

龙江河近岸沉积物细菌群落结构特征及其影响因素

姚胜勋*, 蒙江泉, 陆素芬, 黄常小

河池学院化学与生物工程学院, 广西 宜州 546300

姚胜勋, 蒙江泉, 陆素芬, 黄常小. 龙江河近岸沉积物细菌群落结构特征及其影响因素[J]. 微生物学通报, 2022, 49(7): 2470-2485

Yao Shengxun, Meng Jiangquan, Lu Sufen, Huang Changxiao. Characteristics of bacterial community structure in the nearshore sediments of Longjiang River and the environmental impact factors[J]. Microbiology China, 2022, 49(7): 2470-2485

摘要:【背景】2012年“溃坝事件”发生以来,龙江河重金属污染持续受到关注。【目的】揭示重金属污染河流近岸沉积物中细菌群落结构特征及环境影响因子。【方法】基于高通量测序方法(Illumina MiSeq PE300)研究龙江河近岸沉积物细菌群落多样性、分布特征及其与环境因子的相关性。【结果】龙江河近岸沉积物中 As、Cd 和 Zn 平均含量分别为 25.06、3.20 和 205.36 mg/kg, 分别达到广西土壤环境背景值的 1.22、11.97 和 2.72 倍, 均存在不同程度的污染; C/N 值在 3.66–13.15 之间, 平均值为 10.55, 沉积物中有机氮处于矿化消耗状态。细菌群落在门水平上的优势物种有绿弯菌门(*Chloroflexi*, 12.16%–35.36%)、变形菌门(*Proteobacteria*, 7.69%–30.85%)、酸杆菌门(*Acidobacteria*, 8.56%–22.48%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 5.26%–30.41%)、脱硫杆菌门(*Desulfurobacteria*, 1.14%–10.65%)和放线菌门(*Actinobacteria*, 1.55%–4.17%)这 6 个门; 纲水平上有: 厌氧绳菌纲(*Anaerolineae*, 8.92%–30.04%)、 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*, 5.10%–24.98%)、拟杆菌纲(*Bacteroidetes*, 1.54%–26.95%)、酸杆菌纲(*Acidobacteria*, 1.69%–9.40%)、*Vicinamibacteria* (1.23%–9.09%)和 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*, 2.42%–6.67%)这 6 个纲。相关性分析表明, 沉积物细菌群落丰度主要与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 pH 存在显著相关性, 细菌群落的 ACE 指数、Chao1 指数与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈显著负相关($P<0.05$)。【结论】沉积物细菌群落丰度和多样性主要受 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 pH 影响, 细菌群落丰富物种与碳、氮、磷、硫等元素生物地球化学循环有关, 可能存在污染指示微生物和病原微生物群落。

关键词: 龙江河; 近岸沉积物; 重金属; 细菌群落; 生物地球化学循环

基金项目: 广西高校中青年教师基础能力提升项目(2020KY15016, 2019KY0626)

Supported by: Basic Competence Promotion Project for Young and Middle-Aged Teachers in Universities of Guangxi (2020KY15016, 2019KY0626)

*Corresponding author: E-mail: yshxhc@163.com

Received: 2021-10-24; Accepted: 2022-01-01; Published online: 2022-02-10

Characteristics of bacterial community structure in the nearshore sediments of Longjiang River and the environmental impact factors

YAO Shengxun^{*}, MENG Jiangquan, LU Sufen, HUANG Changxiao

College of Chemical and Biological Engineering, Hechi University, Yizhou 546300, Guangxi, China

Abstract: [Background] Heavy metal pollution in Longjiang River has been a great concern since the “dam collapse” in 2012. [Objective] To reveal the bacterial community structure in nearshore sediments of heavy metal-polluted rivers and the environmental influencing factors. [Methods] With the high-throughput sequencing method (Illumina MiSeq PE300), we investigated the bacterial community characteristics in nearshore sediments of Longjiang River and the correlation with environmental factors. [Results] The average content of As, Cd, and Zn in the nearshore sediments of Longjiang River was 25.06, 3.20 and 205.36 mg/kg, 1.22, 11.97 and 2.72 folds of the soil environmental background values of Guangxi, respectively. The C/N ratio ranged from 3.66 to 13.15, with the average of 10.55, indicating that the organic nitrogen was mineralized in the sediments. The dominant bacterial phyla were *Chloroflexi* (12.16%–35.36%), *Proteobacteria* (7.69%–30.85%), *Acidobacteria* (8.56%–22.48%), *Bacteroidetes* (5.26%–30.41%), *Desulfurobacteria* (1.14%–10.65%), and *Actinobacteria* (1.55%–4.17%), and the dominant classes were *Anaerolineae* (8.92%–30.04%), *Gammaproteobacteria* (5.10%–24.98%), *Bacteroidetes* (1.54%–26.95%), *Acidobacteria* (1.69%–9.40%), *Vicinamibacteria* (1.23%–9.09%), and *Alphaproteobacteria* (2.42%–6.67%). Correlation analysis showed that the abundance of bacterial community in sediments was significantly correlated with $\text{NH}_4^+\text{-N}$ and pH, and ACE and Chao 1 indexes of bacterial community were negatively correlated with $\text{NH}_4^+\text{-N}$ ($P < 0.05$). [Conclusion] The abundance and diversity of bacterial community in sediments were mainly affected by $\text{NH}_4^+\text{-N}$ and pH, and the dominant communities were related to the biogeochemical cycle of carbon, nitrogen, phosphorus and sulfur. The sediments might be the home to some pollution indicator microorganisms and pathogenic microorganisms.

