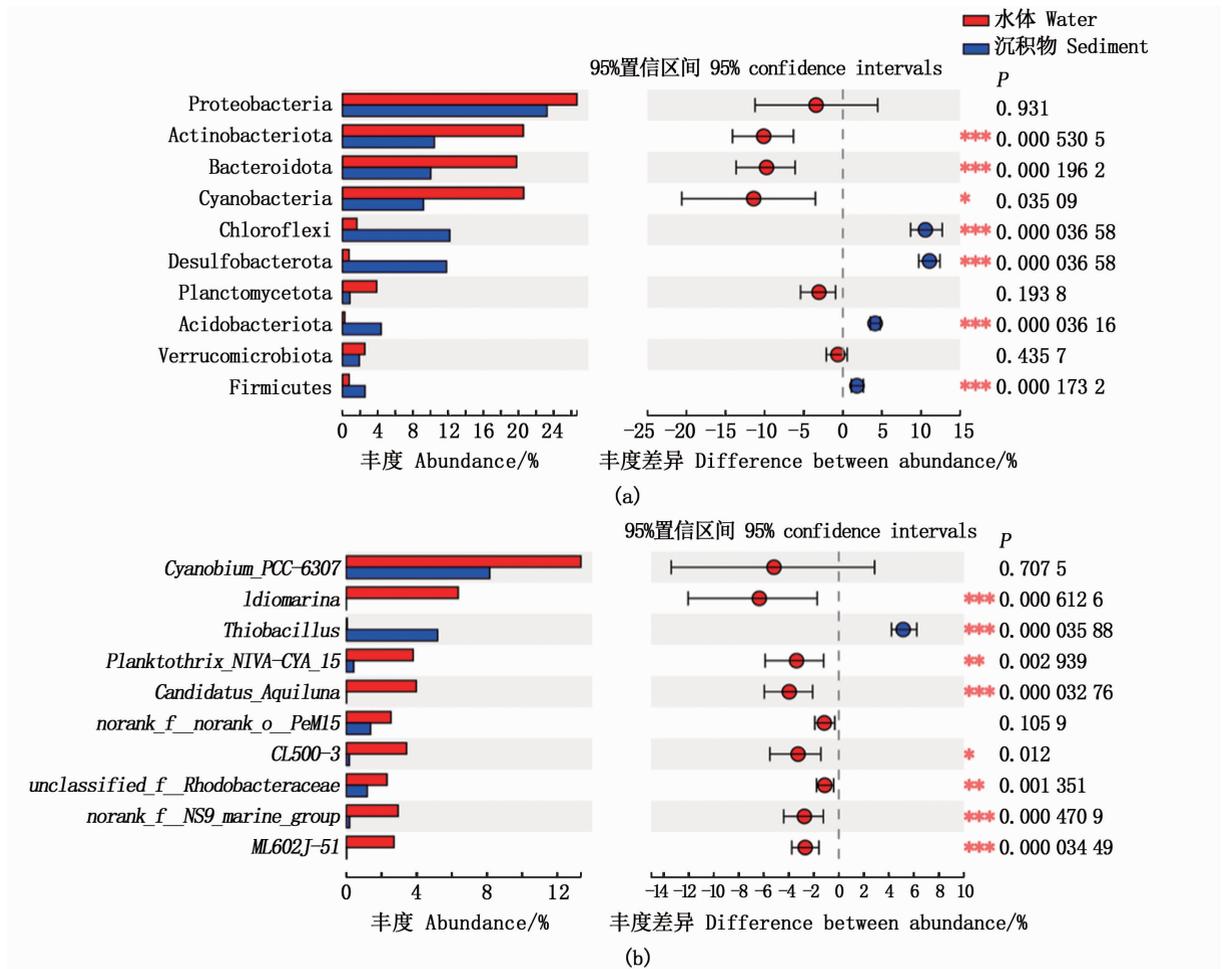


图5 水体和沉积物中细菌群落在门、属水平上的组成差异
 Fig. 5 Differences in the composition of bacterial communities in water and sediments at phylum and genus levels

