

## 研究报告

## 乌鲁木齐市污水处理厂的微生物群落特征分析

杨清月<sup>1</sup>, 杨建东<sup>2</sup>, 马赫尔<sup>2</sup>, 田锋<sup>3</sup>, 刘稔诚<sup>1</sup>, 李多娇<sup>1</sup>, 李宝军<sup>1</sup>,  
卢耀勤<sup>1,4\*</sup>

1 新疆医科大学 公共卫生学院, 新疆 乌鲁木齐 830017

2 乌鲁木齐市疾病预防控制中心(市卫生监督所), 新疆 乌鲁木齐 830026

3 新疆国际旅行卫生保健中心(乌鲁木齐海关口岸门诊部), 新疆 乌鲁木齐 830011

4 新疆维吾尔自治区疾控中心(新疆维吾尔自治区预防医学科学院, 新疆维吾尔自治区公共卫生检验检测中心), 新疆 乌鲁木齐 830002

杨清月, 杨建东, 马赫尔, 田锋, 刘稔诚, 李多娇, 李宝军, 卢耀勤. 乌鲁木齐市污水处理厂的微生物群落特征分析[J]. 微生物学通报, 2026, 53(1): 169-186.

YANG Qingyue, YANG Jiandong, MA He'er, TIAN Feng, LIU Zhencheng, LI Duoqiao, LI Baojun, LU Yaoqin. Microbial community characteristics in municipal wastewater treatment plants in Urumqi[J]. Microbiology China, 2026, 53(1): 169-186.

**摘要:** 【背景】在全球化与生物技术发展背景下, 微生物引发的生物安全风险已纳入国家安全体系。新疆维吾尔自治区乌鲁木齐市作为西北关键节点, 其污水处理厂微生物群落蕴含病原微生物等生物安全标志物, 可预警潜在威胁。【目的】解析乌鲁木齐市污水处理厂微生物群落结构特征、多样性分布及潜在的生物风险, 为跨境病原微生物防控和区域生物安全维护提供依据。【方法】以乌鲁木齐市9座典型污水处理厂为研究对象, 于2024年8月在每个污水处理厂水下约0.5 m处采集水样, 经处理后, 运用宏基因组测序技术进行测序, 采用R (v4.4.2)软件进行统计分析, 用特定R包计算细菌和病毒的 $\alpha$ 多样性指数, 通过非参数Kruskal-Wallis  $H$ 检验分析差异; 用基于Bray-Curtis距离的主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA)和ANOSIM统计测试确定不同样本组微生物群落结构差异。【结果】在属分类水平共检测到300个属, 包括282种细菌(94%)、2种真菌(0.67%)和16种病毒(5.33%), 其中另类弓形菌属(*Aliarcobacter*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)等为优势菌属; 在种分类水平鉴定出864个微生物种, 喜冷气另类弓形菌(*Aliarcobacter cryaerophilus*)、宋氏鲸杆菌(*Cetobacterium somerae*)等具有较高相对丰度。Alpha多样性分析表明, 采用综合处理工艺的S5和S7污水处理厂具有更丰富的微生物多样性(Shannon指数分别为3.398和3.421); Beta多样性分析显示, 3组样本微生物群落结构整体结构相似且差异未达统计学显著水平(ANOSIM检验 $R^2=0.32$ ,

资助项目: 新疆维吾尔自治区科技创新团队(天山创新团队) (2022TSYCTD0015)

This work was supported by the Xinjiang Uygur Autonomous Region Science and Technology Innovation Team (Tianshan Innovation Team Program) (2022TSYCTD0015).

\*Corresponding author. E-mail: lyq\_superior@163.com

Received: 2025-06-16; Accepted: 2025-08-15; Published online: 2025-09-02

$P > 0.05$ ), 但样本 S4 表现出明显的群落结构偏离趋势。聚类热图分析进一步验证了不同采样点微生物生存适应性的空间分布特征, 其中 S9 和 S1 处于正相关的微生物属较多, 各采样点存在不同数量呈正相关的微生物属。因干旱高盐、低温大温差及高蛋白饮食三重差异, 表现出耐盐弓形菌属(*Arcobacter*)与嗜冷菌显著富集的特点。【结论】乌鲁木齐市 9 座污水处理厂微生物群落以细菌为主导, 具有特定的属和种组成, 综合性污水处理厂微生物多样性更丰富, 且不同采样点微生物群落结构存在空间分布差异, 为区域生物安全预警和城市生态系统健康评估提供了基线数据。

关键词: 生物安全风险; 微生物; 污水处理厂; 宏基因组测序

## Microbial community characteristics in municipal wastewater treatment plants in Urumqi

YANG Qingyue<sup>1</sup>, YANG Jiandong<sup>2</sup>, MA He'er<sup>2</sup>, TIAN Feng<sup>3</sup>, LIU Zhencheng<sup>1</sup>, LI Duoqiao<sup>1</sup>, LI Baojun<sup>1</sup>, LU Yaoqin<sup>1,4\*</sup>

1 School of Public Health, Xinjiang Medical University, Urumqi 830017, Xinjiang, China

2 The Center for Disease Control and Prevention of Urumqi (Municipal Health Supervision Institute), Urumqi 830026, Xinjiang, China

3 Xinjiang International Travel Healthcare Center (Urumqi Customs Port Outpatient Department), Urumqi 830011, Xinjiang, China

4 The Center for Disease Control and Prevention of Xinjiang Uygur Autonomous Region (Xinjiang Academy of Preventive Medicine, Xinjiang Public Health Laboratory Testing Center), Urumqi 830002, Xinjiang, China

**Abstract:** [Background] In the context of globalization and rapid advancements of biotechnology, the biosafety risks associated with microorganisms have aroused increasing concern, integrated into the national security system. Urumqi is a key node city in northwest China, and its wastewater treatment plants contain biosafety markers such as pathogenic microorganisms, which can serve as early warning signals for potential threats. [Objective] This study focuses on the microbial communities in the wastewater treatment plants of Urumqi. By analyzing the structural characteristics, diversity distribution, and potential biological risks of these communities, we aim to provide a scientific foundation for preventing the transmission of cross-border pathogens and maintaining regional bio-security. [Methods] Water samples were collected at a depth of 0.5 m from each of nine typical wastewater treatment plants in Urumqi in August 2024. After processing, the samples underwent metagenomic sequencing. R (v4.4.2) was used for statistical analyses. Specific R packages were employed to calculate the  $\alpha$ -diversity indices of bacteria and viruses, and non-parametric Kruskal-Wallis  $H$  tests were conducted to identify differences among the samples. Principal coordinate analysis (PCoA) based on Bray-Curtis distance and ANOSIM tests were performed to further understand the variations in microbial community structures across different sample groups. [Results] At the genus level, 300 microbial genera were detected, including 282 bacterial genera (94%), 2 fungal genera (0.67%), and 16 viral genera (5.33%), among which *Aliarcobacter* and *Bacteroides* were dominant. At the species level, 864 microbial species were identified, among which *Aliarcobacter cryaerophilus* and *Cetobacterium somerae* had high relative abundance. Alpha

diversity analysis showed that the wastewater treatment plants S5 and S7 with integrated treatment processes had higher microbial diversity (Shannon indices of 3.398 and 3.421, respectively). Beta diversity analysis indicated overall similar microbial community structures across three sample groups, with no significant differences (ANOSIM  $R^2=0.32$ ,  $P>0.05$ ), though sample S4 deviated. Cluster heat-map analysis confirmed spatial distribution differences in microbial survival adaptability at various sampling points, with S9 and S1 having more positively correlated genera and different numbers of such genera at each point. The unique combination of arid hypersalinity, large low-temperature fluctuations, and a high-protein diet drove marked enrichment of halotolerant *Arcobacter* and psychrophiles. **[Conclusion]** The microbial communities in the nine wastewater treatment plants in Urumqi are dominated by bacteria, with specific genera and species. The plants with integrated treatment demonstrate higher microbial diversity and more pronounced spatial distribution differences in community structure. These findings provide valuable baseline data for regional biosurveillance and assessment of urban ecosystem health.

**Keywords:** biosafety risk; microorganism; wastewater treatment plant; metagenomic sequencing

微生物无处不在，与人类长期共存<sup>[1]</sup>。随着科学技术的发展，人类面临微生物所带来的风险也在增加，当前的全球化进程加速了微生物的跨境传播，而生物技术的进步也为生物恐怖主义提供了潜在工具<sup>[2]</sup>。其中，由微生物特别是致病性微生物带来的突发传染病的流行、动植物病害、生物恐怖主义等生物安全风险给我国社会的各个方面乃至国家安全都带来了严重危害和巨大威胁<sup>[1]</sup>。面对微生物安全的新形势、新任务和新挑战，我国将生物安全纳入国家安全体系<sup>[3]</sup>，生物安全已成为 21 世纪国家安全体系的核心议题<sup>[4]</sup>。

乌鲁木齐市作为新疆维吾尔自治区首府城市和“一带一路”经济核心区，其地理位置使其成为我国西北边疆生物安全监测的关键节点<sup>[5]</sup>。中亚地区生态系统与新疆高度连通，动植物及微生物可通过自然迁徙、贸易往来等渠道跨越边界。因此，监测乌鲁木齐市的微生物群落动态对于防范跨境生物安全风险具有重要意义。污水处理厂是城市生态系统中微生物的重要集散地，城市污水中包含人类排泄物、工业废水及地表径流，其微生物群落结构可反映区域内病原体的流行趋势、耐药基因的扩散情况及潜在

的生物安全威胁<sup>[6]</sup>。例如，2020 年荷兰某污水处理厂通过 RT-qPCR 技术成功检测到 SARS-CoV-2 RNA，比当地首例临床确诊病例早了 3 周，为疫情的早期预警提供了重要依据<sup>[7]</sup>。此外，污水处理厂的生物处理过程可能富集具有环境适应性的病原体，如军团菌(*Legionella* sp.)、诺如病毒等，这些微生物在特定条件下可能通过气溶胶传播或水体泄漏引发公共卫生事件。例如，中国香港某污水处理厂的废水监测网络在废水中检测到猴痘病毒的弱信号，当时首例猴痘患者的基因组测序为结果的有效性提供了确认证据<sup>[8]</sup>。这些研究共同证明了废水监测作为公共卫生预警工具的巨大潜力。乌鲁木齐市现有 14 座污水处理厂，日处理能力达 120 万 t，服务人口超过 400 万，其污水来源包括生活污水(占比 65%)、工业废水(25%)及地表径流(10%)<sup>[9]</sup>。由于地处干旱区，污水处理厂的出水多用于农业灌溉，微生物群落的变化可能直接影响土壤生态系统和农作物安全<sup>[10]</sup>。此外，乌鲁木齐市周边存在多个自然保护区，如天山一号冰川，其生态系统与城市污水系统存在潜在交互作用。因此，解析污水处理厂的微生物群落结构不仅有助于评估城市生态安全，还可为区域生