Keywords: Longjiang River; nearshore sediments; heavy metal; bacterial community; biogeochemical cycle

龙江河作为西江水系重要支流, 其水质状况关系着该流域及其下游的用水安全, 自 2012 年“溃坝事件”发生以来, 龙江河水质及环境质量状况持续受到关注。沉积物作为河流重金属污染的“源”与“汇”是学界关注的重点^[1]。已有研究表明, 龙江河沉积物主要受到 Cd、Pb、Zn 和 As 等重金属的污染, 其中 Cd 污染最严重, 受人为污染影响, 重金属生物有效性高、潜在危害大^[2-3]。

Ma 等^[4]2021 年报道显示, 2016 年和 2017 年龙江河沉积物 Cd 平均含量分别为(4.91±2.23) mg/kg 和(6.27±4.27) mg/kg, 仍然超过广西土壤环境背景值, 存在严重的潜在生态风险, 是龙江河主要的重金属污染类型^[4], 这与我们 2020 年报道的研究结果相近^[5]。

微生物是河流沉积物的重要组成部分, 是沉积物元素生物地球化学循环过程的主要驱动

者^[6], 是有机质分解、营养元素循环和有害物质降解等过程的主要参与者^[7-11]。微生物对有机质分解的同时也影响有机质对重金属的吸附作用^[12], 通过作用于其他营养元素和自身分泌有机酸等物质也会改变环境酸碱度和氧化还原电位等理化状况, 进而影响重金属活性和迁移转化特征^[13]; 同时, 一些与硫氧化还原过程相关的细菌群落富集对重金属活性构成影响, 一些细菌群落能吸收重金属和促进重金属的沉淀, 如硫酸盐还原细菌(sulfate-reducing bacteria); 还有一些细菌群落能促进金属硫化物的氧化从而促进重金属释放, 如硫氧化细菌(sulfur-oxidizing bacteria)^[12,14]。另外, 沉积物中很多微生物还是重金属等污染的指示微生物^[15], 细菌群落组成反映生态环境的稳定程度与健康状况, 同时指示生态环境是否存在污染^[16]。因此, 沉积物微生物群落驱动沉积物物质循环过程, 反映沉积物微生物生态稳定情况, 对沉积物污染环境修复方面均具有重要意义。

微生物与环境的作用是相互的, 微生物在改变重金属环境活性和迁移特征的同时, 微生物群落结构也受到重金属和其他环境因子的影响。已有研究表明, 重金属对微生物具有毒性^[17], 会抑制和破坏微生物代谢^[18-19], 降低酶活性, 导致微生物群落多样性降低^[20-21]。在长期的重金属暴露条件下, 部分微生物会形成重金属抗性基因或者产生耐性, 这部分细菌群落丰度增加^[22-24], 而对重金属敏感的细菌群落丰度则下降^[25], 从而导致细菌群落结构、功能和相互作用格局受到显著影响^[6,26]。沉积物中微生物群落结构还受到其他营养元素的影响。对三峡库区沉积物的研究表明, 微生物群落受到营养元素和重金属的影响, 其中营养元素特别是 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和溶解物有机碳(dissolved organic carbon, DOC) 等的影响更大^[27]; 海底沉积物中, 氮、磷和硫

循环相关的微生物群落丰度较高, 有机物代谢是影响微生物群落结构的主要因素, 重金属对硫氧化过程和氨氧化过程均有影响^[28]; 淡水湿地沉积物中, 铜、钼等元素通过改变微生物群落组成的变化和功能群落丰度导致淡水沉积物温室气体(CH_4 、 CO_2 等)产量的增加, 直接和间接地影响氮和碳的生物地球化学循环过程^[29]。