2.6 细菌群落变化影响因素

使用冗余分析(RDA)分别比较水体(图6a)和沉积物(图6b)中环境因子与细菌群落之间的关系。Envfit测试表明,水体 T($R^2 = 0.960, P = 0.001$)、 COD_{Mn} ($R^2 = 0.897, P = 0.001$)、SRP ($R^2 = 0.532, P = 0.027$)和 TN ($R^2 = 0.577, P = 0.030$)与细菌群落显著相关。蓝细菌属对菌群结构的影响最大,并与 T、 COD_{Mn} 和 SRP呈正相关,与 TN呈负相关。沉积物中 TC ($R^2 = 0.482, P = 0.038$)、WSP ($R^2 = 0.560, P = 0.031$)和 RDP ($R^2 = 0.769, P = 0.003$)与细菌群落显著相关。蓝细菌属仍为对菌群结构影响最大的菌属,并与硫杆菌属呈负相关。4种BAP均与蓝细菌属呈正相关,TN、TC呈共线性,二者均与蓝细菌属呈负相关。

3 讨论

3.1 水体和沉积物的理化特征

可能受水流过快的影响,河道水质在不同位点间的差异并不显著。T、DO和TN等水质指标在不同月份间的差异,可能是天气、温度、池塘尾水质量等多因素变化的结果。整体而言,各月份河道水体的TN、TP均远超国际上广泛认可的水体富营养化临界浓度^[20]。参照江苏省《池塘养殖尾水排放标准》^[21],水体的TN、TP均不满足一级排放标准,但满足二级排放标准。

相比于水体,沉积物的扩散能力更弱,不易受到外界环境的干扰,其理化性质在不同位点间的差异更大。WSP、RDP和OLsen_p在4号点的含量最高,与该处特殊的位置有关。宽阔的水面使水流变缓,垦区所有的养殖尾水均在此处汇

集,更有利于磷的沉积。沉积物中 4 种 BAP 的占比顺序为 AAP > Olsen-p > WSP > RDP,这与其他河流一致^[22]。Olsen-P 被认为是衡量土壤养分状

况的良好指标,当每 kg 干土中 Olsen-P 的含量大于 46 mg 时,表明土壤具有高营养水平^[23]。照此标准,河道各点的沉积物均不处于高营养水平。

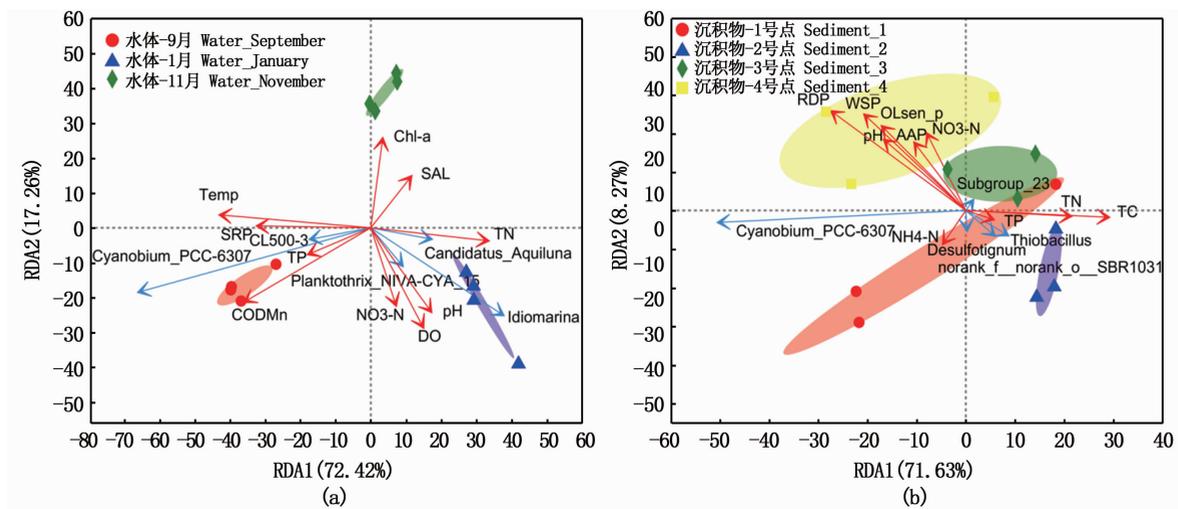


图 6 细菌群落与环境因子之间的 RDA 分析

Fig. 6 RDA biplot of the distribution of bacterial community and environmental variables