物安全预警提供数据支持。

然而,当前乌鲁木齐市及周边地区的环境微生物群落研究多集中在土壤微生物多样性及其影响因素分析、冰山表层雪微生物多样性研究等方面<sup>[11-13]</sup>。城市污水微生物现存状态数据几乎空白,缺乏基线数据支持风险评估。区别于传统微生物检测依赖于培养和分离技术<sup>[14]</sup>,宏基因组学技术通过直接提取环境样本中的全部DNA进行测序。本研究通过对乌鲁木齐市9个污水处理厂的水体样本进行宏基因组测序,以期全面解析微生物群落的结构特征及潜在风险,为区域内微生物群落构建基线数据,解析污水中细菌和病毒的组成,检测病原体及新型微生物,并且识别潜在生物安全风险。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域概况

乌鲁木齐市(86°37′-88°58′E, 42°45′-45°00′N)地处亚欧大陆腹地,天山北麓,准噶尔盆地南缘,属于中温带大陆性干旱气候,温差大,降水少日照充足,寒暑变化明显,年平均气温为6.4℃,年降水量为236 mm,累计年平均日照2 771.8 h。市区三面环山,地势东南高、西北低,呈梯级分布,最高海拔(天山博格达峰顶)5 445 m,最低海拔(猛进水库的大渠南侧)490.6 m,平均海拔800 m,地形地貌多样,以山地地貌为主,其次是盆地、丘陵和平原等。乌鲁木齐市的行政区划包括7个市辖区和1个县,总面积为1.38万km<sup>2</sup>。

### 1.2 主要试剂和仪器

Agencourt AMPure XP 磁珠和 Agencourt SPRIselect 核酸片段筛选试剂盒, Beckman Coulter 公司; T4 DNA 聚合酶、T4 DNA 连接酶和 T4 多聚核苷酸激酶, 翌圣生物科技(上海)股份有限公司; dNTPs, ThermoFisher Scientific 公司; 聚合酶(高保真), 苏州近岸蛋白质科技股份有限公司; DNeasy PowerWater Kit, Qiagen 公司; KAPA Library Quantification Kit 和 KAPA

SYBR FAST Master Mix (2×), Roche Diagnostics International Ltd.公司。Qubit 3.0 荧光定量仪和 NanoDrop One 微量紫外分光光度计, Thermo Fisher Scientific 公司; Agilent 5400 system, 安捷伦科技有限公司; Illumina NovaSeq 6000 平台及 NovaSeq 6000 Flow Cell, Illumina 公司; 聚焦超声破碎仪, Covaris 公司。

### 1.3 样本采集数量及方法

按照参考文献[15]方法进行采样。采样时间为2024年8月,共9个采样点。选取乌鲁木齐市主要的9个污水处理厂,包括头屯河区3个污水处理厂(S1, S3, S7)、米东区1个污水处理厂(S2)、达坂城区2个污水处理厂(S4, S9)、高新技术产业开发区3个污水处理厂(S5, S6, S8),共计9个样本。将其按照功能性分为工业废水处理厂(industrial wastewater treatment plant, IWTP) (S1-S2)、生活污水处理厂(residential sewage treatment plant, RSTP) (S3-S4)、综合性污水处理厂(comprehensive sewage treatment plant, CSTP) (S5-S9)。每处各取3份水样,混为1份,每份标本量不少于3张水体滤膜,共计9份水样。使用便携式采样器在每个采样点水下约0.5 m处采集水体样本5 L置于无菌处理的窄口玻璃瓶内,水体经孔隙直径0.22-0.45 μm的无菌水体滤纸膜抽真空过滤,保留滤膜作为送检标本。所有水体样本采集后及时放置在-4℃条件下避光保存以待进一步分析。具体采样点分布位置见表1。

### 1.4 样本微生物分析

#### 1.4.1 宏基因组测序

选择采集后处理好的样本开展宏基因组测序分析,解析微生物群落组成。

DNA提取:使用DNeasy PowerWater Kit提取水体滤膜样本总DNA<sup>[15]</sup>;经1%琼脂糖凝胶电泳、NanoDrop One (A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> 1.8-2.0)及Qubit 3.0 (≥20 ng/μL)质检合格后,利用破碎仪将质量合格的基因组DNA片段化处理并进行质量控制,

表 1 采样点分布

Table 1 Distribution of sampling points

分组	采样点	经度	纬度
Group	编号	Longitude (E)	Latitude (N)
	Site		
工业废水处理厂	S1	87°25'3"	43°55'233"
Industrial wastewater treatment plant (IWTP)	S2	87°42'23.29"	44°0'38.48"
生活污水处理厂	S3	87°19'47.150"	43°51'18.990"
Residential sewage treatment plant (RSTP)	S4	87°42'48.24"	43°36'3.28"
综合性污水处理厂	S5	87.6°	43.92°
Comprehensive sewage treatment plant (CSTP)	S6	87°39'40.743"	44°1'42.767"
	S7	87°26'43.38"	43°49'32.82"
	S8	87°42'35.115"	43°59'1.024"
	S9	88°18'25.1"	43°21'29"

对 DNA 片段进行末端修复和 3'端加“A”尾处理,以准备连接 Illumina 测序平台的测序接头。使用 T4 DNA 连接酶将 Illumina 测序接头连接至 DNA 片段,并利用 Agencourt SPRIselect 核酸片段筛选试剂盒筛选合适大小的 DNA 片段,以构建适合测序的文库。

构建文库:使用 Agilent 5400 system 检测文库片段分布后,采用 KAPA Library Quantification Kit 进行 RT-qPCR 精确定量<sup>[16]</sup>。模板为 1 μL 1:1 000 稀释后的文库 DNA;引物为 Illumina P5 (5'-AATGATACGCGACCACCGA-3')和 P7 (5'-CAAGCAGAAGACGGCATAACGAGAT-3'),终浓度 400 nmol/L。反应体系(20 μL): KAPA SYBR FAST Master Mix (2×) 10 μL,引物各 0.8 μL,模板 1 μL,无核酸水 7.4 μL。PCR 反应条件:95 °C 3 min; 95 °C 5 s, 60 °C 30 s, 40 个循环;熔解曲线 60–95 °C,每步升温 0.5 °C,维持 5 s。根据标准曲线计算文库浓度并稀释至 2 nmol/L,确保文库质量符合测序要求。随后将定量后的文库加载至 Illumina NovaSeq 6000 平台,在 NovaSeq 6000 Flow Cell 上进行桥式 PCR 扩增,完成簇生成后在 Illumina 平台 PE150 模式下进

行高通量测序,得到原始数据。

质量控制:使用 FASTP 软件进行质量控制、去除低质量序列和冗余序列,然后进行序列组装,将短读段拼接成更长的连续序列(contigs)。

物种注释和功能注释:使用 Kraken2 数据库进行物种注释,得到物种组成信息。物种注释结果与 NCBI GenBank 数据库进行比对分析,以确定微生物的种类组成和功能特性。

#### 1.4.2 测序数据处理

在 R (v4.4.2) 中采用“vegan”“ggplot2”“reshape”“Phyper”等程序包计算 4 种不同来源样本中细菌和病毒的 α 多样性指数(Chao1 丰度指数、Shannon 多样性指数、Pielou 均匀度指数),并使用非参数 Kruskal-Wallis *H* 检验分析不同来源样本中细菌和病毒的多样性指数的差异性( $P < 0.05$  为差异具有统计学意义)。基于微生物群落 Bray-Curtis 距离使用主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA)并结合 ANOSIM 统计测试来确定不同样本组微生物群落结构之间是否具有显著性差异,计算伪 *F* 统计量和 *P* 值( $\alpha = 0.05$ ),检验组间差异是否大于组内差异;*R* 值越大,组间差异程度越高。

## 2 结果与分析

### 2.1 微生物群落结构

#### 2.1.1 微生物群落及物种组成

通过与 NCBI GenBank 数据库进行比对分析物种注释后,为了更好地了解微生物菌群结构,分别从微生物属水平和种水平分析,基于基因片段进行分类注释。

在属水平上(图 1),9 个样本中检测到微生物 300 个属,包含 282 种细菌、2 种真菌、16 种病毒。9 个采样点样本在属分类水平上的相对丰度存在差异,在所有样本中,相对丰度较高的前 5 个属包括另类弓形菌属(*Aliarcobacter*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、塞加塔式菌属(*Segatella*)和居海事城球杆菌属(*Phocaeicola*)。其中,*Aliarcobacter* 相对丰度除了在样本 S4

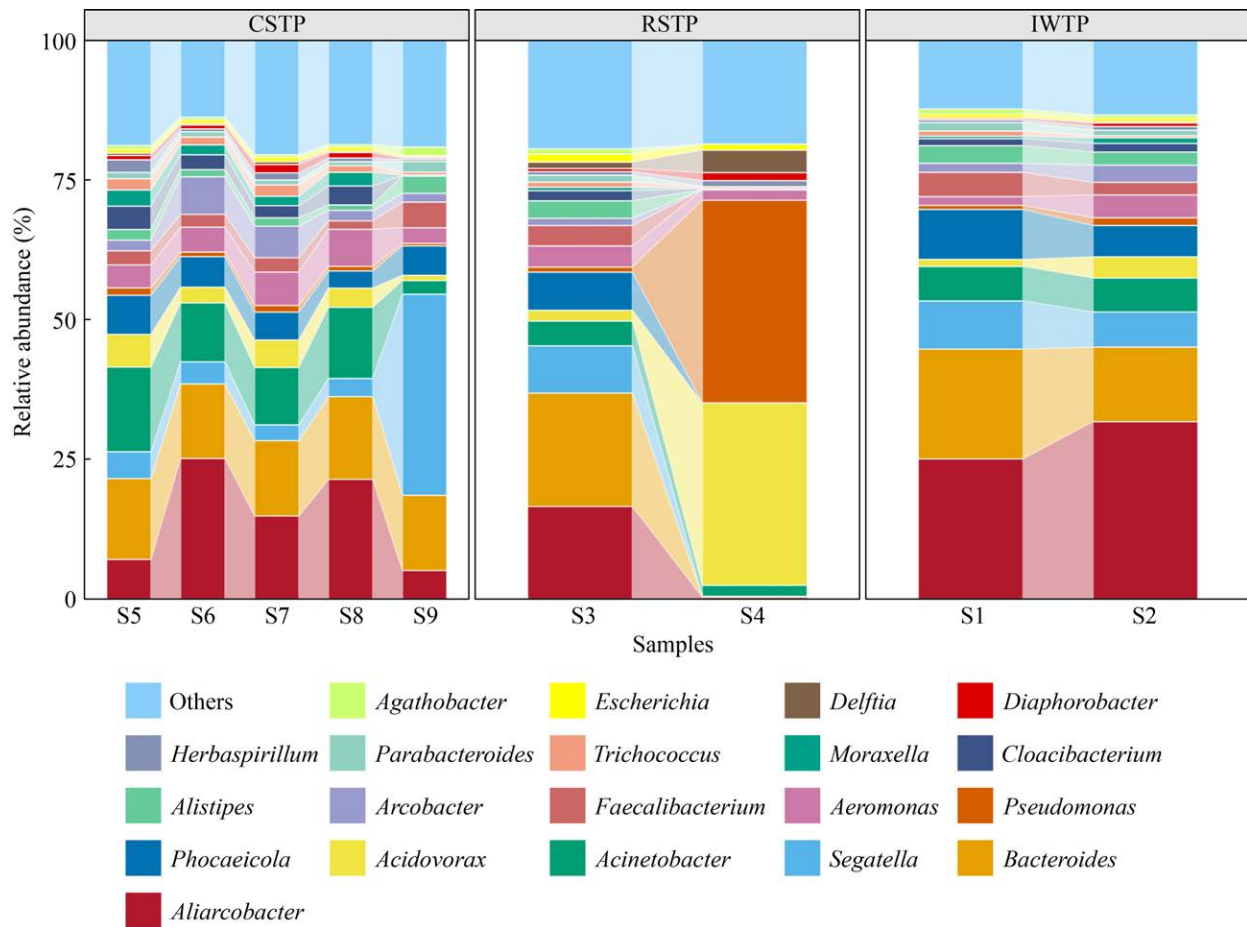


图 1 属水平上物种相对丰度堆积柱状图 IWTP: 工业废水处理厂; RSTP: 生活污水处理厂; CSTP: 综合性污水处理厂。

Figure 1 Stacked bar chart of the relative abundance of species at the genus level. IWTP: Industrial wastewater treatment plant; RSTP: Residential sewage treatment plant; CSTP: Comprehensive sewage treatment plant.