已有研究中, 鲜有关于龙江河重金属污染与沉积物其他环境因子对微生物群落结构影响方面的报道。为探究龙江河近岸沉积物环境理化因子与细菌群落的长期作用机制, 本研究将从评估环境理化因子、统计细菌群落结构特征到两者的相关性分析等方面研究龙江河近岸沉积物环境理化状况, 以及环境因子对细菌群落结构的影响, 以期改善龙江河环境质量和流域用水安全提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在龙江河宜州段, 沿河岸按照一定距离分别设置 5 个采样点, 记为 A、B、C、D 和 E, 各采样点采样深度分别为 45、35、82、39 和 110 cm, 采样点经纬度如表 1 所示。采样区域为以宜州城区为中心, 将采样区域分为上游(A 采样点)、中游(B、C 采样点)和下游(D、E 采样点)这 3 组分别采集样品。在采样层设置上, 已有研究多数按照相同深度设置采样层^[30-31], 但是不同采样点沉积物的深度必然不一样。为了更贴近沉积物自然沉积情况, 本研究分别采集各采样点的表层 5 cm、中间层 10 cm 和底层 10 cm 的沉积物样品。沉积物样品分 2 组采集, 一组分别采集约 1 kg 沉积物样品装入聚乙烯封口袋, 带回实验室自然风干, 用于重金属含量和各项理化指标测定; 另一组分别采集适量沉积物装入配有 DNA 保存液的 50 mL

表 1 采样点经纬度

Table 1 Latitude and longitude of the sampling site

Sampling site	Longitude	Latitude
A	108°29'11"E	24°33'55"N
B	108°37'43"E	24°30'7"N
C	108°44'7"E	24°29'47"N
D	108°47'8"E	24°31'6"N
E	108°51'24"E	24°32'9"N

离心管中,置于冰上,带回实验室-80 °C 保存,用于沉积物细菌 DNA 提取;共采集沉积物样品 15 组,其中 C3 样品测序失败,获得有效样品共 14 组。

1.2 主要试剂和仪器

氯化钾、硝酸钾、磷酸二氢钾,国药集团化学试剂有限公司;钼酸铵,福晨(天津)化学试剂有限公司;硝酸、高氯酸,成都市科隆化学有限公司;盐酸、氢氟酸,佛山市华希盛化工有限公司;土壤中重金属总量标准物质,生态环境部标准样品研究所;FastDNA[®] Spin Kit for Soil, MP Biomedicals 公司;琼脂糖,北京全式金生物技术有限公司;TE 缓冲液,北京索莱宝科技有限公司;引物,广州天一辉远基因科技有限公司。

pH 计,上海仪电科学仪器股份有限公司;连续流动分析仪,SEAL 公司;紫外可见分光光度计、凯氏定氮仪,上海昕瑞仪器仪表有限公司;电感耦合等离子体质谱仪,Agilent 公司;高速冷冻离心机、梯度 PCR 仪,Eppendorf 公司;超低温冰箱、紫外分光光度计,Thermo-Fisher 公司;发光成像工作站,上海天能科技有限公司。

1.3 沉积物理化因子测定

风干沉积物过 10 目尼龙筛后,采用去离子水(10 g 沉积物加入 25 mL 去离子水)浸提,pH 计测定 pH 值;采用 1 mol/L KCl 溶液浸提,连续

流动分析仪测定 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)含量;采用 0.5 mol/L NaHCO_3 溶液浸提,钼锑抗显色,紫外可见分光光度计测定速效磷(available phosphorus, AP)含量。风干沉积物过 100 目尼龙筛后,采用凯氏定氮法测定全氮(total nitrogen, TN)含量;采用重铬酸钾稀释热法测定有机碳(sediment organic carbon, SOC)含量^[32],有机质(sediment organic matter, SOM)含量等于 SOC 含量乘以 1.724;采用四酸消解法($\text{HNO}_3+\text{HCl}+\text{HF}+\text{HClO}_4$)消解,电感耦合等离子体质谱仪测定沉积物中 As、Cd、Zn 含量^[3],同时以土壤中重金属总量标准物质(GSB07-3272-2015, ESS-5)进行质量控制^[5]。

1.4 DNA 提取、PCR 扩增及高通量测序

沉积物细菌 DNA 的提取按照 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 说明书进行,然后用 1%琼脂糖凝胶电泳对细菌 DNA 进行检测,确保符合实验要求;DNA 浓度通过紫外分光光度计检测,满足浓度要求再进行下一步实验。经过纯化后的 DNA 溶于 50 μL 的 TE 缓冲液中,置于冰上,送到上海美吉生物医药科技有限公司(美吉生物公司)进行 16S rRNA 基因测序。PCR 扩增选择细菌 16S rRNA 基因通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAY-3'),16S rRNA 基因扩增区域为 V3-V4 高变区^[33],在美吉生物公司 Illumina MiSeq PE300 平台进行高通量测序。

1.5 数据分析

高通量测序的结果分析及绘图均基于美吉生物-生信云工具(<https://cloud.majorbio.com/>),数据分析前“按最小样本序列数”进行数据抽平处理,采用云平台自带的分析模块进行分析^[34],其中,样品 OTU 聚类(cluster)分析采用 Bray-Curtis 距离算法进行,主成分分析(principal component analysis, PCA)中,组间差异检验采

