

宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构特征和空间分布

杨桂钦¹, 常洁¹, 郑兰香^{*2}, 高礼¹, 李富娟¹

1 宁夏大学地理科学与规划学院, 宁夏 银川 750021

2 宁夏大学生态环境学院, 宁夏 银川 750021

杨桂钦, 常洁, 郑兰香, 高礼, 李富娟. 宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构特征和空间分布[J]. 微生物学通报, 2022, 49(7): 2457-2469

Yang Guiqin, Chang Jie, Zheng Lanxiang, Gao Li, Li Fujuan. Microbial community structure and spatial distribution in sediment of the Third Drainage Ditch in Ningxia[J]. Microbiology China, 2022, 49(7): 2457-2469

摘要:【背景】微生物对环境有指示作用, 微生物群落组成是水环境的研究热点之一。

【目的】探究宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构及空间分布。【方法】在底泥理化性质分析的基础上, 采用 MiSeq PE300 测序平台对沟道及主要支流共 11 个采样点的表层底泥细菌进行 16S rRNA 基因扩增子测序。【结果】三排底泥呈弱碱性, 底泥有机碳、全氮、全磷、氨氮和硝态氮等理化指标存在空间差异。平罗县段底泥有机碳、全氮和全磷均低于贺兰县和惠农区; 下游惠农区段底泥细菌的物种丰富度和多样性明显高于上游贺兰县段, 十二分沟与干流差异较明显。三排底泥优势细菌菌门为变形菌门(*Proteobacteria*, 24.41%–44.40%)、绿弯菌门(*Chloroflexi*, 5.46%–17.55%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 9.12%–21.21%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 6.96%–13.10%)、热脱硫杆菌门(*Thermodesulfobacteria*, 3.40%–12.20%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 3.31%–14.61%)和酸杆菌门(*Acidobacteria*, 2.00%–9.77%)。优势菌属为硫杆菌属(*Thiobacillus*, 6.73%)和 *norank_f_Steroidobacteraceae* (4.28%)。十二分沟底泥细菌群落组成与三排差别较大, 惠农区底泥细菌群落组成比较接近。对底泥细菌群落与环境因子的冗余分析显示, 全氮、氨氮和硝态氮对底泥细菌群落结构影响较大。【结论】三排底泥细菌群落存在明显的空间差异, 而且受氮素影响较大, 应进一步对三排氮循环微生物开展深入研究。

关键词: 排水沟; 底泥; 细菌群落结构; 空间分布

基金项目: 宁夏回族自治区重点研发项目(2019BFG02032, 2020BEB04008)

Supported by: Key Research and Development Project of Ningxia Hui Autonomous Region (2019BFG02032, 2020BEB04008)

*Corresponding author: E-mail: zhenglx@nxu.edu.cn

Received: 2021-10-30; Accepted: 2021-12-01; Published online: 2022-01-10

Microbial community structure and spatial distribution in sediment of the Third Drainage Ditch in Ningxia

YANG Guiqin¹, CHANG Jie¹, ZHENG Lanxiang^{*2}, GAO Li¹, LI Fujuan¹

¹ School of Geography and Planning, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China

² School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China

Abstract: [Background] Microorganisms play an indicative role in the environment, and the composition of microbial community is one of the research hotspots in water environment. [Objective] To explore the bacterial community structure and spatial distribution in the sediment of the Third Drainage Ditch in Ningxia. [Methods] The physicochemical properties of the sediment samples were analyzed, and the 16S rRNA gene amplifiers of bacteria in surface sediments from 11 sampling sites in gullies and main tributaries were sequenced by high-throughput sequencing technology. [Results] The sediment of the Third Drainage Ditch had weak alkalinity and spatial differences in physicochemical properties including organic carbon, total nitrogen, total phosphorus, ammonium nitrogen and nitrate nitrogen. The concentrations of organic carbon, total nitrogen, and total phosphorus in the sediment of Pingluo section were lower than those in Helan and Huinong sections. The richness and diversity of bacteria in the sediment of Huinong section (in the lower reaches) were significantly higher than those in Helan section (in the upper reaches). The dominant phyla were *Proteobacteria* (24.41%–44.40%), *Chloroflexi* (5.46%–17.55%), *Actinobacteria* (9.12%–21.21%), *Bacteroidetes* (6.96%–13.10%), *Thermodesulfobacteria* (3.40%–12.20%), *Firmicutes* (3.31%–14.61%), and *Acidobacteria* (2.00%–9.77%). The dominant genera were *Thiobacillus* (6.73%) and norank_f_ *Steroidobacteraceae* (4.28%). The bacterial community composition in the sediment of Shi'er tributary was much different from that of the Third Drainage Ditch, while the composition was similar among the sampling sites in Huinong section. The redundancy analysis of bacterial community and environmental factors showed that total nitrogen, ammonium nitrogen and nitrate nitrogen had great influence on bacterial community structure in the sediment. [Conclusion] The bacterial community in the sediment of the Third Drainage Ditch showed obvious spatial differences and was greatly affected by nitrogen. The microorganisms involved in nitrogen cycle remain to be studied.

Keywords: drainage ditch; sediment; bacteria community structure; spatial distribution

底泥是水生态系统的重要组成部分，是陆源污染物的“汇”，也是水体各种污染物的“源”和“汇”^[1]，是系统中物质循环的重要场所^[2]。微生物作为河流生态系统的重要组成部分，广泛存在于环境中，有极高的丰富度和多样性^[3]。水体底泥细菌群落的丰富性和多样性使底泥在营养盐循环、有机物降解、重金属形态转化等

方面起重要的生态功能^[4]。外源污染和水质富营养化等水质变化会改变底泥沉积物中的微生物群落结构^[5]。微生物群落结构会随着群落适应性、环境因子和人类活动的变化而产生差异^[6]。了解底泥微生物种群特征及其影响因素，有助于分析水生态功能及其与环境因子的关系^[7]，对于阐明营养物质在水生生态系统中的循环过程具

有重要意义。

随着微生物检测技术的发展, 微生物高通量测序分析技术已被广泛应用于各种环境的微生物群落特征研究中。Jin 等^[8]发现我国最大的淡水湖泊鄱阳湖中, 未受人类活动干扰的中央湖区, 底泥沉积物中的微生物群落多样性低于受人类活动干扰的湖区。赵忠等^[9]以包头南海湖为研究对象, 结果表明不同湖区沉积物的物种多样性随着营养程度不同存在差异, 控制输入湖中营养物质的量, 可以有效防止黑臭水体发生。于妍等^[10]在对白洋淀表层沉积物的研究中发现, 白洋淀不同富营养化水体沉积物微生物多样性存在差异, 磷含量是微生物群落结构的制约因素。Wan 等^[11]发现, 太湖的沉积物中微生物群落时空变化明显, 夏季的微生物群落多样性高于冬季; 沉积物和孔隙水中的氨氮和硝酸盐-亚硝酸盐氮、有机质和温度对 5 个湖区沉积物的微生物群落有显著影响。除湖泊以外, 微生物高通量测序技术也被广泛应用于河流^[1,12-13]和海洋^[14]等天然水体及其底泥沉积物研究中。