(0.31%)中占比较少, 在其他样本如 S2 (31.69%)、S6 (25.09%)、S1 (25.01%)和 S8 (21.35%)中的占比都相对较高。*Bacteroides* 相对丰度除了在样本 S4 (0.15%)中占比较少, 在其他样本如 S3 (20.24%)和 S1 (19.67%)中占比都相对较高。*Acinetobacter* 相对丰度在 S5 (15.17%)、S8 (12.74%)和 S6 (10.57%)样本中占比较高。*Segatella* 相对丰度在 S9 (15.17%)、S1 (8.64%)和 S3 (8.45%)样本中占比较高。*Phocaeicola* 相对丰度在 S1 (8.95%)、S5 (7.02%)和 S3 (6.83%)样本中占比较高。

进一步分析表明, 不同样本中微生物群落的

组成具有明显的特异性。例如, 在样本 S4 中相对丰度最高的 2 个属为假单胞菌属(*Pseudomonas*)和食酸菌属(*Acidovorax*), 其相对丰度分别达到约 36.31%和 32.53%。而在样本 S7 和 S8 中, 除了上述前 5 类, 气单胞菌属(*Aeromonas*)的相对丰度也较高, 分别约为 5.97%和 6.64%。在所有污水样本中, 另类弓形菌属(*Aliarcobacter*)和拟杆菌属(*Bacteroides*)是污水中微生物属水平上的主导属, 另类弓形菌属的部分物种已被证实具备在缺氧或低营养环境下生存的能力, 其高丰度暗示污水中可能存在局部缺氧区域或复杂的有机底物代谢途径<sup>[17]</sup>; 而拟杆菌属作为典型

的多糖降解菌，其优势地位可能与污水中富含碳水化合物类污染物密切相关。此外，样本 S4 中假单胞菌属和食酸菌属显著富集，提示该样本可能受到重金属与有机污染的协同影响。

在种水平上(图 2)，对 9 个污水样本的微生物群落进一步深入探究，共鉴定出 864 个微生物属，包含 118 种细菌和 5 种病毒。与属水平分析一致，不同样本在种水平上的相对丰度同样存在明显差异。深入研究发现，喜冷气另类弓形菌(*Aliarcobacter cryaerophilus*)、粪便塞加塔式菌(*Segatella copri*)、中等食酸菌(*Acidovorax temperans*)、约氏不动杆菌(*Acinetobacter johnsonii*)和普通居海事城球杆菌(*Phocaeicola vulgatus*)为相对丰度最高的前 5 个微生物种。其中，*Aliarcobacter cryaerophilus* 相对丰度除了在样本 S4 (0.29%)中占比较少，在其他样本如 S1 (24.28%)、S2 (30.59%)、S3 (15.98%)、S6 (24.31%)、S8 (20.76%)中的占比都相对较高。*Segatella copri* 在样本如 S1 (8.52%)、S3 (8.34%)、S9 (32.75%)中的占比相对较高。*Acidovorax*

*temperans* 在样本 S4 (31.60%)中的占比最高。*Acinetobacter johnsonii* 在样本 S5 (9.46%)、S6 (6.40%)、S7 (6.38%)、S8 (7.83%)中的占比相对较高。*Phocaeicola vulgatus* 在样本 S1 (7.02%)、S2 (4.40%)、S3 (5.15%)、S5 (5.30%)、S6 (4.22%)、S9 (4.32%)中的占比相对较高。这些微生物在污水样本中展现出各自独特的生态功能和适应性。喜冷气另类弓形菌在低温环境下能够生长繁殖，可能在污水的低温处理过程中发挥潜在作用；中等食酸菌则可能在酸性环境或特定有机污染物的降解过程中发挥重要作用。

### 2.1.2 不同污水样本中病毒物种组成

病毒在污水处理系统的微生物生态中发挥关键作用，其可通过侵染并裂解细菌显著调控细菌群落的结构与功能。不同样本中病毒种类的分布结果如图 3 所示，病毒群落呈现显著异质性分布。

在属水平鉴定出的 16 种病毒，相对丰度最高的前 5 类病毒依次为费罗兹布尔病毒属(*Ferozepurvirus*)、卡尔吉病毒属(*Carjivirus*)、布

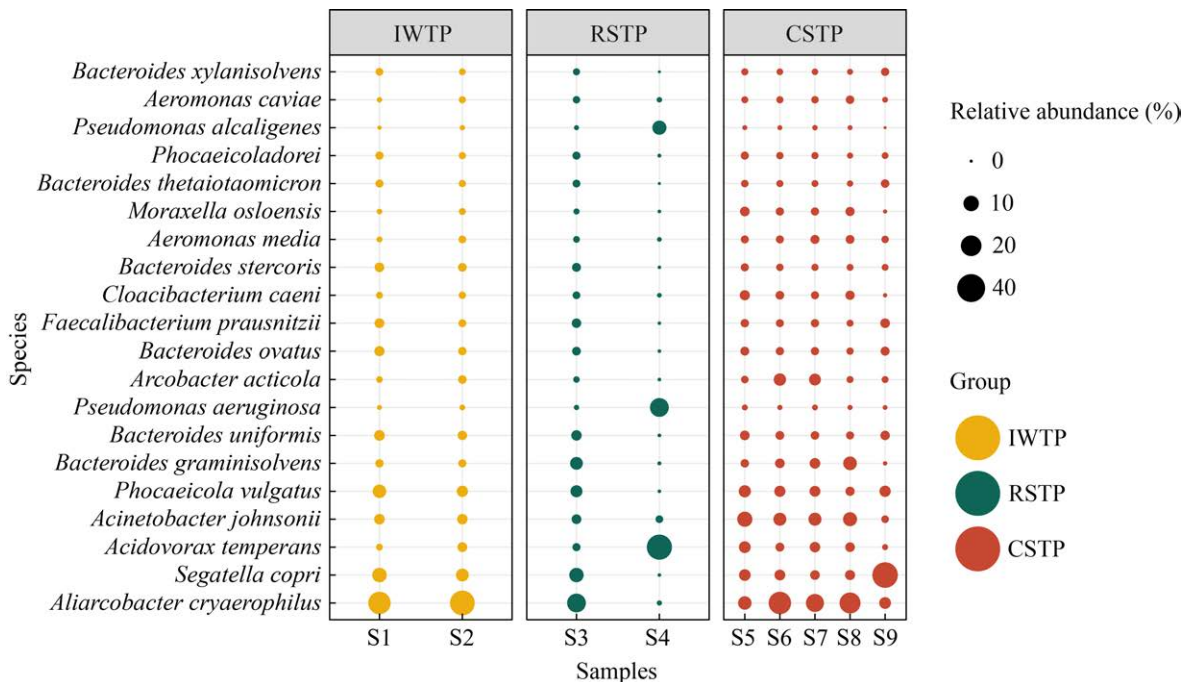


图 2 种水平上不同样本组间物种组成气泡图

Figure 2 Bubble chart of species composition among different sample groups at the species level.

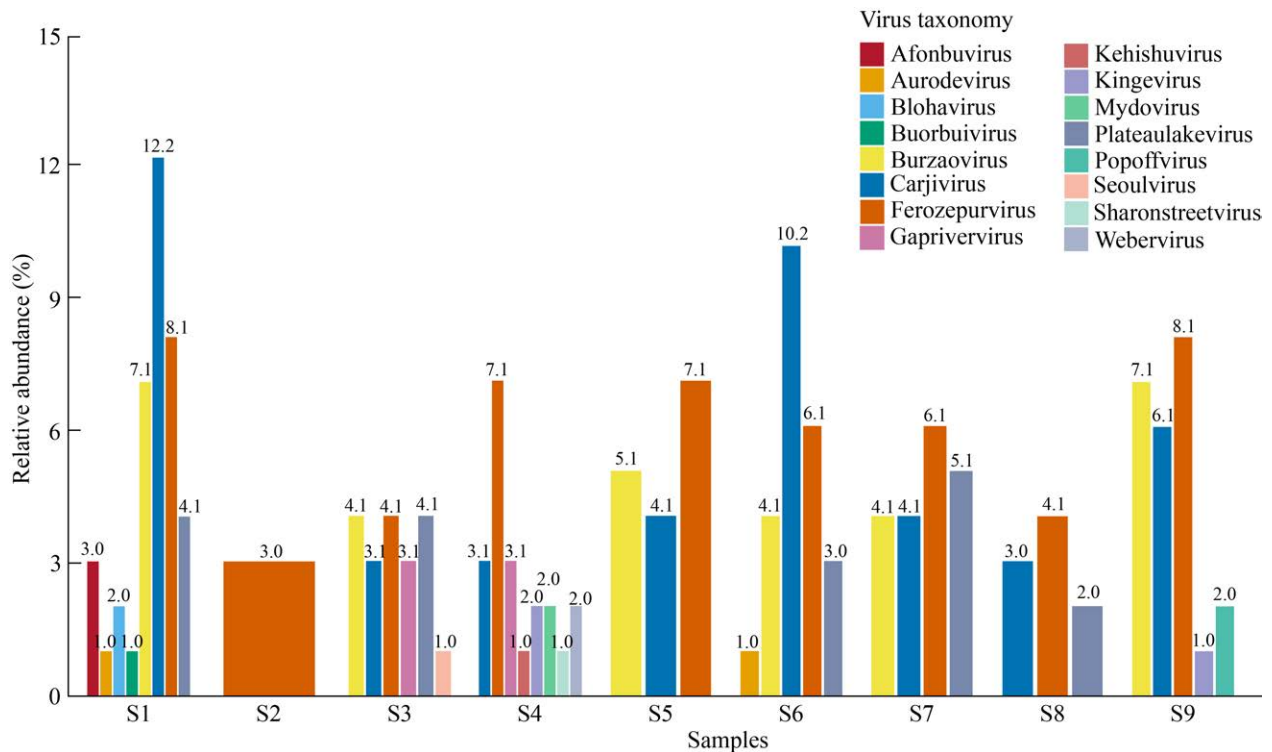


图3 不同样本间病毒相对丰度对比条形图

Figure 3 Bar Chart of comparison of relative abundances of viruses among different samples.