用 ANOSIM 分析方法; α 多样性指数包括群落丰度指数 Chao1 和 ACE, 群落多样性指数 Shannon 和 Simpson 的组间差异分析采用 Student's *t* 检验方法; 细菌群落组成组间差异分析采用默认的 Kruskal-Wallis 秩和检验、错误发现率(false discovery rate, FDR)多重检验校正和 Welch's (uncorrected) Post-hoc 检验方法; 门水平上物种丰度与环境因子的 Pearson 相关性分析中选择 Average 方式分别对物种和环境因子进行层级聚类。沉积物环境理化因子结果计算采用 Excel 2010 软件进行; 环境理化因子与 α 多样性指数的 Pearson 相关性分析采用 IBM SPSS Statistics 24 软件进行。细菌群落测序数据已上传至国家微生物科学数据中心(编号为 NMDCX0000115)。

2 结果与分析

2.1 龙江河近岸沉积物环境因子特征

龙江河近岸沉积物不同采样区域理化因子和重金属含量分析结果如表 2 所示。pH 值从上

游至下游均呈中性至弱碱性; NO_3^- -N、 NH_4^+ -N、TN、AP 和 SOM 含量分别在 0.25–0.59、0.17–0.39、0.88–1.40、0.22–1.00 和 6.05–31.07 g/kg 之间, 平均值分别为 0.41、0.22、1.15、0.60 和 21.16 g/kg; C/N 值在 3.66–13.15 之间, 平均值为 10.55, 上游和下游高于中游; NO_3^- -N、TN 和 SOM 的含量在上游高于中游和下游; NH_4^+ -N 的含量在中游高于上游和下游; AP 的含量在中游和下游高于上游。As、Cd 和 Zn 含量分别在 10.04–69.75、1.30–8.10 和 86.23–449.93 mg/kg 之间, 超标率分别为 50.00%、100.00%和 100.00%; 平均含量分别为 25.06、3.20 和 205.36 mg/kg, 均不同程度地超过广西土壤环境背景值, 超标倍数分别为 1.22、11.97 和 2.72 倍, 按照超过背景值倍数排序, 不同重金属元素污染程度排序为 $\text{Cd} > \text{Zn} > \text{As}$; 在研究区域内 Cd 平均含量从上游至下游有降低趋势, As 和 Zn 未表现出明显趋势; 各重金属元素均存在一定程度的污染, 其中 Cd 超过广西土壤环境背景值的倍数最高。

表 2 龙江河近岸沉积物环境因子分析结果

Table 2 Physicochemical value in the nearshore sediments of Longjiang River

Physicochemical variables	Contents in each sampling area			Background value	Max value	Min value	Mean	Exceeding standard rate (%)
	U (N=3)	M (N=5)	D (N=6)					
pH	7.21±0.05	7.40±0.20	7.59±0.23	–	7.83	7.17	7.44	–
NO_3^- -N (g/kg)	0.50±0.07	0.39±0.09	0.38±0.10	–	0.59	0.25	0.41	–
NH_4^+ -N (g/kg)	0.18±0.01	0.28±0.07	0.20±0.02	–	0.39	0.17	0.22	–
TN (g/kg)	1.23±0.15	1.21±0.18	1.06±0.21	–	1.40	0.88	1.15	–
AP (g/kg)	0.52±0.06	0.62±0.24	0.62±0.30	–	1.00	0.22	0.60	–
SOM (g/kg)	23.69±2.23	19.85±7.93	20.98±6.18	–	31.07	6.05	21.16	–
C/N	11.21±0.40	9.25±3.26	11.31±1.41	–	13.15	3.66	10.55	–
As (mg/kg)	25.51±10.89	21.29±6.99	27.97±21.51	20.500	69.75	10.04	25.06	50.00
Cd (mg/kg)	5.09±2.29	3.29±2.72	2.17±1.07	0.267	8.10	1.30	3.20	100.00
Zn (mg/kg)	287.95±141.15	175.24±51.08	189.16±73.28	75.600	449.93	86.23	205.36	100.00

注: C/N: SOC 与 TN 含量的比值; N: 采样层个数; Background value: 广西土壤背景值^[35]; –: 无数据; 超标率: 所有检测样品个数中超过背景值的百分比

Note: C/N: Ratio of SOC and TN; N: Number of sampling layers; Background value: Soil background value in Guangxi^[35]; –: No data; Exceeding standard rate: Percentage of all tested samples that exceed the background value.