宁夏境内排水沟众多, 其中第三排水沟(以下简称“三排”)位于宁夏北部的引黄灌区。目前对该地区排水沟的研究主要集中在水质和重金属的污染评价方面^[15-16], 对该地区排水沟微生物方面的研究相对较少, 但该地区排水沟也存在着以氨氮超标为主的水环境污染现象。底泥是微生物的生存场所, 由底泥中微生物驱动的氮循环, 在维持水生生态系统平衡中发挥着重要作用^[17]。鉴于此, 本研究采用高通量测序技术, 对三排及其主要支流的底泥细菌群落特征进行分析, 探究底泥理化因子对底泥细菌群落的影响, 以期对宁夏排水沟的水污染防治和水生态环境保护提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与采样点分布

三排是宁夏银北灌区沟道最长且负担排水面积最大的排水沟。主要汇集银北平原的农业灌溉排水, 以及部分沿途生活和工业排水。其全长 90.38 km, 流经贺兰县、平罗县和惠农区。在贺兰县分流为新三排和老三排, 并在平罗县汇合。走向为自西南向东北, 与黄河平行, 在惠农区与五排汇合后注入黄河。主要支流有典农河、三二支沟和十二分沟等。

本研究于三排沿线及其主要支流汇入口选取 11 个表层底泥采样点。其中, 采样点 S2、S7 和 S8 为主要支流距离汇入口 100 m 处的采样点, 其余各点均为干流采样点。各采样点坐标和特征见表 1。

1.2 样品采集与预处理

采样时间为 2020 年 11 月, 利用 GPS 定位采样点坐标, 使用底泥采样器采集表层底泥。采集好的底泥样品充分混合均匀后装入经灭菌消毒的聚乙烯自封袋中并编号, 放入装有冰块的保温盒中进行低温保存并带回实验室。

带回实验室后将底泥样品分为两份, 一份样品冷却干燥后测定底泥的理化指标, 另一份样品放入冻封管中-80 °C 冷冻保存, 用于微生物测序。

1.3 主要试剂和仪器

琼脂糖, Biowest 公司; DNA 抽提试剂盒、E.Z.N.A.® Soil DNA Kit, Omega Bio-Tek 公司; AxyPrep DNA Gel Extraction Kit, Axygen 公司。多参数水质检测仪, 哈希公司; 紫外可见分光光度计, 兰州连华公司; 电泳仪, 北京六一生物科技有限公司; PCR 仪, ABI 公司; MiSeq PE300 测序平台, Illumina 公司; 超微量分光光度计, Thermo Fisher Scientific 公司。

表 1 采样点坐标和特征

Table 1 Coordinates and characteristics of sampling points

区域	采样点	经度	纬度	位置特征	备注
Region	Sampling site	Longitude (°)	Latitude (°)	Position feature	Remark
贺兰县 Helan county	S1	106.306 216	38.653 826	三排起点 Starting point of Third Drainage Ditch	
	S2	106.357 654	38.734 299	典农河 Diannong river	支流 Feeder drain
	S3	106.359 209	38.733 303	典农河汇入后 Confluence of Diannong river and Third Drainage Ditch	
	S4	106.366 161	38.745 924	新老三排分流处 Distributary of new and old Third Drainage Ditch	
平罗县 Pingluo county	S5	106.392 306	38.755 621	三排入平罗断面 Third Drainage Ditch flow into Pingluo section	
	S6	106.457 660	38.833 534	新老三排汇合后 Confluence of new and old Third Drainage Ditch	
	S7	106.495 313	38.955 472	三二支沟 San'er tributary	支流 Feeder drain
惠农区 Huinong district	S8	106.505 668	38.968 645	十二分沟 Shi'er tributary	支流 Feeder drain
	S9	106.545 025	39.018 637	三排入惠农 Third Drainage Ditch flow into Huinong section	
	S10	106.672 197	39.163 598	老盐湖沟汇入后 Confluence of Laoyanhu ditch and Third Drainage Ditch	
	S11	106.779 716	39.200 689	三五排汇合前 Before confluence of Third Drainage Ditch and Fifth Drainage Ditch	

1.4 底泥理化性质测定

测定底泥的理化指标包括 pH、有机碳、全氮、全磷、氨氮和硝态氮。pH 值测定参考文献[18]。底泥有机碳、全氮、全磷、氨氮和硝态氮含量的测定方法参考《土壤农化分析》^[19]。其中,有机碳含量测定采用重铬酸钾容量法-外加热法;全氮含量测定采用凯氏定氮法;全磷含量测定采用钼锑抗比色法;底泥氨氮和硝态氮的测定采用氯化钾溶液提取-分光光度法。

1.5 底泥细菌 16S rRNA 基因的高通量测序

根据说明书进行细菌群落总 DNA 抽提,使用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测提取 DNA 的完整

性,使用超微量分光光度计测定 DNA 浓度和纯度。使用通用引物^[20] 338F (5'-CTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTAGHVGGGTWTCTAAT-3')对 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增。每个样品做 3 次生物学重复,利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行高通量测序,由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.6 数据处理

采用 Excel 2013 软件进行数据处理;采样点分布图使用 ArcMap10.2 软件绘制。在美吉公司的生信云平台完成微生物交互分析。基于 Mothur 软件进行 α 多样性分析,研究细菌群落

的多样性和物种丰富度。使用 QIIME 软件进行层次聚类分析。使用 Canoco 软件的冗余分析研究环境因子与微生物群落间的关系。

2 结果与分析

2.1 底泥理化性质

表 2 显示了三排不同采样点底泥的理化性质。可见, 底泥的 pH 值除起点 S1 为 6.98 外, 其余点位 pH 值均在 7.0–8.0 之间, 呈弱碱性。三排干流底泥中有机碳、氨氮、全氮和全磷的空间分布特征较相似。其中, 三排平罗县段的底泥有机碳、氨氮、全氮和全磷的含量均明显低于贺兰县段和惠农区段。三二支沟(S7)和十二分沟(S8)为平罗县段的主要支沟, 其底泥有机碳、氨氮、全氮和全磷的含量明显高于干流。底泥硝态氮分布无明显规律, 除三排起点(S1), 典农河(S2)和入平罗断面(S5) 3 个采样点浓度相对较高外, 其余点位浓度差别不大。