尔扎病毒属 (Burzaovirus)、高原湖病毒属 (Plateaulakevirus)、加普河病毒属 (Gaprivervirus)。其中 S1 与 S4 样本的病毒种类最为丰富, 均检测到 8 种病毒, 反映出这 2 个样本病毒生态位分化程度可能较高。

从整体分布来看, 不同样本的病毒相对丰度存在明显差异。多样化群落结构(以 S1 为例): S1 样本中 Carjivirus 相对丰度最高(12.2%), Gaprivervirus (8.1%)、Buorbuvirus (7.1%)等多种病毒协同存在, 体现出病毒群落的多元性与复杂性。简单化群落结构(以 S2 为例): S2 样本中单一病毒类别占据主导(相对丰度 3.0%), 病毒群落结构简单, 可能与该样本特定环境筛选压力(如污染物类型、水力条件等)相关。均衡化群落结构(以 S3 为例): S3 样本内 Buorbuvirus、Gaprivervirus 等多种病毒相对丰度相近(约 4.1%), 呈现均衡化分布态势, 表明病毒间生态位竞争相对缓和, 群落稳定性较高。

在低丰度病毒(相对丰度>0.01)的分布上, 如 S4 中, Ferozepurvirus、Gaprivervirus 等病毒相对丰度维持在 0.031 水平, 而 Sharonstreetvirus、Webervirus 等相对丰度为 2.0%, 显示出低丰度病毒类别的多样性; S5-S9 中, 各类病毒相对丰度在 1.0%-10.2% 区间波动, 进一步印证了病毒群落结构在样本间的差异化。污水中病毒群落的种类多样性与丰度分布受样本环境显著影响, S1、S4 的高多样性反映复杂生态位需求, 而样本间丰度差异揭示了病毒群落对环境筛选的响应机制。

## 2.2 微生物多样性分析

### 2.2.1 $\alpha$ 多样性分析

通过计算不同采样点内样本的  $\alpha$  多样性指数, 可评估不同样本内微生物群落的多样性, 分别计算了 Shannon 指数和 Simpson 指数(表 2), Shannon 指数越大, 表明样品微生物多样性越丰富; Simpson 指数越大, 说明群落中优势物

表 2 不同组别多样性指数差异

Table 2 Effect of different inoculation on dry-cured beef's sensory value

分组 Group	样本 Site	Shannon index	Simpson index	InvSimpson	Pielou evenness index	P value
IWTP	S1	2.823	0.874	12.625	0.573	>0.05
	S2	2.888	0.864	9.463	0.578	
RSTP	S3	3.260	0.911	22.002	0.628	>0.05
	S4	2.273	0.758	7.371	0.460	
CSTP	S5	3.398	0.932	34.895	0.658	>0.05
	S6	3.016	0.893	13.427	0.605	
	S7	3.421	0.933	26.929	0.662	
	S8	3.155	0.904	16.339	0.621	
	S9	2.765	0.840	8.428	0.578	

种较为突出<sup>[18]</sup>。为了评估表征多样性的均匀度, 计算了 Pielou evenness (1 966) 指数, 并以 Good's coverage (1 953) 指数表征覆盖度。Good's coverage 覆盖度指数均大于 0.99, 表明已经包含了大部分微生物。9 个采样点的 Shannon 指数为 2.273–3.421, Simpson 指数为 0.758–0.933, 其倒数 InvSimpson 指数结果与 Simpson 指数趋势一致。在采样点 S7 中, 2 个多样性指数(Shannon 指数、Simpson 指数)均最高, 表明 S7 号采样点的微生物多样性最丰富。此外, S5 采样点的 2 个多样性指数值仅次于 S7 号采样点。S5 和 S7 两处采样点均为综合性污水处理厂, 相较于其他类型多样性指数更高, 表明综合性污水处理厂微生物多样性更为丰富。通过非参数 Kruskal-Wallis  $H$  检验分析不同组别(CSTP, IWTP, RSTP)样本的微生物群落多样性指数差异(图 4), 发现不同采样点之间 Shannon 指数、Simpson 指数不存在显著性差异( $P>0.05$ )。

### 2.2.2 $\beta$ 多样性分析

采用基于 Bray-Curtis 的 PCoA 展示不同组别(CSTP, IWTP, RSTP)样本的微生物群落组成差异。第 1 主成分(PCoA1)解释了原始数据的 58.7% 的变异; 第 2 主成分(PCoA2)解释了 24.7% 的变异(图 5)。ANOSIM 分析结果显示,  $R^2=0.32$ ,  $P=0.31$ , 表明组间微生物群落结构无显著性差异( $P>0.05$ )。其中样本 S4 距离大多数样本较远,

可能表明该样本的微生物群落组成与其他大多数样本存在较大差异。

### 2.3 微生物与采样点热图分析

从不同采样点与微生物属水平之间的相关热图(图 6)可以看出, 不同采样点之间的微生物正相关的属种类不相同。采样点 S9 和 S1 处于正相关的微生物属水平较多。其中, S9 采样点 3 个属相关系数 $\geq 1$ , 分别是 *Segatella* (2.58)、丁酸单胞菌属(*Butyricimonas*) (2.40)、臭气杆菌属(*Odoribacter*) (2.13)。S1 采样点正相关的微生物属水平有 6 个属, 分别是巴恩斯氏菌属(*Barnesiella*) (1.76)、*Bacteroides* (1.05)、*Phocaeicola* (1.46)、副普雷沃氏菌属(*Paraprevotella*) (1.54)、幼婴粪杆菌属(*Coprobacter*) (1.97)、氧化硫单胞菌属(*Sulfurimonas*) (1.33)。S3 采样点正相关的微生物属水平有 4 个属, 分别是 *Barnesiella* (1.77)、解黄酮菌属(*Flavonifractor*) (1.78)、*Bacteroides* (1.15)、硫化螺旋菌属(*Sulfurospirillum*) (1.22)。S4 采样点正相关的微生物属水平为岩石单胞菌属(*Petrimonas*) (1.84)。S2 采样点正相关的微生物属水平为 *Sulfurimonas* (1.33)。S5 采样点正相关的微生物属水平包括黄杆菌属(*Flavobacterium*) (2.09)和管道杆菌属(*Cloacibacterium*) (1.66)。S6 采样点正相关的微生物属水平包含弓形菌属(*Arcobacter*) (1.88)。S7 采样点正相关的微生物属水平有 5 个属, 包括屠宰场拟杆菌属

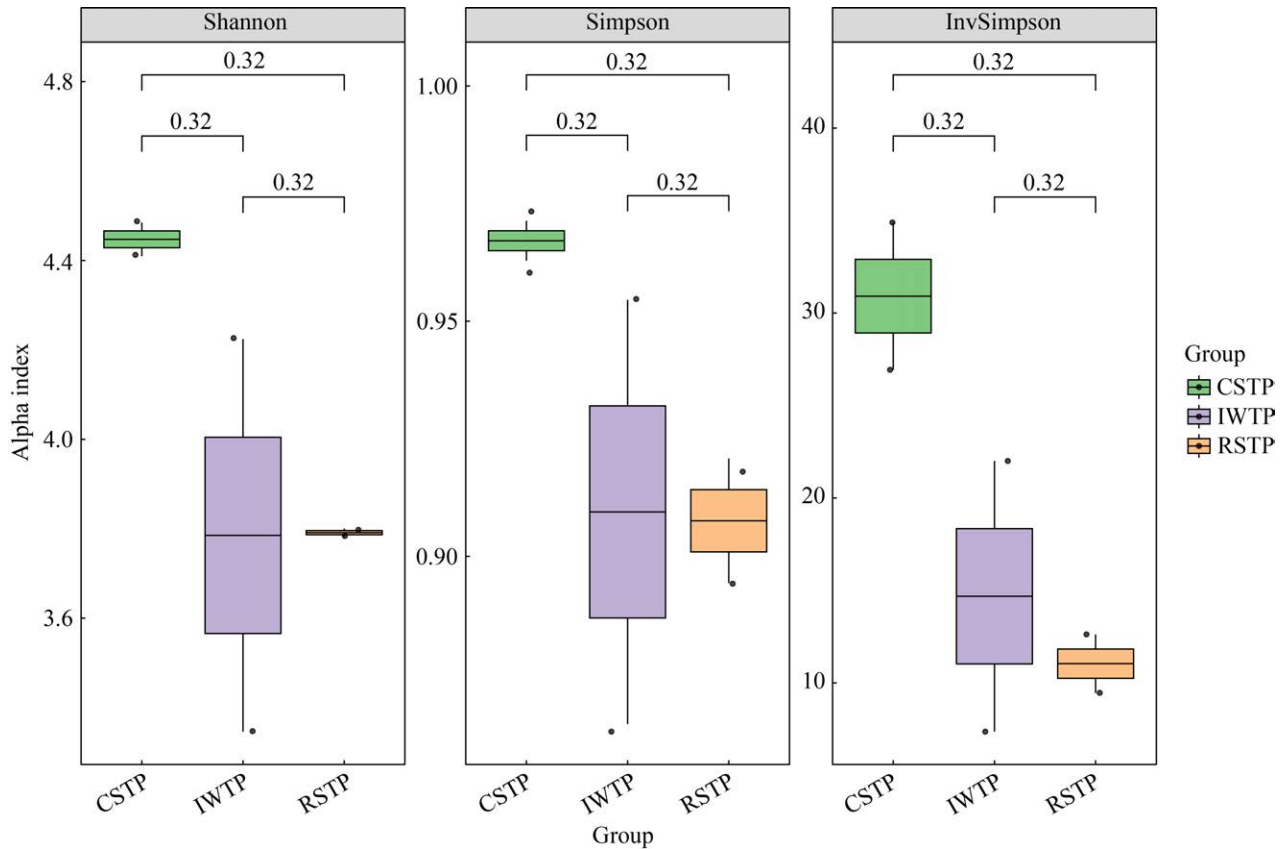


图4 分组  $\alpha$  多样性指数差异比较箱线图

Figure 4 Grouped boxplot for comparison of alpha-diversity index differences.