3.2 细菌群落的多样性

蓝细菌属和海源菌属的富集削减了其他菌群的生长空间,致 9 月和 1 月水中细菌群落多样性降低。4 号点沉积物中菌群的丰富度最低,与该点高含量的 WSP、RDP 等营养盐有关,因为细菌群落会受高营养盐、高有机质等外界条件的选择作用^[24]。香农和辛普森指数均表明沉积物中细菌群落的多样性高于水体,Ace 和 Chao 指数显示其丰富度是水体的 3~4 倍,均因为沉积物更适合微生物的繁殖栖息^[25]。 β 多样性表明,水体和沉积物中细菌群落的组成分别在不同月份和不同位点间存在显著差异,同理化性质一致,再次证明了细菌群落和环境因子之间的紧密关系。

3.3 细菌群落组成

河道水中的优势菌门为变形菌门、蓝细菌门、放线菌门和拟杆菌门。变形菌门在水体和沉积物中均保持优势,主要因为其在原核生物表型分类或分子生物学分类中占据绝对优势^[26]。放线菌门在生物体的循环分解和形成腐殖质中发挥关键作用^[27],拟杆菌门能产生胞外水解酶以降解琼脂、几丁质等生物大分子^[28],二类菌门的富集有利于尾水中营养物质的分解。蓝细菌门相对较高的丰度并不代表蓝藻的绝对含量也很高^[29],但河道水中 TN、TP 和 *Chl. a* 均远超蓝藻水

华暴发的一般条件^[30]。蓝藻水华不仅会降低水体的美学价值,还会对人类和动物的健康造成威胁^[31],必须引起关注。蓝细菌属在蓝藻水华中常作为优势类别出现^[32],浮丝藻属也可引起水华并导致水体产生异味^[33]。二类菌属均为河道水中蓝细菌门的主要构成,尤其是蓝细菌属的相对丰度最高。

除变形菌门和放线菌门外,绿弯菌门和脱硫菌门也属于沉积物中的优势菌门。硫杆菌属中的多数种类可将硫化物、氢气等作为电子供体,亚硝酸盐氮、硝态氮作为受体实现硫酸盐的还原和反硝化作用^[34]。其在沉积物中的富集不仅提高了脱硫菌门的丰度,还可促进氮硫污染物的去除。尽管蓝细菌门并不属于沉积物中的优势菌门,但蓝细菌属仍属于优势菌属。

3.4 细菌群落变化影响因素

河道水体 T、TN、SRP 和 COD_{Mn} 均与细菌群落显著相关,蓝细菌属对群落的影响最大。同温度一样, COD_{Mn} 对于菌群的重要影响已经被证实^[35]。浮游生物在利用磷作为繁殖生长的营养时,SRP 通常被优先选择^[36]。因此,水体 SRP 的显著变化会对细菌群落产生直接影响。9 月河道水体高水平的 T、SRP 和 COD_{Mn} 提供了适宜条件,促进了蓝细菌属和蓝细菌门的富集。湖泊中蓝

藻水华的暴发是由氮、磷营养物的过量排放引起的,减少水中氮、磷是控制的关键^[37]。本研究发现,SRP 和 TN 同为影响河道水中细菌群落的关键因子,但 SRP 与蓝细菌属呈正相关,TN 与蓝细菌属呈负相关。那么,从限制蓝细菌属富集的角度,河道水体中磷的控制要比氮更重要。