2.2 细菌多样性分析

测序样品中共有有效序列 520 277 条, 平

均序列长度为 419 bp。测序文库覆盖率均在 97%以上, 说明能够代表样本中细菌的真实情况。本次测序产生的 OTU 是将所有样品有效序列进行统计, 以 97%的一致性将序列聚类而成, 然后对 OTU 代表序列进行物种注释。底泥样品采用随机抽样处理, 将测序数与其相对应物种数构建模型, 绘制稀释曲线(图 1)。可见, 各样点的曲线逐渐平缓, 表明测序结果合理有效, 可以满足进一步分析的要求。

样本层级聚类树(图 2)通过对样品分析结果的聚类, 将具有 β 多样性相似的样品聚类在一起, 反映了样品间的相似性。可以看出, 细菌群落组成聚类为贺兰县–平罗县段(S1–S6)、三二支沟–惠农区段(S7, S9–S11)以及十二分沟(S8)三大部分。说明中上游的 S1–S6 河段的细菌群落关系较近; 而 S7 以后的河段(除十二分沟外)中细菌群落关系较为接近; 上、下游之间的群落组成差异明显。十二分沟(S8)在层级聚类中呈单独一支, 说明其底泥微生物群落与其他样点存在较大差异。

表 2 底泥理化指标

Table 2 Physical and chemical indexes of sediment

采样点 Sampling site	pH	有机碳 TOC (g/kg)	全氮 TN (g/kg)	全磷 TP (g/kg)	氨氮 Ammonium nitrogen (mg/kg)	硝态氮 Nitrate nitrogen (mg/kg)
S1	6.96	12.83±0.20	2.31±0.03	0.91±0.03	88.07±0.30	21.42±0.29
S2	7.98	14.95±0.35	2.07±0.00	0.61±0.01	81.53±0.16	21.45±0.08
S3	7.82	19.36±0.12	2.66±0.01	0.88±0.02	98.29±0.17	4.69±0.18
S4	7.58	15.21±0.17	2.77±0.01	0.99±0.01	98.38±0.08	4.33±0.57
S5	7.65	4.15±0.07	0.59±0.01	0.35±0.01	19.92±0.26	31.81±0.35
S6	7.56	2.51±0.11	0.58±0.01	0.25±0.02	8.75±0.06	4.84±0.43
S7	7.64	11.48±0.20	1.13±0.01	0.43±0.00	16.45±0.17	8.03±0.20
S8	7.83	25.75±0.25	1.95±0.01	0.40±0.02	25.60±0.27	4.34±0.37
S9	7.18	13.69±0.16	2.01±0.00	0.88±0.00	29.34±0.16	11.43±0.36
S10	7.59	16.42±0.15	1.89±0.00	0.92±0.03	31.25±0.20	7.91±0.21
S11	7.85	18.15±0.17	1.96±0.00	0.73±0.02	42.54±0.21	4.64±0.49

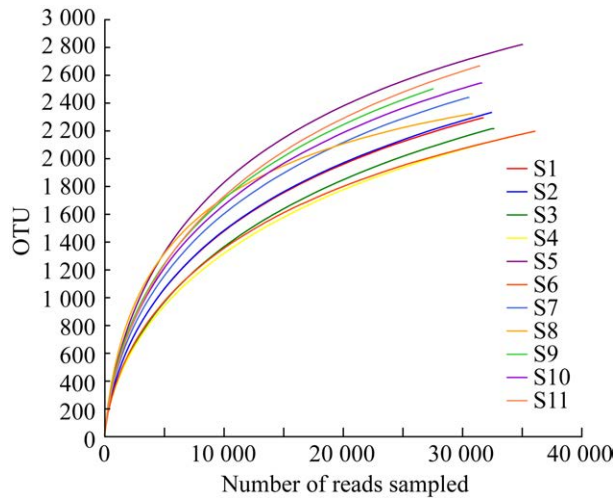


图 1 稀释曲线

Figure 1 Rarefaction curve.

各采样点细菌群落的 α 多样性指数由表 3 所示。可以看出, S5 的 OTU 数目为 2 818, 高于其余各点; 含量最低点 S4 的 OTU 数目为 2 146。下游惠农区沟段(S9-S11)的 OTU 明显高于上游贺兰县沟段(S1-S4), 与衡量物种丰富度的 ACE 和 Chao1 指数呈现相同变化特征。反映物种多样性的 Shannon 指数介于 5.69-6.71 之间, 而且 S7-S11 的 Shannon 指数明显高于 S1-S4, 呈现出下游比上游高的趋势。

表 3 细菌群落 α 多样性指数

Table 3 Bacterial community alpha diversity index

Sampling site	OTU number	Shannon	Simpson	ACE	Chao1	Coverage
S1	2 290	5.967 164	0.010 611	3 011.516 181	3 001.410 188	0.976 989
S2	2 329	6.025 503	0.007 812	3 104.647 910	3 120.878 378	0.976 385
S3	2 213	5.763 769	0.011 917	3 088.538 364	3 010.501 319	0.976 065
S4	2 146	5.695 778	0.013 986	2 931.783 358	2 879.008 242	0.978 258
S5	2 818	6.513 970	0.005 251	3 457.227 788	3 450.221 978	0.978 317
S6	2 195	5.769 226	0.012 468	2 854.422 046	2 826.994 460	0.981 295
S7	2 437	6.220 825	0.007 913	3 181.506 120	3 101.127 315	0.975 134
S8	2 319	6.714 109	0.002 936	2 657.377 306	2 695.582 237	0.984 382
S9	2 500	6.390 860	0.006 415	3 333.145 776	3 272.416 667	0.970 764
S10	2 541	6.315 065	0.006 759	3 325.282 707	3 291.706 311	0.975 038
S11	2 663	6.279 163	0.008 657	3 454.490 547	3 379.637 712	0.973 779

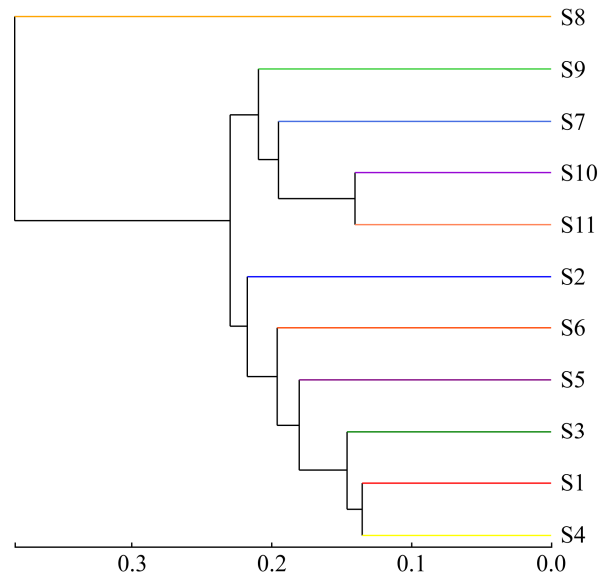


图 2 样本层级聚类树

Figure 2 Hierarchical clustering tree.