2.2 龙江河近岸沉积物微生物群落组成及多样性分析

通过 MiSeq 测序分析, 龙江河近岸沉积物 14 个样品共得到有效序列 638 781 条, 测得的序列平均长度为 418 bp, 在 97%相似水平分组后, 共获得 10 598 个 OTU。

基于 Bray-Curtis 距离的样品 OTU 聚类分析(图 1A)结果表明, 以宜州城区为中心, 龙江河近岸沉积物 14 个样品可分为 3 组: A1、A2、A3 和 C2 为一组, B1、B2、B3 和 C1 为一组, D1、D2、D3、E1、E2 和 E3 为一组; 这与采样时的预分组(上游包括 A 采样点, 以 U 表示; 中游包括 B、C 采样点, 以 M 表示; 下游包括 D、E 采样点, 以 D 表示)相接近。PCA 分析结果(图 1B)与基于 Bray-Curtis 距离的样品 OTU 聚类分析相一致, $R=0.683\ 7$, $P=0.001\ 0$, 达到 $P<0.01$ 显著水平。

通过 α 多样性分析可以反映沉积物中微生物群落的丰度和多样性, 其中常用的评估指数有: Sobs 指数反映样本 OTU 实际观测值的丰度, Shannon 指数和 Simpson 指数反映样本物

种多样性, ACE 指数和 Chao1 指数反映样本物种丰度, Coverage 指数反映群落覆盖度^[7]。基于 Wilcoxon rank-sum test 检验方法对测序结果进行 α 多样性分析(图 2)结果显示, Sobs 指数在上游与中游无显著差异, 中游显著低于下游 ($P<0.05$); Shannon 指数和 Simpson 指数在各个采样区域均无显著差异; ACE 指数和 Chao1 指数在上游与中游无显著差异, 中游显著低于下游 ($P<0.05$)。所有样品的 Coverage 指数均在 95% 以上, 说明测序结果可靠。以上结果表明, 下游微生物多样性更高, 下游微生物丰度明显高于中游, 也高于上游, 微生物多样性和丰度排序均为 $D>U>M$ 。

在 14 个沉积物样品中共检测到细菌群落的 66 个门 200 个纲 469 个目 731 个科 1 208 个属和 2 651 个种。

Dai 等^[36]按照物种丰度建立了物种划分的方法, 即: 在所有的样本中丰度均高于 1% 的为丰富物种(abundant taxa, AT), 在所有样本中丰度在 0.1%至 1%之间为中等物种(moderate taxa,

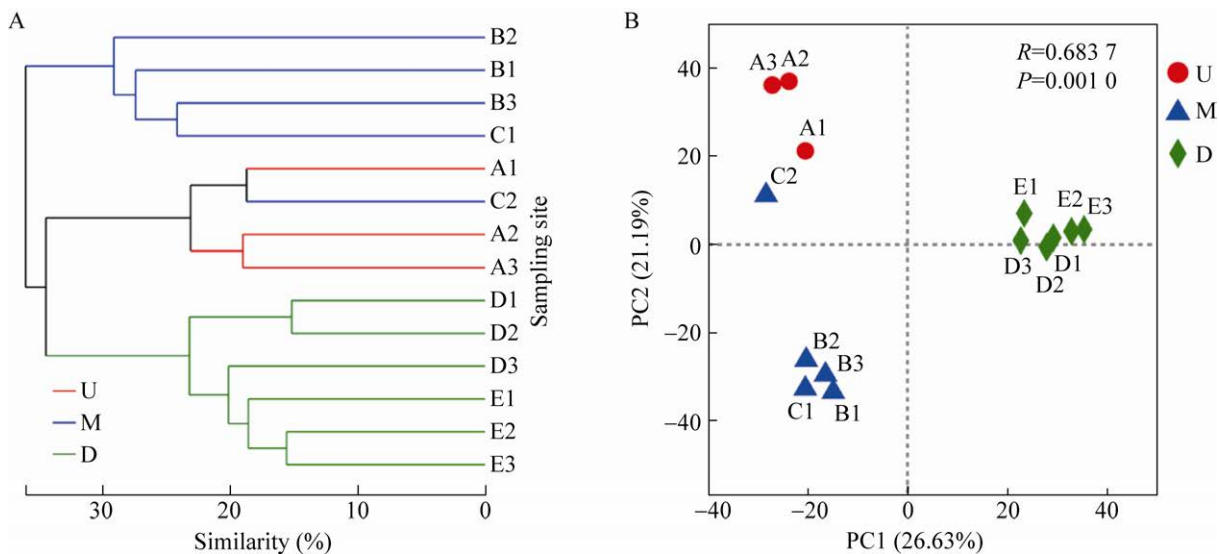


图 1 基于 Bray-Curtis 距离的样品 OTU 聚类分析(A)与 PCA 分析(B)

Figure 1 Cluster analysis (A) based on Bray-Curtis distance and PCA analysis (B) of OTU.