在沉积物中,WSP、RDP 和 TC 与细菌群落显著相关,蓝细菌属仍是对群落影响最大的菌属。沉积物中 BAP 的转化涉及微生物复杂的相互作用^[38],WSP 被认为是即时可用磷的最佳估计,RDP 代表容易解析和释放的磷^[39]。在 4 种 BAP 中,WSP 和 RDP 与细菌群落显著相关,可能因为其更有利于细菌的直接摄取。WSP 和 RDP 与蓝细菌属呈正相关,TC 与蓝细菌属呈负相关。这就说明,磷也是促进沉积物中蓝细菌属富集的关键因子。因此,为了减少水体和沉积物中磷的含量,进而限制蓝细菌属在河道中的富集,养殖尾水中磷的控制尤为必要。

4 结论

在条子泥垦区池塘养殖尾水的净化河道中,水体和沉积物的理化性质分别在不同月份和不同位点间存在显著差异,细菌群落组成的变化同理化性质一致。水中 T、TN、SRP 和 COD_{Mn} 与细菌群落显著相关,沉积物中 WSP、RDP 和 TC 与细菌群落显著相关。蓝细菌属是水体和沉积物中丰度最高的属,对细菌群落的影响最大。水体中 T、COD_{Mn} 和 SRP 与蓝细菌属呈正相关,沉积物中 WSP 和 RDP 与蓝细菌属呈正相关。应加强对养殖尾水中磷的控制,以限制蓝细菌属在河道中的富集。

参考文献:

[1] REN C Y, WANG Z M, ZHANG Y Z, et al. Rapid expansion of coastal aquaculture ponds in China from Landsat observations during 1984-2016 [J]. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 2019, 82: 101902.

[2] DUAN Y Q, LI X, ZHANG L P, et al. Mapping national-scale aquaculture ponds based on the Google Earth Engine in the Chinese coastal zone [J]. *Aquaculture*, 2020, 520: 734666.

[3] TURCIOS A, PAPENBROCK J. Sustainable treatment of aquaculture effluents-what can we learn from the past for the future? [J]. *Sustainability*, 2014, 6(2): 836-856.

[4] JOHN E M, KRISHNAPRIYA K, SANKAR T V. Treatment of ammonia and nitrite in aquaculture wastewater by an assembled bacterial consortium [J]. *Aquaculture*, 2020, 526: 735390.

[5] 张饮江,张筱,程梦雨,等. 人工湿地处理滨海养殖水效果及机理[J]. *上海海洋大学学报*, 2019, 28(5): 643-650.

ZHANG Y J, ZHANG X, CHENG M Y, et al. Improving performance and removal mechanism of coastal aquaculture water by constructed wetlands [J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2019, 28(5): 643-650.

[6] 彭柯,董志,邸琰茗,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(11): 5424-5432.

PENG K, DONG Z, DI Y M, et al. Contrasting analysis of microbial community composition in the water and sediments of the north canal based on 16S rRNA high-throughput sequencing [J]. *Environmental Science*, 2021, 42(11): 5424-5432.

[7] 陈文松,宁寻安,李萍,等. 底泥污染物的环境行为研究进展[J]. *水资源保护*, 2007, 23(4): 1-5.

CHEN W S, NING X A, LI P, et al. Environmental behavior of pollutants in sediments [J]. *Water Resources Protection*, 2007, 23(4): 1-5.

[8] FRIES J S, CHARACKLIS G W, NOBLE R T. Sediment-water exchange of *Vibrio* sp. and fecal indicator bacteria; implications for persistence and transport in the Neuse River Estuary, North Carolina, USA [J]. *Water Research*, 2008, 42(4/5): 941-950.

[9] ABRAHAM T J, GHOSH S, NAGESH T S, et al. Distribution of bacteria involved in nitrogen and sulphur cycles in shrimp culture systems of West Bengal, India [J]. *Aquaculture*, 2004, 239(1/4): 275-288.

[10] 韩政,汤春宇,邵留,等. 多营养层级淡水生态系统构建对微生物的影响 [J/OL]. *上海海洋大学学报*: 1-13 [2022-02-17]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.20220114.1607.012.html>.