2.3 细菌群落结构

所有样品一共检测出细菌 66 门 181 纲 392 目 636 科 1 134 属。按门水平分类, 选取生物总量相对丰度 1% 以上的菌门绘制图 3。可以看出, 三排底泥细菌在门水平上的优势物种组成大致相同。优势菌门为变形菌门 (*Proteobacteria*, 24.41%-44.40%)、绿弯菌门

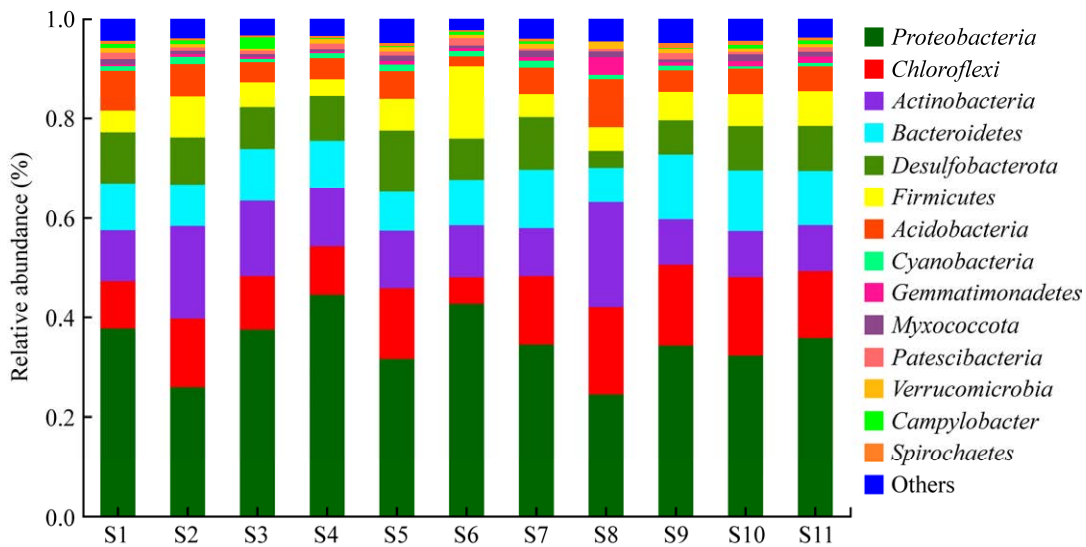


图3 底泥门水平细菌组成及相对丰度

Figure 3 Sediment bacterial composition and relative abundance at phylum level.

(*Chloroflexi*, 5.46%–17.55%)、放线菌门 (*Actinobacteria*, 9.12%–21.21%)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*, 6.96%–13.10%)、脱硫杆菌门 (*Desulfobacteria*, 3.40%–12.20%)、厚壁菌门 (*Firmicutes*, 3.31%–14.61%)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*, 2.00%–9.77%)。各点的相对丰度有所差别,变形菌门是三排各采样点的最优势菌门。S8的变形菌门的相对丰度最小,但其绿弯菌门、放线菌门和酸杆菌门的相对丰度最大。S6的厚壁菌门的丰度明显高于其他样点。从所属区域来看,贺兰县4个采样点(S1、S2、S3、S4)丰度差异较大的是变形菌门和放线菌门,S2的变形菌门低于其他3个采样点,但放线菌门和厚壁菌门明显高于其他3个采样点。平罗县的4个采样点(S5、S6、S7、S8)中,S6的绿弯菌门丰度最小,厚壁菌门丰度最大。S8为十二分沟入流处,其变形菌门、绿弯菌门和放线菌门的丰度占比相近且丰度较大,分别为24.41%、17.55%和21.21%。惠农区3个采样点(S9、S10、S11)间优势菌门的丰度差异较小。

按纲水平分类,选取生物总量相对丰度1%以上的菌纲绘制图4。可以看出,三排底泥细菌在纲水平上的优势物种组成大致相同。优势菌纲为 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*, 11.04%–39.44%)、拟杆菌纲(*Bacteroidetes*, 5.43%–11.81%)、厌氧绳菌纲(*Anaerolineae*, 4.41%–11.51%)、放线菌纲(*Actinobacteria*, 4.78%–12.18%)、 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*, 4.04%–13.38%)、脱硫杆菌纲(*Desulfobacteria*, 0.63%–6.64%)。各点的相对丰度有所差别, γ -变形菌纲是三排各采样点的最优势菌纲。S8的 γ -变形菌纲相对丰度最小,但其放线菌纲和 α -变形菌纲的相对丰度最大。S6的厚壁菌门的丰度明显高于其他样点。从所属区域来看,贺兰县4个采样点(S1、S2、S3、S4)丰度差异较大的是 γ -变形菌纲和厌氧绳菌纲,S2的 γ -变形菌纲低于其他3个采样点,但厌氧绳菌纲明显高于其他3个采样点。平罗县的4个采样点(S5、S6、S7、S8)中,S6的厌氧绳菌纲最小, γ -变形菌纲丰度最大。S8的厌氧绳菌纲、放线菌纲和

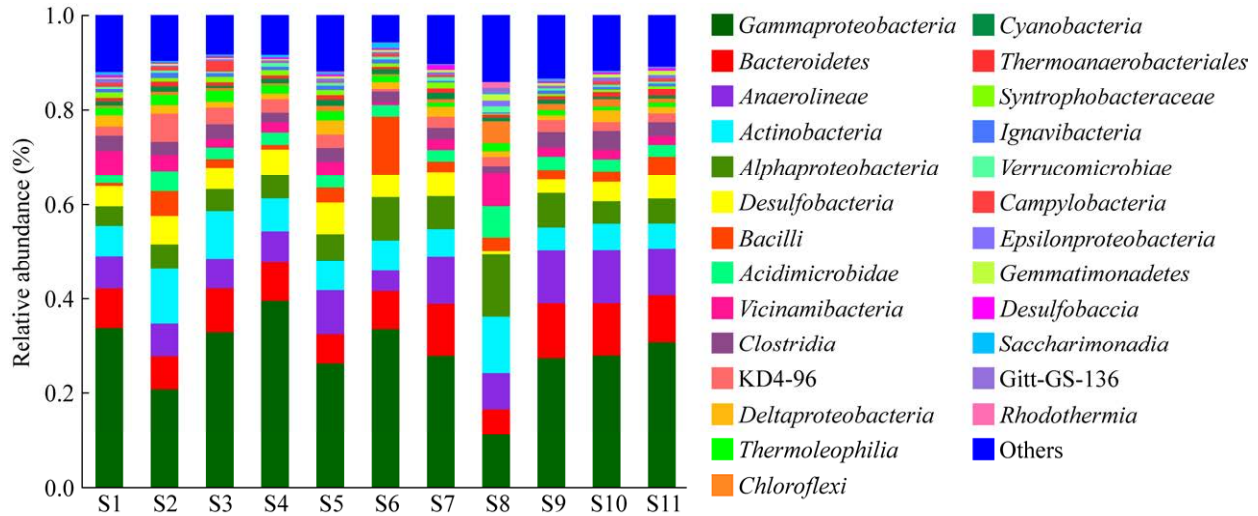


图 4 底泥纲水平细菌组成及相对丰度

Figure 4 Sediment bacterial composition and relative abundance at class level.