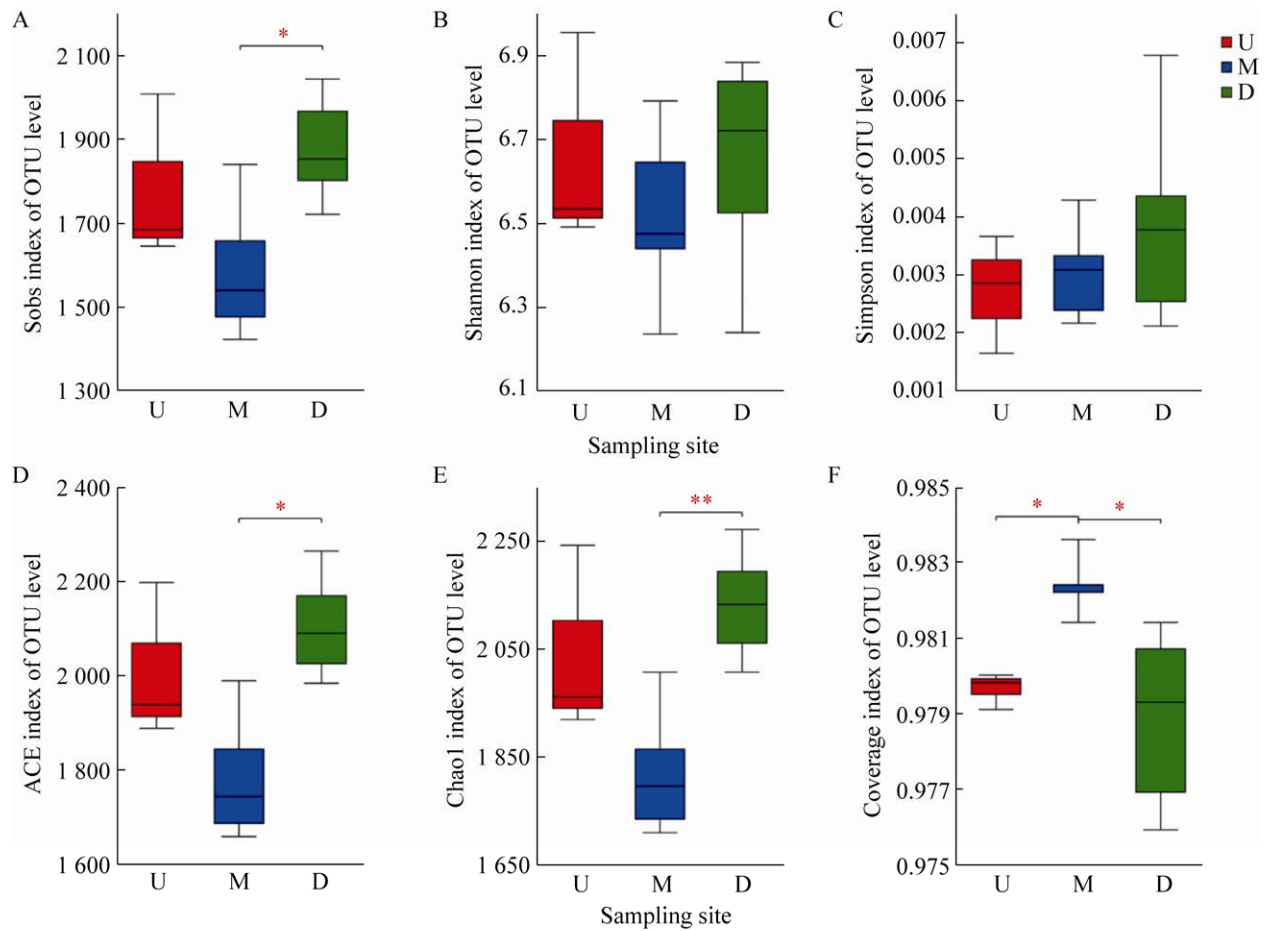


图 2 细菌群落的 α 多样性分析

Figure 2 Alpha diversity analysis of bacterial communities. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$, the same below.

MT), 在所有样本中丰度低于 0.1% 的为稀有物种(rare taxa, RT)。基于这个物种划分方法, 在门水平上, 龙江河近岸沉积物微生物丰度前 15 的物种(图 3A)丰度均大于 0.1%, 属于 MT 到 AT 丰度水平, 其中, 绿弯菌门(*Chloroflexi*, 12.16%–35.36%)、变形菌门(*Proteobacteria*, 7.69%–30.85%)、酸杆菌门(*Acidobacteria*, 8.56%–22.48%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 5.26%–30.41%)、脱硫杆菌门(*Desulfurobacteria*, 1.14%–10.65%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 1.55%–4.17%)等为优势细菌门, 均属于丰富物种。在纲水平上(图 3B), 沉积物中厌氧绳菌纲(*Anaerolineae*, 8.92%–30.04%)、 γ -变形菌纲