HAN Z, TANG C Y, SHAO L, et al. The effect of multi-trophic freshwater ecosystem construction on microorganisms [J/OL]. *Journal of Shanghai Ocean University*: 1-13 [2022-02-17]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.20220114.1607.012.html>.

[11] 魏复盛. 水和废水监测分析方法 [M]. 4 版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.

WEI F S. *Water and wastewater monitoring and analysis methods* [M]. 4th ed. Beijing: China Environmental Science Press, 2002.

[12] 中华人民共和国水利部. SL 88-2012 水质 叶绿素的测定分光光度法 [S]. 北京: 中国水利水电出版社, 2012.

Ministry of Water Resources of the People's Republic of China. SL 88-2012 Water quality-Determination of chlorophyll by spectrophotometry [S]. Beijing: China Water

- & Power Press, 2012.
- [13] RUBAN V, BRIGAULT S, DEMARE D, et al. An investigation of the origin and mobility of phosphorus in freshwater sediments from Bort-Les-Orgues Reservoir, France [J]. *Journal of Environmental Monitoring*, 1999, 1(4): 403-407.
- [14] 中华人民共和国环境保护部. HJ 634-2012 土壤 氨氮、亚硝酸盐氮、硝酸盐氮的测定 氯化钾溶液提取-分光光度法[S]. 北京: 中国环境科学出版社, 2012.
Ministry of Environmental Protection of the People's Republic of China. HJ 634-2012 Soil-Determination of ammonium, nitrite and nitrate by extraction with potassium chloride solution-spectrophotometric methods [S]. Beijing: China Environmental Science Press, 2012.
- [15] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. GB/T 32737-2016 土壤硝态氮的测定 紫外分光光度法[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017.
General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China, Standardization Administration of the People's Republic of China. GB/T 32737-2016 Determination of nitrate nitrogen in soil-Ultraviolet spectrophotometry method[S]. Beijing: China Standard Press, 2017.
- [16] 徐玉慧, 姜霞, 金相灿, 等. 太湖东北部沉积物生物可利用磷的季节性变化[J]. *环境科学*, 2006, 27(5): 869-873.
XU Y H, JIANG X, JIN X C, et al. Seasonal variation of bioavailable phosphorus in sediments in northeast part of Taihu lake[J]. *Environmental Science*, 2006, 27(5): 869-873.
- [17] 黄锦, 成永旭, 王海锋, 等. 不同施肥模式下的稻-克氏原螯虾田块水体菌群初探[J]. *上海海洋大学学报*, 2020, 29(4): 516-525.
HUANG J, CHENG Y X, WANG H F, et al. A preliminary study on the water bacteria of rice-crayfish co-culture paddy field in different fertilization modes[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2020, 29(4): 516-525.
- [18] 周元清, 李秀珍, 李淑英, 等. 不同类型人工湿地微生物群落的研究进展[J]. *生态学杂志*, 2011, 30(6): 1251-1257.
ZHOU Y Q, LI X Z, LI S Y, et al. A review on soil microbial community in different type constructed wetlands [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2011, 30(6): 1251-1257.
- [19] 贾丽娟, 王广军, 夏耘, 等. 不同地区稻虾综合种养系统的微生物群落结构分析[J/OL]. *水产学报*: 1-13 [2022-01-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1283.s.20211122.1401.004.html>.
JIA L J, WANG G J, XIA Y, et al. Analysis of microbial community structure in rice-shrimp integrated culture system of three different areas [J/OL]. *Journal of Fisheries of China*: 1-13 [2022-01-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1283.s.20211122.1401.004.html>.
- [20] 李如忠, 刘科峰, 钱靖, 等. 合肥市典型景观水体氮磷污染特征及富营养化评价[J]. *环境科学*, 2014, 35(5): 1718-1726.
LI R Z, LIU K F, QIAN J, et al. Nitrogen and phosphate pollution characteristics and eutrophication evaluation for typical urban landscape waters in Hefei city [J]. *Environmental Science*, 2014, 35(5): 1718-1726.
- [21] 江苏省生态环境厅, 江苏省市场监督管理局. DB 32/4043-2021 池塘养殖尾水排放标准[S]. 2021.
Department of Ecology and Environment of Jiangsu Province, Jiangsu market supervision and Administration Bureau. DB 32/4043-2021 Discharge standard of water from aquaculture ponds[S]. 2021.
- [22] BO L J, WANG D J, ZHANG G, et al. Evaluating the relationship between phosphorus bioavailability and phosphorus speciation in sediments from rural rivers in the Taihu Lake Area, China [J]. *Polish Journal of Environmental Studies*, 2014, 23(6): 1933-1940.
- [23] LI D P, HUANG Y, FAN C X, et al. Contributions of phosphorus on sedimentary phosphorus bioavailability under sediment resuspension conditions[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2011, 168(3): 1049-1054.
- [24] 刘晶晶, 曾江宁, 陈全震, 等. 象山港网箱养殖区水体和沉积物的细菌生态分布[J]. *生态学报*, 2010, 30(2): 377-388.
LIU J J, ZENG J N, CHEN Q Z, et al. The bacterial ecological distribution in water and sediment of cage culture area in Xianshangang Bay[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(2): 377-388.
- [25] RAM N M, ZUR O, AVNIMELECH Y. Microbial changes occurring at the sediment-water interface in an intensively stocked and fed fish pond[J]. *Aquaculture*, 1982, 27(1): 63-72.
- [26] GUPTA R S. The phylogeny of proteobacteria: Relationships to other eubacterial phyla and eukaryotes [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2000, 24(4): 367-402.
- [27] STACH E M, BULL A T. Estimating and comparing the diversity of marine actinobacteria [J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2005, 87(1): 3-9.
- [28] 白洁, 李海艳, 赵阳国. 黄海北部不同站位海洋细菌群落分布特征[J]. *微生物学报*, 2009, 49(3): 343-350.
BAI J, LI H Y, ZHAO Y G. Bacterial distribution at different stations in the Northern Yellow Sea [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2009, 49(3): 343-350.
- [29] 成永旭, 刘洪天, 常东, 等. 稻蟹共作与蟹单作模式下中华绒螯蟹肠道及养殖环境细菌群落组成比较[J]. *上海海洋大学学报*, 2017, 26(5): 682-690.
CHENG Y X, LIU H T, CHANG D, et al. A comparative study of microbiota from the intestine of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) and their culture environment, between rice-crab co-culture and crab monoculture models [J].