α -变形菌纲的丰度占比相近且丰度较大, 分别为 7.54%、12.18%和 13.38%, 而 γ -变形菌纲的相对丰度仅为 11.04%。惠农区 3 个采样点(S9、S10、S11)间优势菌纲的丰度差异较小。

按属水平分类, 选取相对丰度 2%以上的菌属绘制图 5。可以看出, 硫杆菌属(*Thiobacillus*, 6.73%)、*norank_f__Steroidobacteraceae* (4.28%)、*norank_f__norank_o__norank_c__KD4-96* (2.55%)、*norank_f__Bacteroidetes_vadinHA17* (2.11%)是三排底泥中的优势菌属。比较各样点可见, S8 明显与其他个点在属水平上菌属差异较大, 其最优势菌属为 *norank_f__norank_o__Vicinamibacteriales* (3.99%), 在其余各点均为最优势菌属的硫杆菌属占比不到 1%。此外, S8 占比过低被归类为 *others* 的非优势菌属占比也为各点中最高, 达到了 73.97%。

2.4 细菌群落与底泥环境因子的相关性

细菌群落的分布和组成均受到环境因子的影响^[21]。通过冗余分析底泥中的门水平优势细菌与底泥环境因子的相关性, 如图 6 所示。可

以看出, pH 和放线菌门存在较强正相关, 与酸杆菌门也呈正相关关系, 与拟杆菌门呈负相关; 有机碳、全氮和硝态氮均与放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门呈正相关, 与变形菌门、厚壁菌门、热脱硫杆菌门和拟杆菌门呈负相关; 氨氮和全磷均与拟杆菌门呈正相关, 与放线菌门呈负相关; 从环境因子来看, 底泥中全氮($P=0.914$)、氨氮($P=0.962$)和硝态氮($P=0.888$)是影响三排底泥细菌群落组成的主要环境因子, 全磷($P=0.510$), pH ($P=0.243$)和有机碳($P=0.149$)对其影响较小; S2 和 S8 的群落结构受有机碳和 pH 影响较大, 而 S7、S9、S10 和 S11 的群落结构受全磷的影响较大。

通过底泥环境因子与属水平优势菌属的相关性热图(图 7)可知, 除全磷含量与硫杆菌属为正相关外, 底泥环境因子对硫杆菌属的影响不大; pH 和 TOC 与 *norank_f__Steroidobacteraceae*、*norank_f__norank_o__PeM15* 呈负相关; *norank_f__Bacteroidetes_vadinHA17* 与 pH 呈负相关, 与 TP 呈正相关。

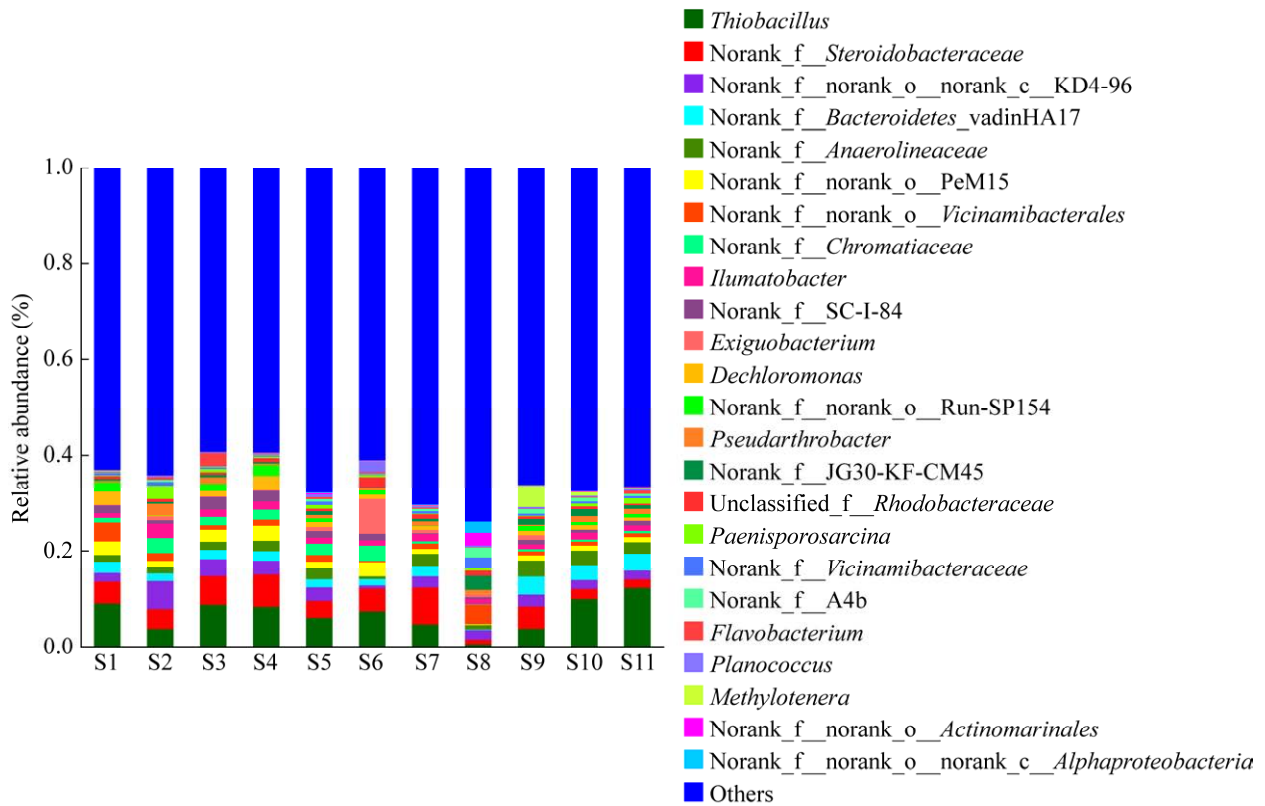


图 5 底泥属水平细菌组成及相对丰度

Figure 5 Sediment bacterial composition and relative abundance at genus level.