(*Gammaproteobacteria*, 5.10%–24.98%)、拟杆菌纲(*Bacteroidetes*, 1.54%–26.95%)、酸杆菌纲(*Acidobacteria*, 1.69%–9.40%)、*Vicinamibacteria* (1.23%–9.09%)、 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*, 2.42%–6.67%)等为优势细菌群, 也均属于丰富物种。

通过 Kruskal-Wallis 秩和检验, 不同采样区域门水平上存在显著差异($P < 0.05$)的优势物种中(图 3C), 酸杆菌门(*Acidobacteria*)在各采样区域中平均丰度排序为 $M > U > D$, 拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、脱硫杆菌门(*Desulfurobacteria*)在各采样区域中平均丰度排序均为 $U > M > D$; 门水平上存在显著差异($P < 0.05$)的优势细菌物种

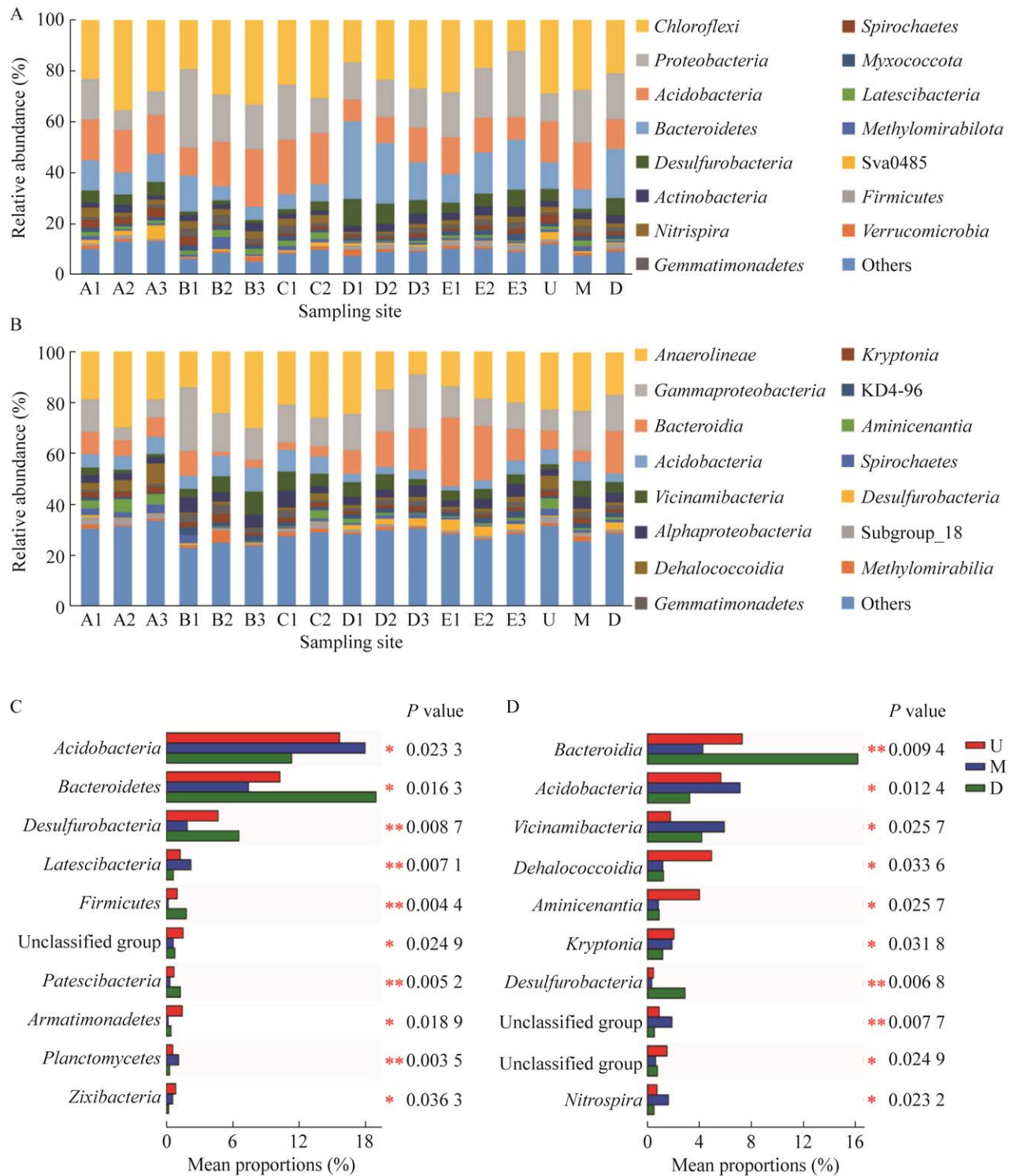


图 3 丰度前 10 的门水平(A)和纲水平(B)细菌群落组成及存在显著差异的前 10 物种门(C)和纲(D)
 Figure 3 Bacterial community structure at phylum level (A) and class level (B), and the top 10 phyla (C) and class (D) with significant differences.