- Journal of Shanghai Ocean University, 2017, 26(5): 682-690.
- [30] 马健荣, 邓建明, 秦伯强, 等. 湖泊蓝藻水华发生机理研究进展[J]. 生态学报, 2013, 33(10): 3020-3030.
MA J R, DENG J M, QIN B Q, et al. Progress and prospects on cyanobacteria bloom-forming mechanism in lakes[J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(10): 3020-3030.
- [31] GUPTA V, RATHA S K, SOOD A, et al. New insights into the biodiversity and applications of cyanobacteria (blue-green algae)—Prospects and challenges [J]. Algal Research, 2013, 2(2): 79-97.
- [32] 杨柳燕, 杨欣妍, 任丽曼, 等. 太湖蓝藻水华暴发机制与控制对策[J]. 湖泊科学, 2019, 31(1): 18-27.
YANG L Y, YANG X Y, REN L M, et al. Mechanism and control strategy of cyanobacterial bloom in Lake Taihu [J]. Journal of Lake Sciences, 2019, 31(1): 18-27.
- [33] SU M, YU J W, ZHANG J Z, et al. MIB-producing cyanobacteria (*Planktothrix* sp.) in a drinking water reservoir: Distribution and odor producing potential [J]. Water Research, 2015, 68: 444-453.
- [34] 于妍, 王悦悦, 方杜贤, 等. 白洋淀表层沉积物细菌多样性及影响因素[J]. 环境工程学报, 2021, 15(3): 1121-1130.
YU Y, WANG Y Y, FANG D X, et al. Bacterial diversity in surface sediments of Baiyangdian lake and its influencing factors [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2021, 15(3): 1121-1130.
- [35] 王新, 汤江武, 吴逸飞, 等. 京杭运河杭州段水体污染和细菌群落结构特征[J]. 环境污染与防治, 2020, 42(6): 760-766.
WANG X, TANG J W, WU Y F, et al. Characteristics of water pollution and bacterial community structure in Hangzhou section of Jinhang Grand Canal [J]. Environmental Pollution and Control, 2020, 42(6): 760-766.
- [36] 叶琳琳, 朱燕, 徐圣友. 微生物对巢湖沉积物生物可利用磷的稳定性影响[J]. 资源环境与工程, 2007, 21(3): 339-343.
YE L L, ZHU Y, XU S Y. Effect of microbe on stability of bioavailable phosphorus in sediment of Chaohu Lake [J]. Resources Environment & Engineering, 2007, 21(3): 339-343.
- [37] SCHINDLER D W. Recent advances in the understanding and management of eutrophication [J]. Limnology and Oceanography, 2006, 51: 353-363.
- [38] ZHOU J, LI D P, ZHAO Z H, et al. Phosphorus bioavailability and the diversity of microbial community in sediment in response to modified calcium peroxide ceramsite capping [J]. Environmental Research, 2021, 195: 110682.
- [39] ZHOU Q X, GIBSON C E, ZHU Y M. Evaluation of phosphorus bioavailability in sediments of three contrasting lakes in China and the UK [J]. Chemosphere, 2001, 42(2): 221-225.