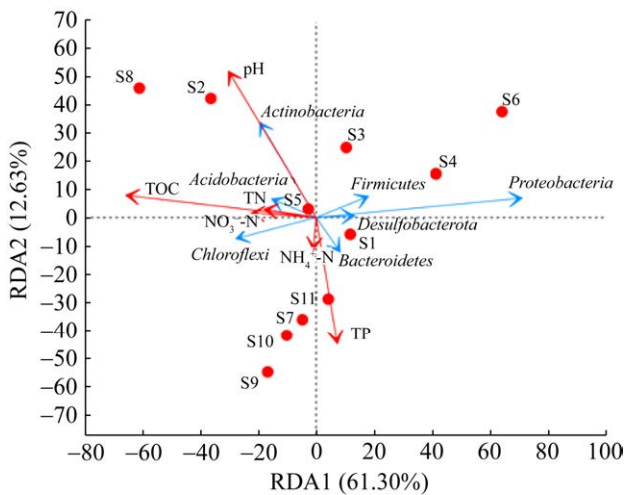


图 6 底泥门水平细菌与环境因子的冗余分析

Figure 6 Redundancy analysis of sediment bacteria and environmental factors at phylum level.

3 讨论

三排位于宁夏银北干旱盐碱区, 降水量较少。由于水深较浅且水源主要为农业灌溉排水以及沿途工业废水和生活污水排放, 因此沟道底泥理化性质受排放源的影响较大。三排贺兰县段的采样点(S1、S3、S4)底泥中氮和磷含量较高, 这主要是因为贺兰县段排污口较多, 而且主要承接周边农田退水及部分鱼塘排水, 排放源中氮磷含量较高导致。支流典农河的采样点 S2 中, 全氮、全磷和氨氮含量明显低于三排主沟道, 这与典农河是 III 类水体因而水质较好有关。三排平罗县段中, 三二支沟和十二分沟的采样点(S7、S8)的底泥有机碳、全氮、全磷

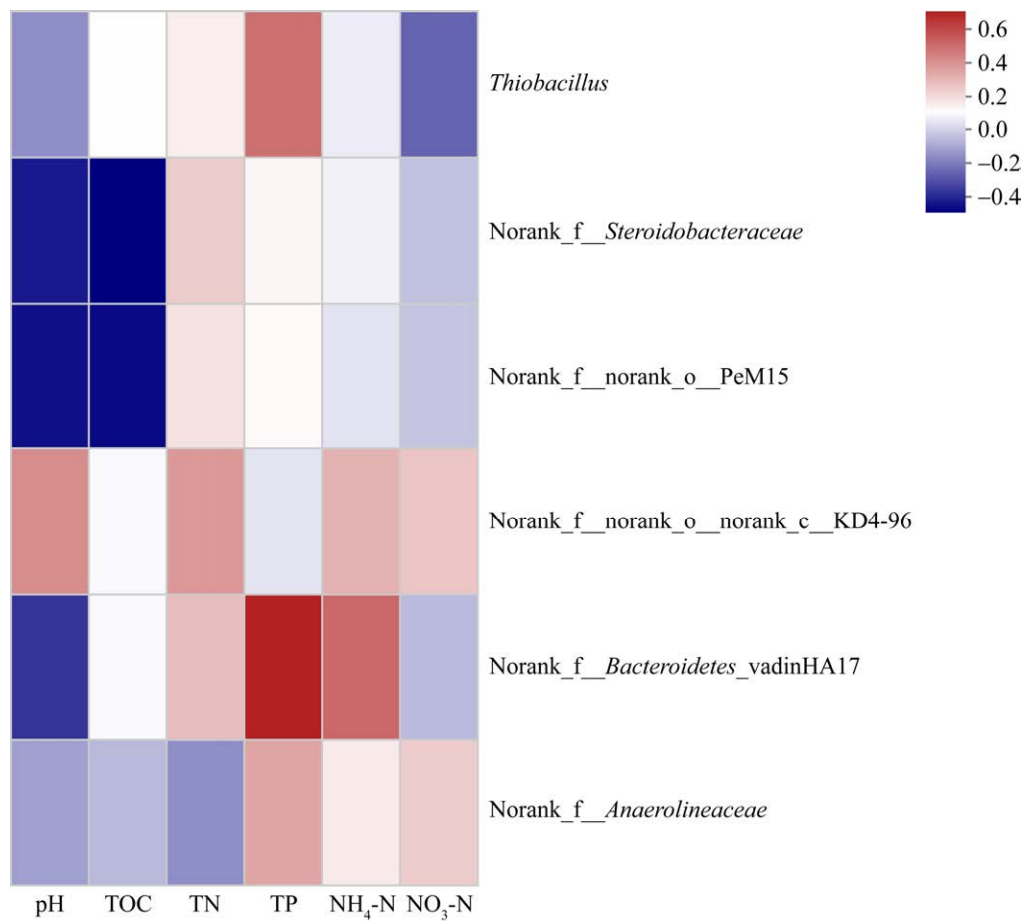


图 7 Spearman 相关性热图

Figure 7 Spearman correlation heat map.

和氨氮的含量明显高于主沟道的 S5 和 S6 点位，这与两支沟承接沿沟污水处理厂来水、工业园区来水以及周边农田退水因而水质均为劣 V 类相关。位于三排下游的惠农区采样点(S9、S10、S11)底泥中有机碳、氮和磷含量较为相近，这与该区段沿沟无特殊排放源的特征相符。

沉积物营养水平变化会影响沉积物中的微生物群落组成，沉积物微生物多样性和丰富度在很大程度上取决于环境营养状况和污染状况^[22]。营养水平增加会显著抑制群落的多样性^[23]。 α 多样性指数中，贺兰县 S1–S4 采样点的群落多样性和丰富度相对较低，这可能是由于三排贺兰段主要接纳农田和渔业养殖废水因而水中

氮磷较高导致。样本层级聚类结果显示，11 个采样点可分为三排贺兰县和平罗县段(S1–S6)、三二支沟和三排惠农区段(S7, S9–S11)及十二分沟(S8)三部分。三排 S1–S6 区段主要接纳农田退水和渔业养殖废水，其底泥细菌群落的 β 多样性相似。十二分沟和三二支沟是三排的主要支沟，其中十二分沟接纳污水后直入三排，成为三排沿沟水质最差的支沟，导致其底泥细菌群落与其采样点差异明显，层级聚类结果中独成一类。然而三二支沟接纳了污水厂和工业园区来水后，流经威镇湖湿地再进入三排。其入三排前的采样点 S7 与下游惠农区(S9–S11)的底泥细菌群落组成较为接近，表明三二支沟对