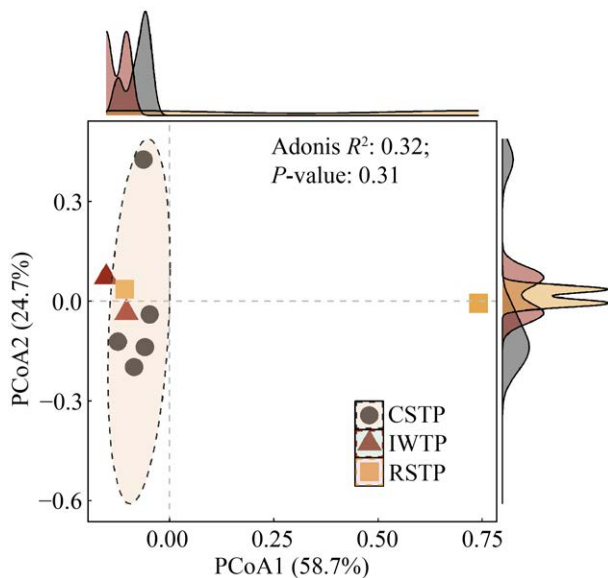


图5 种水平上微生物群落间主坐标分析

Figure 5 Principal coordinate analysis (PCoA) of Microbial communities at the species level.

(*Macellibacteroides*) (1.48)、*Sulfurimonas* (1.34)、*Arcobacter* (1.38)、石面单胞菌属(*Epilithonimonas*) (1.88)、类香味菌属(*Paenimyroides*) (1.83)。S8 采样点正相关的微生物属水平有 6 个属, 包括 *Cloacibacterium* (1.08)、金黄杆菌属(*Chryseobacterium*) (1.18)、*Macellibacteroides* (1.67)、稳杆菌属(*Empedobacter*) (2.23)、*Sulfurospirillum* (2.04)、*Epilithonimonas* (1.20)。因此, 从不同采样点与微生物属水平的热图相关性验证了不同采样点微生物的存活情况。

### 3 讨论

#### 3.1 不同污水样本微生物群落组成分析

全面解析乌鲁木齐市污水处理厂污水微生物群落的组成, 解析污水中细菌和病毒的组成, 有利于提高公共卫生预警能力。研究结果显示,

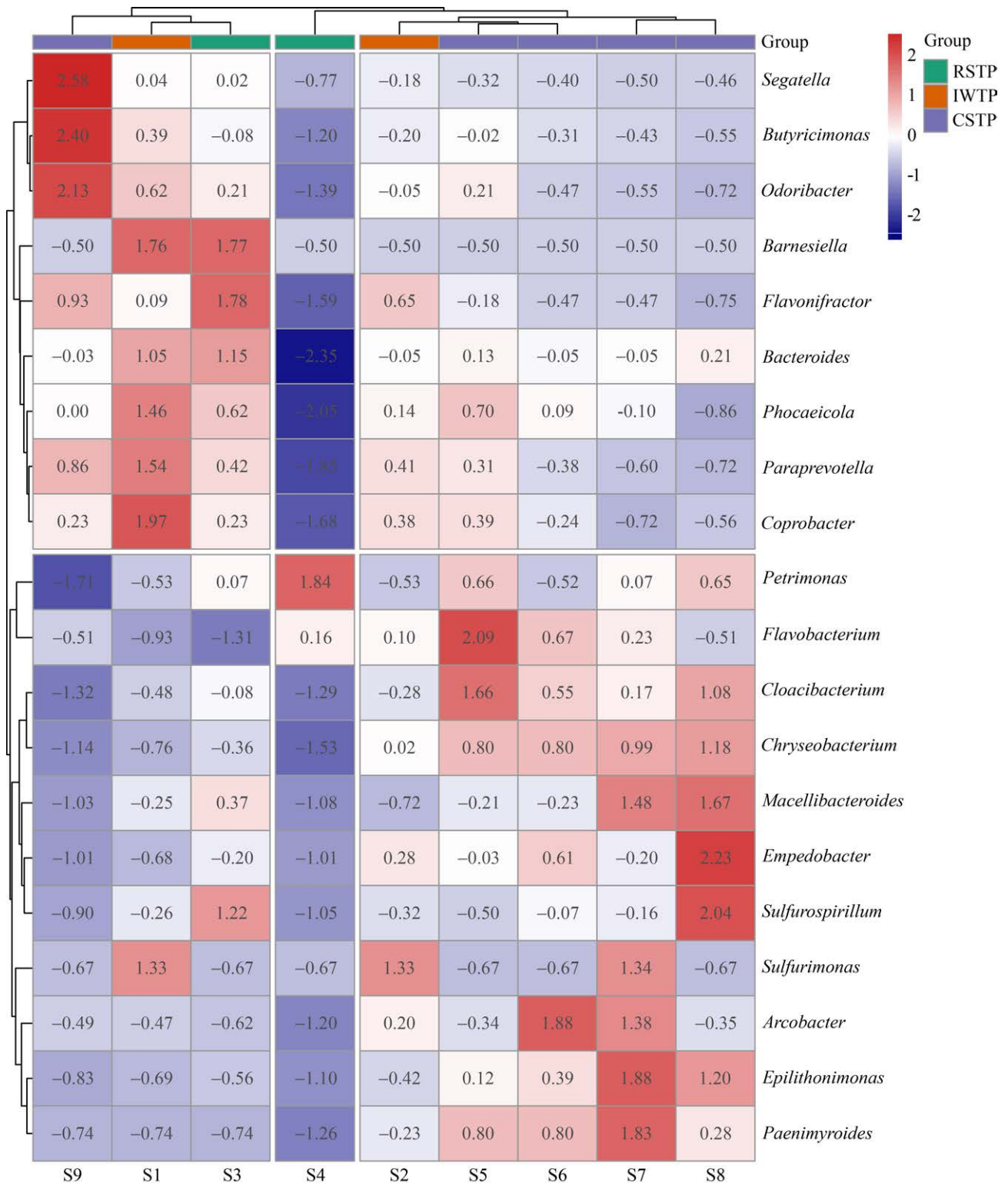


图 6 相对丰度前 20 个属水平的物种聚类热图

Figure 6 Heatmap of species clustering at the genus level for the top 20 genera in terms of relative abundance.

在属水平上, 9 个样本中检测到微生物 300 个属, 包含 282 种细菌 2 种真菌 16 种病毒; 在所有样本中, 相对丰度较高的排名前 5 个属包括另类弓形菌属 (*Aliarcobacter*)、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、塞加塔式菌属 (*Segatella*) 和居海事城球杆菌属 (*Phocaeicola*), 这些属类分别属于变形菌门 (*Proteobacteria*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidetes*), 与徐爱玲等<sup>[19]</sup>发现在青岛麦岛污水处理厂排海过程中微生物种群以变形菌门和拟杆菌门为主导菌群一致。其中, *Aliarcobacter* 作为一种潜在的致病菌群, 是导致人类腹泻最常见的食源性病原细菌之一, 在世界范围内广泛流行<sup>[20]</sup>, 在一些研究水处理系统中微塑料生物膜时被提及。例如, Nguyen 等<sup>[21]</sup>研究发现, *Aliarcobacter* 在污水处理厂的微塑料颗粒上存在, 其在进水和废水的微塑料中均有分布, 表明分类丰度不受废水处理的影响, 这种潜在致病的细菌可能会被释放到环境中, 从而危害人类健康。*Bacteroides* 在污水处理厂的研究中较为常见, 通常作为污水中有机物分解和污染物去除过程中的关键微生物之一。例如, 郭有顺等<sup>[22]</sup>在研究污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落影响的研究中发现, *Bacteroidetes* 在污水处理厂排污口呈上升趋势, 随后在下游采样点呈下降趋势, 这与本文研究结果相似。

另外, *Acinetobacter* 作为污水处理厂中常见的抗生素抗性细菌之一, 在污水除磷、降解有机物等方面具有重要作用。Wu 等<sup>[23]</sup>在对全球 269 个污水处理厂的活性污泥样本研究中发现, 由 28 个 OTU 组成的全球核心群落中, 82% 属于变形菌门 (*Proteobacteria*), 其中 *Acinetobacter* 以 0.22% 的相对丰度位列核心菌群第 27 位, *Acinetobacter* 作为活性污泥核心菌群成员, 该菌属在活性污泥中参与有机污染物降解。尽管总出水口样本经过沉淀等处理环节, 仍能检测到不动杆菌属, 表明其在活性污泥系统中稳定性较强, 可能以游离或附着絮体形式随出水排出,

这也说明可通过出水口样本分析推断活性污泥中的微生物特征。另外, *Segatella* 和 *Phocaeicola* 在目前污水处理厂相关研究中较少深入探究, 通常作为污水微生物群落的一部分被提及, 不过, 在一项对斐济人群肠道微生物组的研究<sup>[24]</sup>中, *Segatella* 被认为是肠道中碳水化合物降解的主要微生物, 在非西方国家广泛存在, 这可能表明该菌在本地区人群肠道微生物中可能广泛存在, 需待进一步研究。*Phocaeicola* 在口腔微生物群落中常见, 有研究表明其与牙周炎等口腔疾病相关, 在牙周炎患者的牙菌斑中丰度显著高于健康人群<sup>[25]</sup>; 在肠道微生物研究<sup>[26]</sup>中, *Phocaeicola* 与炎症性肠病 (inflammatory bowel disease, IBD) 相关, 其在 IBD 患者肠道中的丰度较高。

在种水平上共鉴定出 864 个微生物种, 包含 118 种细菌和 5 种病毒; 不同样本在种水平上的相对丰度同样存在明显差异, 这与属水平分析相一致; 深入研究发现, 喜冷气另类弓形菌 (*Aliarcobacter cryaerophilus*)、粪便塞加塔式菌 (*Segatella copri*)、中等食酸菌 (*Acidovorax temperans*)、约氏不动杆菌 (*Acinetobacter johnsonii*) 和普通居海事城球杆菌 (*Phocaeicola vulgatus*) 为相对丰度最高的前 5 个微生物种, 这些相对丰度高的种类都属于变形菌门 (*Proteobacteria*), 显示城市污水中微生物属和种与自然水源微生物种类差异性较大<sup>[27]</sup>。其中 *Aliarcobacter cryaerophilus* 是一种中温发酵菌, 其最适生长温度为 37–40 °C<sup>[28]</sup>, 而污水处理厂的运行温度通常在这一范围内, 为其提供了适宜的生长环境。一项新西兰的研究通过全基因组测序技术从绿壳贻贝中分离出来 *Aliarcobacter cryaerophilus*<sup>[29]</sup>, 揭示了已知或相关毒力因子的基因组性状, 这可能提示该菌在污水处理过程中具有一定的环境持久性。此外, Lin 等<sup>[30]</sup>发现 *Segatella copri* 与慢性肾脏病 (chronic kidney disease, CKD) 的进程有关, 研究揭示了该菌通过氨代谢影响 CKD 的潜在机制, 表明其在肠道

微生物群落与宿主健康关系中发挥重要作用, 与在斐济人群肠道微生物的研究结果<sup>[24]</sup>有相似之处, 后续可进一步探寻该菌在乌鲁木齐本地人群肠道功能中的作用。不同样本中微生物群落的组成具有明显的特异性。比较特殊的是, 在样本 S4 中相对丰度最高的 2 个属为假单胞菌属(*Pseudomonas*)和食酸菌属(*Acidovorax*), 其相对丰度分别达到约 36.31%和 32.53%。*Pseudomonas* 是分解咖啡因和其他碳源的碳循环参与者之一, 是反硝化过程中的优势微生物<sup>[31]</sup>。*Acidovorax* 则在酸性环境或特定有机污染物的降解过程中发挥重要作用, 但最近一项肿瘤内微生物群与肺癌关系的研究<sup>[32]</sup>发现, 其在肺癌组织中富集, 能够引起肿瘤相关炎症, 从而促进肺癌的发展, 提示其在不同环境中可能发挥着复杂作用。