Bacterial community structure and its relationship with environmental factors in the purification channel of aquaculture Tailwater in Tiaozini Reclamation Area

WANG Xuefeng^{1,2}, LIU Wenchang^{1,2}, FAN Lipeng³, TAN Hongxin^{1,2}, LUO Guozhi^{1,2}, SUN Dachuan^{1,2}

(1. Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Shanghai Collaborative Innovation Center for Cultivating Elite Breeds and Green-culture of Aquaculture Animals, Shanghai 201306, China; 3. Jiangsu Coast Development Co., Ltd., Dongtai 224200, Jiangsu, China)

Abstract: To explore the bacterial community structure and its relationship with environmental factors, the water and sediment in the purification channel of aquaculture tailwater in the Tiaozini reclamation area were monitored. The results showed that there were significant differences in water quality between different months and physicochemical properties of sediments at different sites. Judging by the total nitrogen (TN) and total phosphorus (TP), the river water was at a level of eutrophication, but it met the second-level discharge standard of water from aquaculture ponds in Jiangsu Province. Olsen-P indicated that the sediments were not at a high nutrient level. The changes of bacterial community composition in water and sediments were consistent with physicochemical properties, and significant differences were found in the diversity, richness, and composition of bacterial communities in the two environments. Cyanobacteria was one of the dominant bacteria in water, with a relative abundance of 39.33% in September. *Cyanobium_PCC-6307* occupied the highest abundance in both water (13.34%) and sediments (8.15%) and had the greatest effect on bacterial communities. Water temperature (T), TN, soluble active phosphate (SRP), and permanganate index (COD_{Mn}) were significantly correlated with bacterial communities. Except TN, the other 3 indicators were positively correlated with *Cyanobium_PCC-6307*. Water soluble phosphorus (WSP), readily desorbable phosphate (RDP), and total carbon (TC) in the sediments were significantly correlated with bacterial communities, and WSP and RDP were positively correlated with *Cyanobium_PCC-6307*. To limit the accumulation of *Cyanobium_PCC-6307* in the channels, the control of phosphorus in aquaculture tailwater should be strengthened. This study provides a reference for the regulation of tailwater and healthy development of aquaculture in coastal reclamation areas.

Key words: aquaculture tailwater; purification channel; bacterial community; sediment; coastal reclamation area