下游的水体具有较大影响。

本次研究中大多数采样点的最优势菌门为变形菌门, 次优势菌门为绿弯菌门, 与高歌对同属农田排水沟的吉林农安中央沟渠的研究结果^[24]相似。变形菌门是最普遍存在的菌门, 其与碳的利用有关^[25]; 绿弯菌门是一种指示污染的微生物^[26], 该菌门为光能自养型微生物^[9], 多数种类涉及有机污染物降解。此外, 采样点中相对丰度超过 10% 的细菌还有放线菌门, 该菌门主要存在于非酸性的土壤环境中^[27], 这与三排所处的盐碱区域环境特征一致。十二分沟的群落组成与其他各点均存在较大差异, 其绿弯菌门、放线菌门、酸杆菌门和 *Gemmatimonadetes* 的相对丰度分别为 17.55%、21.21%、6.96% 和 3.54%, 大于其他采样点; 而变形菌门、拟杆菌门、脱硫菌门相对丰度明显小于其余采样点。惠农区段(S9-S11) 3 个采样点的门水平细菌丰度相近, 这与底泥理化特征相近有关。从属水平上看, 硫杆菌属是相对丰度占比最高的属, 这与赵忠等和于妍等的底泥研究结果^[9-10]相同。硫杆菌属大多与氮磷含量呈正相关^[9], 这与三排的氮磷含量超过 IV 类水质标准的实际情况一致。

在冗余分析图中, 变形菌门与有机碳呈显著负相关, 与 Liu 等^[25]的研究结果相似。十二分沟底泥的有机碳含量均高于其余点, 推断是缺少变形菌门对其利用导致。位于新老三排汇合处的 S6 底泥理化指标浓度和绿弯菌门相对丰度均为各点最低, 而位于十二分沟汇入三排前的 S8 点底泥理化指标浓度和绿弯菌门相对丰度均为各点最高, 这表明绿弯菌门与有机物降解有关。绿弯菌门在冗余分析图中位于第三象限, 与底泥理化指标夹角均小于 90 度, 也说明了绿弯菌门对污染物的指示作用。绿弯菌门与有机质、氨氮、全氮呈正相关, 这与薛焱飞

对农安中央沟渠的研究结果^[28]相似。赵立君等^[29]研究发现, 绿弯菌门与水体富营养化程度具有相关性, 农田退水中未被利用的碳氮磷被底泥吸收, 使得绿弯菌门拥有充分的营养来源, 成为三排沉积物中的第二大优势菌门。冗余分析图中显示放线菌门和 pH 值方向一致, 呈显著正相关。在相关性热图中, 硫杆菌属与氮磷相关性较强。据报道, 银北灌区的农田排水沟污染物主要以氨氮和总磷为主^[15], 底泥沉积物中氮磷的累积为硫杆菌属提供了良好的生存环境。因此, 为了预防水体富营养化, 应该对三排的氮磷输入进行控制。

4 结论

(1) 三排底泥呈弱碱性, 底泥有机碳、全氮、全磷、氨氮和硝态氮等理化指标存在空间差异, 平罗县段底泥有机碳、全氮和全磷均低于贺兰县段和惠农区段。

(2) 三排底泥细菌群落组成可聚类分为贺兰县和平罗县段(S1-S6)、三二支沟和惠农区段(S7, S9-S11)及十二分沟(S8) 3 个区段。下游惠农区段底泥细菌的物种丰富度和多样性明显高于上游贺兰县段, 十二分沟与干流细菌群落差异较为明显。

(3) 三排底泥细菌在门水平上的优势菌门主要为变形菌门、绿弯菌门、放线菌门、拟杆菌门和热脱硫杆菌门。在纲水平上的优势菌纲主要为 γ -变形菌纲、拟杆菌纲、厌氧绳菌纲、放线菌纲和 α -变形菌纲; 属水平上, 优势类群集中在硫杆菌属和 *norank_f_Steroidobacteraceae*。十二分沟底泥细菌群落组成与三排干流差别较大, 三排惠农区段底泥细菌群落组成比较接近。

(4) 全氮、氨氮和硝态氮对三排底泥细菌群落结构影响较大, 为更好地进行水体氮污染控制, 应进一步深入氮循环微生物的研究。

REFERENCES

- [1] 于小彦, 张平究, 张经纬, 陈芳, 杨艳芳. 城市河流沉积物微生物量分布和群落结构特征[J]. 环境科学学报, 2020, 40(2): 585-596
Yu XY, Zhang PJ, Zhang JW, Chen F, Yang YF. Characteristics of distribution patterns of microbial biomass and community structures in the sediments from urban river[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, 40(2): 585-596 (in Chinese)
- [2] 张伟杰, 张正亚, 徐建新. 三峡库区沉积物中重金属化学形态分布特征与相关性分析[J]. 灌溉排水学报, 2017, 36(7): 86-93
Zhang WJ, Zhang ZY, Xu JX. Chemical specifications of heavy metals in sediment of the Three Gorges reservoir and their correlation analysis[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2017, 36(7): 86-93 (in Chinese)
- [3] 郝祎祺, 张全国. 微生物相互作用研究进展: 从观察到预测[J]. 北京师范大学学报(自然科学版), 2016, 52(6): 809-815
Hao YQ, Zhang QG. Microbial interactions: from observation to prediction[J]. *Journal of Beijing Normal University: Natural Science*, 2016, 52(6): 809-815 (in Chinese)
- [4] Martins G, Terada A, Ribeiro DC, Corral AM, Brito AG, Smets BF, Nogueira R. Structure and activity of lacustrine sediment bacteria involved in nutrient and iron cycles[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2011, 77(3): 666-679
- [5] Ruiz-González C, Niño-García JP, Del Giorgio PA. Terrestrial origin of bacterial communities in complex boreal freshwater networks[J]. *Ecology Letters*, 2015, 18(11): 1198-1206
- [6] Ung P, Peng C, Yuk S, Tan R, Ann V, Miyanaga K, Tanji Y. Dynamics of bacterial community in Tonle Sap Lake, a large tropical flood-pulse system in southeast Asia[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 664: 414-423
- [7] 彭磊, 赵建伟, 张钰, 华玉妹, 朱端卫, 刘广龙. 城市富营养化湖泊沉积物微生物多样性季节变化[J]. 应用与环境生物学报, 2015, 21(6): 1012-1018
Peng L, Zhao JW, Zhang Y, Hua YM, Zhu DW, Liu GL. Seasonal variation of bacterial community in sediments of urban eutrophic lakes[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2015, 21(6): 1012-1018 (in Chinese)
- [8] Jin X, Ma YT, Kong ZY, Kou WB, Wu L. The variation of sediment bacterial community in response to anthropogenic disturbances of Poyang Lake, China[J]. *Wetlands*, 2019, 39(1): 63-73
- [9] 赵忠, 滕飞, 李卫平, 于玲红, 齐璐, 杨文焕, 张元. 包头南海湖不同湖区春季沉积物细菌群落结构[J]. 灌溉排水学报, 2019, 38(6): 99-104
Zhao Z, Teng F, Li WP, Yu LH, Qi L, Yang WH, Zhang Y. Spatial variation of the sediment microbial communities in Baotou Nanhai Lake in spring[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2019, 38(6): 99-104 (in Chinese)
- [10] 于妍, 王悦悦, 方杜贤, 任洁, 王颖. 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 YY, Fang DX, Ren J, Wang Y. Bacterial diversity in surface sediments of Baiyangdian lake and its influencing factors[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(3): 1121-1130 (in Chinese)
- [11] Wan Y, Bai Y, He J, Zhang YP, Li RF, Ruan XH. Temporal and spatial variations of aquatic environmental characteristics and sediment bacterial community in five regions of Lake Taihu[J]. *Aquatic Ecology*, 2017, 51(3): 343-358
- [12] 彭柯, 董志, 邸琰茗, 郭道宇. 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 YM, Guo XY. 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 (in Chinese)
- [13] 王晓丽, 其勒格尔. 黄河内蒙古段表层沉积物细菌多样性及群落结构类型[J]. 生态学报, 2020, 40(2): 578-589
Wang XL, Qilegeer. Bacterial diversity and community structure in surface sediments of Yellow River from Inner Mongolia section[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(2): 578-589 (in Chinese)
- [14] 张帅, 李晓康, 刘祯祚, 姚岭芸, 王政, 徐艳. 基于高通量测序技术分析青岛市典型海滩沉积物的微生物多样性[J]. 海洋环境科学, 2021, 40(3): 417-424, 456
Zhang S, Li XK, Liu ZZ, Yao LY, Wang Z, Xu Y. Analysis of microbial community of typical beach sediments in Qingdao city using high throughput sequencing[J]. *Marine Environmental Science*, 2021, 40(3): 417-424, 456 (in Chinese)
- [15] 郑灿, 杨子超, 邱小琮, 尹亮, 李延林. 宁夏引黄灌