在鉴定出的 16 种病毒中, 相对丰度最高的前 5 类病毒为费罗兹布尔病毒属(*Ferozepurvirus*)、卡尔吉病毒属(*Carjivirus*)、布尔扎病毒属(*Burzaovirus*)、高原湖病毒属(*Plateaulakevirus*)、加普河病毒属(*Gaprivivirus*)。其中, *Ferozepurvirus* 在 S4 样本中丰度显著, Bai 等<sup>[33]</sup>在工业废水处理厂的病毒群落研究中发现, *Ferozepurvirus* 的分布与重金属污染程度相关, 其宿主可能与具有解毒功能的细菌有关, 但分类地位仍需进一步验证。*Carjivirus* 在 S1 样本中相对丰度最高, *Carjivirus* 的高丰度与特定细菌(如降解芳香烃的菌株)的代谢活性相关, 提示其通过宿主特异性参与污染物降解<sup>[33]</sup>。此外 *Carjivirus* 作为一种双链 DNA 病毒, 国际病毒分类委员会最新报告将其归入肠杆菌噬菌体科(*Intestiviridae*), 主要感染人类肠道中的拟杆菌属细菌, *Carjivirus* 在人类肠道中普遍且丰富<sup>[34]</sup>, 这表明它具有广泛的宿主范围和环境适应性。这种广泛的适应性可能使它在污水处理厂中找到适宜的宿主细菌, 从而在该环境中富集。*Burzaovirus* 和 *Plateaulakevirus* 都属于近年来新发现的 DNA 病毒, 目前在研究文献中报道较少, 2023 年发表

的一项研究中提到, *Burzaovirus* 是一种肠道病毒, 在健康人和 IBD 患者的粪便样本中都有发现, 其基因组结构和复制机制与其他已知病毒有所不同, 复制可能依赖于宿主细胞的线粒体<sup>[35]</sup>。*Burzaovirus* 不仅在人体肠道中存在, 还在环境样本中被发现, Wu 等<sup>[36]</sup>在纳木错湖的研究中发现, *Burzaovirus* 的分布与低温、高紫外线环境相关, 推测其宿主可能适应极端环境的细菌; 另外, 该研究还发现 *Plateaulakevirus* 的序列属于新的病毒分支, 可能代表潜在的新门级分类。但其基因组结构与已知病毒科差异较大, 需进一步进行分类学研究。*Gaprivivirus* 作为一种双链 DNA 病毒在 NCBI 分类数据库中被归类为大肠杆菌噬菌体, 属于肌尾噬菌体科(*Myoviridae*)<sup>[37]</sup>。这类噬菌体在环境中广泛存在, 尤其在污水处理系统中可能通过调控宿主细菌群落影响污染物降解效率。例如, Zhang 等<sup>[38]</sup>在污水处理厂的宏基因组研究中, 通过病毒颗粒浓缩(viral particle concentration, VPC)和非浓缩(non-concentrated, NC)方法解析病毒群落时, 发现 *Gaprivivirus* 所属的肌尾噬菌体科(*Myoviridae*) 在调控细菌代谢中起重要作用。综上, 优势病毒属在不同类型污水处理厂中的分布特征不同, 而新发现病毒类群的分类与适应性机制仍需后续深入探究。

### 3.2 污水中微生物群落多样性分析

通过计算采样点内样本的  $\alpha$  多样性指数, 9 个采样点中 S7 号采样点的微生物多样性最丰富。这一结果表明, S7 号采样点的污水处理厂具有较高的微生物多样性, 这可能与其处理工艺、进水特性及环境条件等多种因素有关。S5 和 S7 两处采样点均为综合性污水处理厂, 相较于其他类型多样性指数更高, 表明综合性污水处理厂微生物多样性更为丰富。其中 S7 又以另类弓形菌属(*Aliarcobacter*)和拟杆菌属(*Bacteroides*) 占比最多, 属水平上分别占该样本全部的 14.62%和 13.18%。

在  $\beta$  多样性分析中, 3 组样本的微生物群落结构未呈现出显著的差异性。其中样本 S4 距

离大多数样本较远,说明该样本的微生物群落组成与其他大多数样本存在较大差异。另外,有资料<sup>[39]</sup>显示该污水处理厂采用了 A/O 生物池工艺,并进行了提标改造,增加了反硝化深床滤池和超滤膜车间等工艺,因为不同的处理工艺为微生物提供了不同的生存环境。其中该样本内最多的假单胞菌属(*Pseudomonas*)和食酸菌属(*Acidovorax*)作为一种反硝化细菌在污水处理厂活性污泥中微生物群落研究中占主导地位<sup>[40]</sup>,都能够降解多种有机污染物,包括多环芳烃、苯酚等难降解的有机物,从而在该环境下成为优势菌属。对比之下,其他污水处理厂可能更注重传统的 A<sub>2</sub>/O 工艺或更简单的活性污泥法,这可能导致微生物群落的差异。

### 3.3 不同采样点热图分析

不同采样点与微生物属水平之间的相关热图分析显示,不同采样点之间的微生物群落存在着显著的差异性。这种差异性主要体现在各个采样点正相关的微生物属种类上。在采样点 S9 和 S1,正相关的微生物属水平相对较多,可能这些区域可能具有较为独特的微环境条件,有利于特定微生物属的生长和繁衍,使得这些微生物属之间能够形成较为紧密的共生或协同关系。例如,S9 采样点有 *Segatella* (2.58)、*Butyricimonas* (2.40)、*Odoribacter* (2.13)这 3 个属表现出强烈的相关性,这或许与该采样点的特定基质成分、pH 值、温度、湿度等环境因素有关,这些微生物属可能在该微环境下共同参与了某些特殊的生态功能过程(如有机物的分解、养分的循环等),从而相互促进并维持了较高的相关性水平有关。而 S1 采样点的 *Barnesiella* (1.76)、*Bacteroides* (1.05)、*Phocaeicola* (1.46)、*Paraprevotella* (1.54)、*Coprobacter* (1.97)、*Sulfurimonas* (1.33)这 6 个属呈正相关,这种丰富的正相关属组合可能反映出该采样点具有较为复杂的微生物生态网络,多种微生物相互协作,在适应当地微环境的同时,共同维持着较为稳定的生态系统功能,如在物质代谢、能量

转换以及与其他生物的互作等方面发挥着重要作用。最后,S4 采样点中正相关的微生物属水平为 *Petrimonas* (1.84),其中 2 个丰度最高的种 *Acidovorax temperans* 和铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)均为中温发酵菌,属于 *Bacteroidetes*,该菌株具有发酵糖类、有机酸和醇类的能力,并在发酵过程中产生乙酸、氢气和二氧化碳<sup>[41]</sup>。另外,*Acidovorax temperans* 在一项关于肺癌组织中微生物群的研究中被发现富集,并能够引起肿瘤相关炎症,从而促进肺癌的发展<sup>[42]</sup>。这一发现表明,*Acidovorax temperans* 在特定环境条件下可能具有致病潜力,这与 S4 样本中另一高丰度属 *Acidovorax* 相关研究相似,能够促进肺癌的发生。这种相关性可能提示该污水处理厂具有较强的有机物降解和转化能力。这种高效的有机物降解和转化能力,确保污水处理厂在处理含有复杂有机物的废水时能够有效去除污染物,提高水质净化效率。

### 3.4 不同地区污水中微生物群落的差异分析

#### 3.4.1 干旱-高盐环境对群落的选择

乌鲁木齐地处干旱区,蒸发强烈,污水盐度普遍高于东部湿润城市。高盐、高渗环境对微生物群落具有强烈筛选作用。Chen 等<sup>[43]</sup>对厦门市市政污水厂活性污泥的研究表明,在低盐( $\leq 1$  g/L)活性污泥中,*Bacteroidetes* (含 *Bacteroides*)丰度可达 12%–44%;而在本研究中,乌鲁木齐各厂普遍检出普通拟杆菌,但其相对丰度总体低于沿海低盐城市;相反,*Aliarcobacter* 耐盐菌属在多数样本中均为优势属,指示干旱区高盐环境对 *Arcobacter* 具有正向筛选作用,与河北张家口(7.43%)<sup>[44]</sup>和深圳(7.4%)<sup>[45]</sup>等低盐地区报道以中温菌为主的群落格局形成鲜明对比,提示干旱区高盐环境是 *Arcobacter* 成为优势菌的重要筛选压力。

#### 3.4.2 低温-大温差季节对嗜冷菌的富集

乌鲁木齐冬季平均气温 $-12$  °C,昼夜温差可达 $15$  °C,全年进厂水温在 $6$ – $20$  °C之间波动。低温

条件显著富集嗜冷菌,本研究检出的 *Aliarcobacter cryaerophilus*、嗜冷杆菌 (*Psychrobacter pulmonis*) 等嗜冷/耐冷菌相对丰度之和达 28.5%, 呈现出典型的“低温适应性”特征。相比之下, 热带城市海口污水厂<sup>[46]</sup>(全年 23–32 °C) 中微生物群落则以四联球状菌属 (*Tetrasphaera*) 等中温聚磷菌 (polyphosphate-accumulating organisms, PAO) 为主, 嗜冷菌缺失; 深圳坂雪岗<sup>[47]</sup>两座亚热带污水处理厂 (wastewater treatment plants, WWTP) 的优势属以海无柄孢囊黏细菌属 (*Haliangium*)、铁锈色杆菌属 (*Ferruginibacter*)、*Cloacibacterium* 等中温菌为主, 嗜冷/耐冷菌也几乎缺失。以上都说明温度差异是导致不同地区功能菌群结构分异的重要原因, 昼夜温差大促使污水溶解氧 (dissolved oxygen, DO)、营养盐浓度波动剧烈, 为具备耐饥饿的 *Aliarcobacter* 提供竞争优势。

### 3.4.3 民族饮食结构对多糖降解菌丰度的影响

民族饮食结构可显著改变污水处理厂多糖降解菌丰度。乌鲁木齐传统饮食以精制谷物与牛羊肉为主, 膳食纤维摄入量相对较少, 但蛋白质及饱和脂肪和碳水化合物摄入量较高。在本研究样本中, 多糖降解菌 *Bacteroides-Phocaeicola-Segatella* 复合群的平均相对丰度为 25.7% (范围 20.5%–30.8%)。有研究对比了意大利儿童 (精制米细面为主) 与非洲布基纳法索农村儿童 (高膳食纤维/杂粮为主) 的饮食结构, 发现高膳食纤维饮食显著提高排泄物多糖/蛋白比值, 而高膳食纤维可专一性富集 *Bacteroides* 等多糖降解菌, 使其相对丰度由 18% 提高至 27%<sup>[48–49]</sup>。乌鲁木齐地区多糖降解菌的高富集可能与高蛋白-高脂饮食或促进蛋白-多糖共代谢有关, 冬季低温及脂肪抑菌效应可能进一步放大这一底物优势。