- 区排水沟水环境质量及其影响因素[J]. 水土保持通报, 2018, 38(6): 74-79, 87
- Zheng C, Yang ZC, Qiu XC, Yin L, Li YL. Water environmental quality of drainage ditches and their controls in Ningxia irrigation area[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2018, 38(6): 74-79, 87 (in Chinese)
- [16] 李延林, 郑灿, 邱小琮, 尹亮, 杨子超. 宁夏引黄灌区排水沟重金属分布特征及风险评估[J]. 中国农村水利水电, 2019(5): 65-70
- Li YL, Zheng C, Qiu XC, Yin L, Yang ZC. Distribution characteristics and risk assessment of heavy metal in drainage ditch of Yellow River irrigation region in Ningxia[J]. China Rural Water and Hydropower, 2019(5): 65-70 (in Chinese)
- [17] Fan YY, Li BB, Yang ZC, Cheng YY, Liu DF, Yu HQ. Mediation of functional gene and bacterial community profiles in the sediments of eutrophic Chaohu Lake by total nitrogen and season[J]. Environmental Pollution, 2019, 250: 233-240
- [18] 中华人民共和国农业部. 中华人民共和国农业行业标准: 土壤中 pH 值的测定 NY/T 1377—2007[S]. 北京: 中国农业出版社, 2007
- Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. Agriculture Standard of the People's Republic of China: Determination of pH in Soil. NY/T 1377—2007[S]. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2007 (in Chinese)
- [19] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000
- Bao SD. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. 3rd ed. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2000 (in Chinese)
- [20] Xu N, Tan GC, Wang HY, Gai XP. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. European Journal of Soil Biology, 2016, 74: 1-8
- [21] 吕明姬, 汪杰, 范铮, 黄艺. 滇池浮游细菌群落组成的空间分布特征及其与环境因子的关系[J]. 环境科学学报, 2011, 31(2): 299-306
- Lyu MJ, Wang J, Fan Z, Huang Y. The spatial variations of bacterioplankton community composition in Lake Dianchi and their relation to environmental factors[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2011, 31(2): 299-306 (in Chinese)
- [22] 杨长明, 吴亚琼, 王育来, 郭韵昊. 南淝河表层沉积物细菌群落结构特征及驱动因素[J]. 中国环境科学, 2018, 38(9): 3552-3561
- Yang CM, Wu YQ, Wang YL, Guo YH. Microbial community structure characteristics and its key driving factors in surface sediments along Nanfei River[J]. China Environmental Science, 2018, 38(9): 3552-3561 (in Chinese)
- [23] Winters AD, Marsh TL, Brenden TO, Faisal M. Molecular characterization of bacterial communities associated with sediments in the Laurentian Great Lakes[J]. Journal of Great Lakes Research, 2014, 40(3): 640-645
- [24] 高歌. 冰冻对农业排水渠湿地植物根系周围底泥环境与微生物的影响[D]. 长春: 东北师范大学硕士学位论文, 2021
- Gao G. Effects of freezing on the sediment environment and microorganism around roots of typical wetland plants in agricultural drainage ditch[D]. Changchun: Master's Thesis of Northeast Normal University, 2021 (in Chinese)
- [25] Liu JJ, Sui YY, Yu ZH, Shi Y, Chu HY, Jin J, Liu XB, Wang GH. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 113-122
- [26] McLellan SL, Newton RJ, Vandewalle JL, Shanks OC, Huse SM, Eren AM, Sogin ML. Sewage reflects the distribution of human faecal *Lachnospiraceae*[J]. Environmental Microbiology, 2013, 15(8): 2213-2227
- [27] 高雪峰, 韩国栋, 张国刚. 短花针茅荒漠草原土壤微生物群落组成及结构[J]. 生态学报, 2017, 37(15): 5129-5136
- Gao XF, Han GD, Zhang GG. Soil microbial community structure and composition of *Stipa breviflora* on the desert steppe[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(15): 5129-5136 (in Chinese)
- [28] 薛焯飞. 季节性冻融对农业排水渠湿地植物根系周围底泥环境及微生物的影响[D]. 长春: 东北师范大学硕士学位论文, 2021
- Xue YF. Effects of seasonal freeze-thaw on the sediment environment and microbial communities around the roots of wetland plants in agricultural drainage ditch[D]. Changchun: Master's Thesis of Northeast Normal University, 2021 (in Chinese)
- [29] 赵立君, 刘云根, 王妍, 赵蓉, 任伟, 徐鸣洲. 典型高原湖滨带底泥细菌群落结构及多样性特征[J]. 微生物学通报, 2020, 47(2): 401-410
- Zhao LJ, Liu YG, Wang Y, Zhao R, Ren W, Xu MZ. Bacterial community structure and diversity of sediments in a typical plateau lakeshore[J]. Microbiology China, 2020, 47(2): 401-410 (in Chinese)