## 4 结论

### 4.1 微生物群落结构

在属分类水平共检测到 300 个微生物属, 细

菌占比 94%, 真菌占比 0.67%, 病毒占比 5.33%, 另类弓形菌属、拟杆菌属等为优势菌属; 种分类水平鉴定出 864 个微生物种, 喜冷气另类弓形菌、粪便塞加塔式菌等相对丰度较高。不同样本微生物群落组成特异性明显, 如 S4 样本中假单胞菌属和食酸菌属显著富集。病毒在污水处理系统的微生物生态中通过侵染细菌调控群落结构与功能, 不同样本病毒种类分布异质性显著, 其中属水平鉴定出的 16 种病毒中费罗兹布尔病毒属等前 5 类相对丰度最高; S1 与 S4 样本病毒种类最丰富, 不同样本病毒相对丰度存在差异, 如 S1 呈现多样化群落结构、S2 呈现简单化群落结构、S3 呈现均衡化群落结构。此外, 工业废水处理厂污水中微生物群落特异性较高, 反映了微生物群落基因组成特点。

### 4.2 微生物多样性

$\alpha$  多样性分析显示, 综合处理工艺的 S5 和 S7 污水处理厂微生物多样性更丰富, 但不同处理工艺类型污水处理厂间多样性指数差异无统计学意义;  $\beta$  多样性分析表明, 3 组样本微生物群落结构整体相似性较高, 但样本 S4 群落结构偏离明显。

### 4.3 微生物与采样点关系

不同采样点的微生物群落存在显著差异, 主要体现在正相关的微生物属种类上。其中, S9 和 S1 采样点的正相关微生物属种类较多, 表明这些区域的微环境条件有利于特定微生物属的生长和繁衍, 进而形成了较为紧密的共生或协同关系。此外, 其他采样点也有各自独特的正相关微生物属组合, 反映出各采样点微生物群落组成和功能存在明显差异。

### 4.4 不同地区微生物群落差异

相较于其他地区, 乌鲁木齐污水处理厂微生物群落受“地理-气候-生活”三重因素塑造: (1) 地理位置: 深处内陆干旱区, 蒸发强、盐度高, 抑制盐敏感菌 (*Bacteroides* 仅 5.2%), 筛选出耐盐 *Arcobacter* (24.3%), 其丰度远高于沿海地区。(2) 气候: 冬季-12 °C、昼夜温差 15 °C,

全年水温 6–20 °C, 富集嗜冷/耐冷菌(28.5%)。

(3) 生活方式: 传统牛羊肉-精制谷物饮食, 蛋白、脂肪高而膳食纤维低, 多糖降解菌仍达 25.7%, 推测高蛋白-多糖共代谢与低温抑菌协同所致。

### 作者贡献声明

杨清月: 数据收集与分析, 软件程序, 实验操作, 撰写文章; 杨建东: 提出概念, 方案设计、方法论; 马赫尔: 执行调研, 提供材料, 实验操作; 田锋: 验证数据, 提供材料, 实验操作; 刘稹诚: 数据分析管理; 李多娇: 数据验证, 图表制作, 修改文章; 李宝军: 数据分析; 卢耀勤: 项目管理, 监督指导, 审阅, 润色稿件。

### 作者利益冲突公开声明

作者声明没有任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

### REFERENCES

- [1] 司林波. 微生物的多样性与人类生物安全[J]. 人民论坛, 2021(22): 19-23.  
SI LB. Diversity of microorganisms and human biosafety[J]. People's Tribune, 2021(22): 19-23 (in Chinese).
- [2] 丁迪. 超越生物防御: “两用性”安全叙事与美国生物技术政策的演进[J]. 国际安全研究, 2022, 40(6): 113-150, 154.  
DING D. Beyond biodefense: “dual-use” security narrative and evolution of US biotechnology policies[J]. Journal of International Security Studies, 2022, 40(6): 113-150, 154 (in Chinese).
- [3] 余晓迪. 习近平关于生物安全重要论述的三重超越[J]. 南阳师范学院学报, 2024, 23(6): 1-11.  
YU XD. Xi Jinping's triple transcendence of important discourse on biosafety[J]. Journal of Nanyang Normal University, 2024, 23(6): 1-11 (in Chinese).
- [4] 王小理. 生物安全时代: 新生物科技变革与国家安全治理[J]. 国际安全研究, 2020, 38(4): 109-135, 159-160.  
WANG XL. The age of biosecurity: new biotechnology revolution and national biosecurity governance[J]. Journal of International Security Studies, 2020, 38(4): 109-135, 159-160 (in Chinese).
- [5] 毛莉. 总体国家安全观视域下乌鲁木齐市基层应急能力提升路径研究[J]. 中共乌鲁木齐市委党校学报, 2025(1): 44-49.  
MAO L. Research on the paths to improve the grassroots emergency response capacity in Urumqi: based on the perspective of the overall national security concept[J]. Journal of the Party School of CPC Urumqi Municipal Committee, 2025(1): 44-49 (in Chinese).
- [6] 丁贺宁, 惠彩, 龙於洋, 沈东升. 不同环境介质中塑料病原菌的赋存与传播研究进展[J/OL]. 中国环境科学, 2025: 1-19. (2025-01-21). <https://link.cnki.net/doi/10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20250121.005>.  
DING HN, HUI C, LONG YY, SHEN DS. Research progress on the occurrence and dissemination of plastisphere pathogens in different environmental media[J/OL]. China Environmental Science, 2025: 1-19. (2025-01-21). <https://link.cnki.net/doi/10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20250121.005> (in Chinese).
- [7] ALI W, ZHANG H, WANG ZL, CHANG CY, JAVED A, ALI K, DU W, NIAZI NK, MAO K, YANG ZG. Occurrence of various viruses and recent evidence of SARS-CoV-2 in wastewater systems[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 414: 125439.
- [8] ZHENG XW, ZHAO KY, XUE BJ, DENG Y, XU XQ, YAN WF, RONG C, LEUNG K, WU JT, LEUNG GM, PEIRIS M, POON LLM, ZHANG T. Tracking diarrhea viruses and mpox virus using the wastewater surveillance network in Hong Kong, China[J]. Water Research, 2024, 255: 121513.
- [9] 田晶, 王显丽, 徐静静. 乌鲁木齐市再生水利用潜力及存在的问题探析[J]. 吉林水利, 2024(6): 58-62.  
TIAN J, WANG XL, XU JJ. Analysis on utilization potential and existing problems of reclaimed water in Urumqi City[J]. Jilin Water Resources, 2024(6): 58-62 (in Chinese).
- [10] 景琪, 许炜怡, 曾锐, 卢伟, 王硕, 李激. 污水处理厂再生水回用于农田灌溉的影响与效果[J]. 环境工程, 2023, 41(S1): 584-591.  
JING Q, XU WY, ZENG R, LU W, WANG S, LI J. Influence and efficiency of reclaimed water from wastewater treatment plants (wwtps) for agricultural irrigation[J]. Environmental Engineering, 2023, 41(S1): 584-591 (in Chinese).
- [11] 阿瓦古丽·图尔荪, 张新强, 贲丰泽, 朱彦斌, 张磊, 杜文娟, 马正海. 乌鲁木齐市河马泉新区土壤微生物多样性及其影响因素分析[J]. 中国环境科学, 2023, 43(S1): 277-287.  
Awaguli TUERSUN, ZHANG XQ, YUN FZ, ZHU YB, ZHANG L, DU WJ, MA ZH. Analysis of soil microbial diversity and influencing factors in Hemaquan New District in Urumqi[J]. China Environmental Science, 2023, 43(S1): 277-287 (in Chinese).
- [12] 张丽娟, 杜瀚, 贲丰泽, 马应辉, 张新强, 阿瓦古丽·图尔荪, 马正海. 天山乌鲁木齐河源 1 号冰川表层雪微生物多样性分析[J]. 干旱区研究, 2023, 40(4): 670-680.  
ZHANG LJ, DU H, YUN FZ, MA YH, ZHANG XQ, Awaguli TUERSUN, MA ZH. Analysis of the microbial diversity of the surface snow from Glacier No. 1 at the headwaters of Urumqi River, Tianshan Mountains[J]. Arid Zone Research, 2023, 40(4): 670-680 (in Chinese).
- [13] 王雅芸, 隆彦昕, 李岩, 王妍, 吕光辉, 杨建军, 高兴旺, 常顺利, 杨晓东. 胡杨土壤理化性质与微生物群落结构空间和分布的关系[J]. 生态学报, 2021, 41(14): 5669-5684.  
WANG YY, LONG YX, LI Y, WANG Y, LÜ GH, YANG JJ, GAO XW, CHANG SL, YANG XD. Relationships of soil physicochemical properties to the distribution and the composition of microbial community under *Populus euphratica*'s crown[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(14): 5669-5684 (in Chinese).

- [14] HANDELSMAN J, RONDON MR, BRADY SF, CLARDY J, GOODMAN RM. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products[J]. *Chemistry & Biology*, 1998, 5(10): R245-R249.
- [15] 国家市场监督管理总局, 国家标准化管理委员会. 环境微生物宏基因组检测 高通量测序法: GB/T 40226—2021[S]. 北京: 中国标准出版社, 2021. State Administration for Market Regulation, Standardization Administration of the People's Republic of China. Detection of environmental microbial metagenome—High throughput sequencing: GB/T 40226—2021[S]. Beijing: Standards Press of China, 2021. (in Chinese).
- [16] SASAGAWA Y. Kapa library preparation kit, kapa real-time library amplification kit, kapa library quantification kit: Method of multiplex library preparation from trace samples (0.1–10 ng)-limprep (ligation based illumina multiplex library preparation method)-[a successful case of library preparation by next-generation sequencing] (miseq, illumina inc.)[R]. Application note 2012<10>. Tokyo: NIPPON Genetics Co., Ltd., 2012.
- [17] LI J, XIANG SZ, LI YF, CHENG RL, LAI QL, WANG LP, LI GZ, DONG CM, SHAO ZZ. *Arcobacteraceae* are ubiquitous mixotrophic bacteria playing important roles in carbon, nitrogen, and sulfur cycling in global oceans[J]. *mSystems*, 2024, 9(7): e0051324.
- [18] KE LQ, WANG LL, LI HB, LIN HP, ZHAO L. Molecular identification of lactic acid bacteria in Chinese rice wine using species-specific multiplex PCR[J]. *European Food Research and Technology*, 2014, 239(1): 59-65.
- [19] 徐爱玲, 牛成洁, 宋志文, 郎秀璐, 郭明月. 城市尾水排海过程中微生物及主要致病菌扩散规律[J]. *环境科学*, 2018, 39(3): 1365-1378. XU AL, NIU CJ, SONG ZW, LANG XL, GUO MY. Diffusion of microorganism and main pathogenic bacteria during municipal treated wastewater discharged into sea[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(3): 1365-1378 (in Chinese).
- [20] HEIMESAAT MM, BACKERT S, ALTER T, BERESWILL S. Human campylobacteriosis: a serious infectious threat in a one health perspective[M]// *Fighting Campylobacter Infections*. Cham: Springer International Publishing, 2021: 1-23.
- [21] NGUYEN HT, LEE YK, KWON JH, HUR J. Microplastic biofilms in water treatment systems: fate and risks of pathogenic bacteria, antibiotic-resistant bacteria, and antibiotic resistance genes[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 892: 164523.
- [22] 郭有顺, 余仲, 郝文彬, 孟凡刚. 污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落的影响[J]. *环境科学*, 2024, 45(4): 2246-2258. GUO YS, YU Z, HAO WB, MENG FG. Impacts of treated wastewater on bacterial and fungal microbial communities in receiving rivers[J]. *Environmental Science*, 2024, 45(4): 2246-2258 (in Chinese).
- [23] WU LW, NING DL, ZHANG B, LI Y, ZHANG P, SHAN XY, ZHANG QT, BROWN MR, LI ZX, van NOSTRAND JD, LING FQ, XIAO NJ, ZHANG Y, VIERHEILIG J, WELLS GF, YANG YF, DENG Y, TU QC, WANG AJ, ZHANG T, et al. Global diversity and biogeography of bacterial communities in wastewater treatment plants[J]. *Nature Microbiology*, 2019, 4(7): 1183-1195.
- [24] XIAO XY, SINGH A, GIOMETTO A, BRITO IL. Segatella clades adopt distinct roles within a single individual's gut[J]. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 2024, 10: 114.
- [25] PEDERSEN HK, GUDMUNSDOTTIR V, NIELSEN HB, HYOTYLAINEN T, NIELSEN T, JENSEN BAH, FORSLUND K, HILDEBRAND F, PRIFTI E, FALONY G, Le CHATELIER E, LEVENEZ F, DORÉ J, MATTILA I, PlichTA DR, PÖHÖ P, HELLGREN LI, ARUMUGAM M, SUNAGAWA S, VIEIRA-SILVA S, et al. Human gut microbes impact host serum metabolome and insulin sensitivity[J]. *Nature*, 2016, 535(7612): 376-381.
- [26] MORAN-RAMOS S, CERQUEDA-GARCÍA D, LÓPEZ-CONTRERAS B, LARRIETA-CARRASCO E, VILLAMIL-RAMÍREZ H, MOLINA-CRUZ S, TORRES N, SÁNCHEZ-TAPIA M, HERNÁNDEZ-PANDO R, AGUILAR-SALINAS C, VILLARREAL-MOLINA T, CANIZALES-QUINTEROS S. A metagenomic study identifies a *Prevotella copri* enriched microbial profile associated with non-alcoholic steatohepatitis in subjects with obesity[J]. *Journal of Gastroenterology and Hepatology*, 2023, 38(5): 791-799.
- [27] 常娜娜, 张政, 阿木提喀日·马木提, 杜菲, 地丽胡玛·阿吉, 马正海. 天山北麓典型水库细菌多样性分析[J]. *生态学报*, 2022, 42(7): 2843-2852. CHANG NN, ZHANG Z, MAMUTI Amutikari, DU F, DILIHUMA Aji, MA ZH. Diversity of the bacterial community in reservoirs in the north part of Tianshan Mountain[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(7): 2843-2852 (in Chinese).
- [28] VANDAMME P, FALSEN E, ROSSAU R, HOSTE B, SEGERS P, TYTGAT R, de LEY J. Revision of *Campylobacter*, *Helicobacter*, and *Wolinella* taxonomy: emendation of generic descriptions and proposal of *Arcobacter* gen. nov.[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1991, 41(1): 88-103.
- [29] ON SLW, ALTHAUS D, MILLER WG, LIZAMORE D, WONG SGL, MATHAI AJ, CHELIKANI V, CARTER GP. *Arcobacter cryaerophilus* isolated from New Zealand mussels harbor a putative virulence plasmid[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1802.
- [30] LIN SC, SUN ZH, ZHU XN, WANG MJ, ZHANG Q, QIAN J, ZHANG H, MEI ZD, PU YN, KONG MM, GUO PF, ZHOU XF, LI J, SUN XH, MA L, ZHANG XL, ZHAO FQ, NIE J, HONG SY, CHEN J, et al. Segatella copri and gut microbial ammonia metabolism contribute to chronic kidney disease pathogenesis[J]. *Nature Microbiology*, 2025, 10(7): 1684-1697.
- [31] LIU YC, DONG Q, SHI HC. Distribution and population structure characteristics of microorganisms in urban sewage system[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(18): 7723-7734.
- [32] 朱杨彤, 陈佳威, 朱燕倩, 吴林玉. 肿瘤内微生物群与肺癌关系的研究进展[J]. *中国肺癌杂志*, 2025, 28(4): 304-308. ZHU YT, CHEN JW, ZHU YQ, WU LY. Research progress on the relationship between intratumor microbiota and lung cancer[J]. *Chinese Journal of Lung*

- Cancer, 2025, 28(4): 304-308 (in Chinese).
- [33] BAI M, CHENG YH, SUN XQ, WANG ZY, WANG YX, CUI XL, XIAO W. Nine novel phages from a plateau lake in southwest China: insights into *Aeromonas* phage diversity[J]. Viruses, 2019, 11(7): 615.
- [34] SCHMIDTKE DT, HICKEY AS, LIACHKO I, SHERLOCK G, BHATT AS. Analysis and culturing of the prototypic crAssphage reveals a phage-plasmid lifestyle[J]. bioRxiv, 2024: 2024.03.20.585998.
- [35] SHAHIN K, SOLEIMANI-DELAFAN A, HE ZH, SANSONETTI P, COLLARD JM. Metagenomics revealed a correlation of gut phageome with autism spectrum disorder[J]. Gut Pathogens, 2023, 15(1): 39.
- [36] WU LL, LIU YQ, SHI WQ, CHANG TY, LIU PF, LIU KS, HE Y, LI ZR, SHI M, JIAO NZ, LANG AS, DONG XY, ZHENG Q. Uncovering the hidden RNA virus diversity in Lake Nam Co: evolutionary insights from an extreme high-altitude environment[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2025, 122(6): e2420162122.
- [37] SCHOCH CL, CIUFO S, DOMRACHEV M, HOTTON CL, KANNAN S, KHOVANSKAYA R, LEIPE D, MCVEIGH R, O'NEILL K, ROBBERTSE B, SHARMA S, SOUSSOV V, SULLIVAN JP, SUN L, TURNER S, KARSCH-MIZRACHI I. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools[J]. Database, 2020, 202010.1093: database.
- [38] ZHANG JY, TANG AX, JIN T, SUN DS, GUO FL, LEI HX, LIN L, SHU WS, YU PF, LI XY, LI B. A panoramic view of the virosphere in three wastewater treatment plants by integrating viral-like particle-concentrated and traditional non-concentrated metagenomic approaches[J]. iMeta, 2024, 3(3): e188.
- [39] 达坂城区乌拉泊污水处理厂. 达坂城区乌拉泊污水处理厂提标改造项目环评报告表[R]. 乌鲁木齐市: 乌鲁木齐市生态环境局, 2018.  
Dabancheng District Wulabo Sewage Treatment Plant. Environmental impact assessment report for the upgrading and reconstruction project of Wulabo Sewage Treatment Plant in Dabancheng district[R]. Urumqi: Urumqi Municipal Bureau of Ecology and Environment, 2018 (in Chinese).
- [40] 王彤, 汪涵, 周明达, 冉小川, 王伟刚, 吴敏, 王亚宜. 污水脱氮功能微生物的组学研究进展[J]. 微生物学通报, 2021, 48(12): 4844-4870.  
WANG T, WANG H, ZHOU MD, RAN XC, WANG WG, WU M, WANG YY. Advances in omics of functional microorganisms for nitrogen removal in wastewater[J]. Microbiology China, 2021, 48(12): 4844-4870 (in Chinese).
- [41] GRABOWSKI A, TINDALL BJ, BARDIN V, BLANCHET D, JEANTHON C. *Petrimonas sulfuriphila* gen. nov., sp. nov., a mesophilic fermentative bacterium isolated from a biodegraded oil reservoir[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2005, 55(Pt 3): 1113-1121.
- [42] STONE JK, von MUHLINEN N, ZHANG CR, ROBLES AI, FLIS AL, VEGA-VALLE E, MIYANAGA A, MATSUMOTO M, GREATHOUSE KL, COOKS T, TRINCHIERI G, HARRIS CC. *Acidovorax temperans* skews neutrophil maturation and polarizes Th17 cells to promote lung adenocarcinoma development[J]. Oncogenesis, 2024, 13: 13.
- [43] CHEN YJ, HE HJ, LIU HY, LI HR, ZENG GM, XIA X, YANG CP. Effect of salinity on removal performance and activated sludge characteristics in sequencing batch reactors[J]. Bioresource Technology, 2018, 249: 890-899.
- [44] 柳蒙蒙, 陈亚松, 魏源送, 齐嵘, 钟慧, 柴玉峰, 陈彦霖, 陈梅雪. 寒冷地区城镇污水处理厂氮转化功能菌群和功能基因季节变化特征分析[J]. 给水排水, 2023, 59(10): 38-43, 52.  
LIU MM, CHEN YS, WEI YS, QI R, ZHONG H, CHAI YF, CHEN YL, CHEN MX. Analysis of seasonal variation characteristics of nitrogen transformation functional bacteria and functional genes in urban sewage treatment plants in cold regions[J]. Water & Wastewater Engineering, 2023, 59(10): 38-43, 52 (in Chinese).
- [45] 郑向阳, 罗晓, 袁立霞, 张立国, 赵丛丛. AO工艺处理淀粉污水效能及微生物群落解析[J]. 环境工程学报, 2018, 12(3): 804-814.  
ZHENG XY, LUO X, YUAN LX, ZHANG LG, ZHAO CC. Performance and bacterial community analysis of AO process treating starch wastewater[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2018, 12(3): 804-814 (in Chinese).
- [46] GU YQ, LI BY, ZHONG X, LIU CH, MA B. Bacterial community composition and function in a tropical municipal wastewater treatment plant[J]. Water, 2022, 14(10): 1537.
- [47] XIE N, ZHONG LP, OUYANG L, XU W, ZENG QH, WANG KJ, ZAYNAB M, CHEN HR, XU FF, LI SF. Community composition and function of bacteria in activated sludge of municipal wastewater treatment plants[J]. Water, 2021, 13(6): 852.
- [48] De FILIPPO C, CAVALIERI D, Di PAOLA M, RAMAZZOTTI M, POULLET JB, MASSART S, COLLINI S, PIERACCINI G, LIONETTI P. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2010, 107(33): 14691-14696.
- [49] SONNENBURG ED, ZHENG HJ, JOGLEKAR P, HIGGINBOTTOM SK, FIRBANK SJ, BOLAM DN, SONNENBURG JL. Specificity of polysaccharide use in intestinal *Bacteroides* species determines diet-induced microbiota alterations[J]. Cell, 2010, 141(7): 1241-1252.