(图 3D)中, 拟杆菌纲(*Bacteroidetes*)在各采样区域中平均丰度排序为 $D>U>M$, *Acidobacteria* 在各采样区域中平均丰度排序为 $M>U>D$, *Vicinamibacteria* 在各采样区域中平均丰度排序为 $M>D>U$ 。

2.3 龙江河近岸沉积物微生物群落与环境理化因子的相关性分析

在美吉生信云平台上进行除趋势对应分析(detrended correspondence analysis, DCA)(表 3), 结果显示 *axis_lengths* 的第一轴(DCA1)小于 3.0, 此时适合选用线性模型中的冗余分析(redundancy analysis, RDA)^[37], 基于 RDA 模型, 对门水平细菌群落丰度与环境因子做 RDA (图 4), 环境因子向量的长短可以代表其对于细菌群落影响的大小; 环境变量与物种变量箭头之间的夹角反映它们之间的相关性, 锐角是正相关, 夹角越小, 正相关性越高; 钝角是负相关, 钝角越大, 负相关性越大。

RDA 中同时分析了属于丰富物种的丰度前 6 的细菌群落, 结果表明, 所有环境因子中只有 NH_4^+-N 对细菌群落特征的影响达到显著水平 ($R^2=0.580$, $P=0.008$), 其次, pH ($R^2=0.192$, $P=0.317$)、Cd ($R^2=0.286$, $P=0.126$)和 Zn ($R^2=0.172$, $P=0.345$)对细菌群落特征也具有一定影响。其中, NH_4^+-N 与绿弯菌门、脱硫杆菌门、拟杆菌门呈负相关关系, 与变形菌门和酸杆菌门呈正相关关系; Cd、Zn 与绿弯菌门和酸杆菌门呈正

表 3 沉积物细菌群落结构与环境因子的除趋势对应分析

Table 3 Detrended correspondence analysis of sediment bacterial community structure and environmental factors

Coefficients	DCA1	DCA2	DCA3	DCA4
Eigenvalues	0.093 1	0.054 6	0.017 2	0.015 0
Decorana_values	0.094 7	0.038 7	0.006 5	0.003 2
Axis_lengths	0.887 1	0.796 9	0.438 6	0.405 0

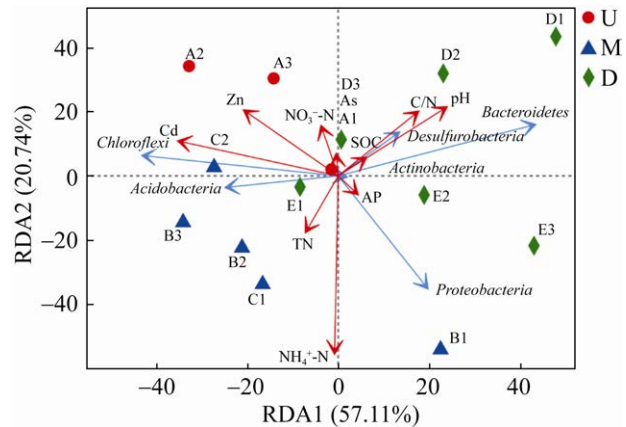


图 4 沉积物细菌群落结构与环境因子的冗余分析
Figure 4 Redundancy analysis of sediment bacterial community structure and environmental factors.

相关关系, 与脱硫杆菌门、拟杆菌门和变形菌门呈负相关关系; 环境因子对放线菌门细菌群落几乎无影响。各环境因子在不同采样区的影响方式也不同, pH、C/N 等在中下游主要表现出正相关关系, 在上游和上游则表现出负相关关系, Cd 和 Zn 主要在上游、中游表现出正相关关系, 在中下游则表现出负相关关系。

为进一步研究细菌群落与环境因子的相关性, 对相对丰度前 25 的门水平细菌群落 OTU 与环境因子进行 Pearson 相关性分析, 并对物种和环境因子层级分别求均值进行聚类分析, 绘制 heatmap 图(图 5), 颜色变化反映相关程度大小, 体现不同微生物群落 OTU 与环境因子的相关性。结果表明, 门水平丰度前 25 的物种中有 6 个细菌群落 OTU 丰度与 NH_4^+-N 存在显著相关性, 其中 *Patiscibacteria*、脱硫杆菌门(*Desulfurobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)与 NH_4^+-N 呈显著负相关($P<0.05$); 芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)与 NH_4^+-N 呈极显著正相关($P<0.01$), *Planctomycetes* 与 NH_4^+-N 呈显著正相关($P<0.05$)。5 个细菌群落 OTU 丰度与 pH 值存在显著相关性, 其中,

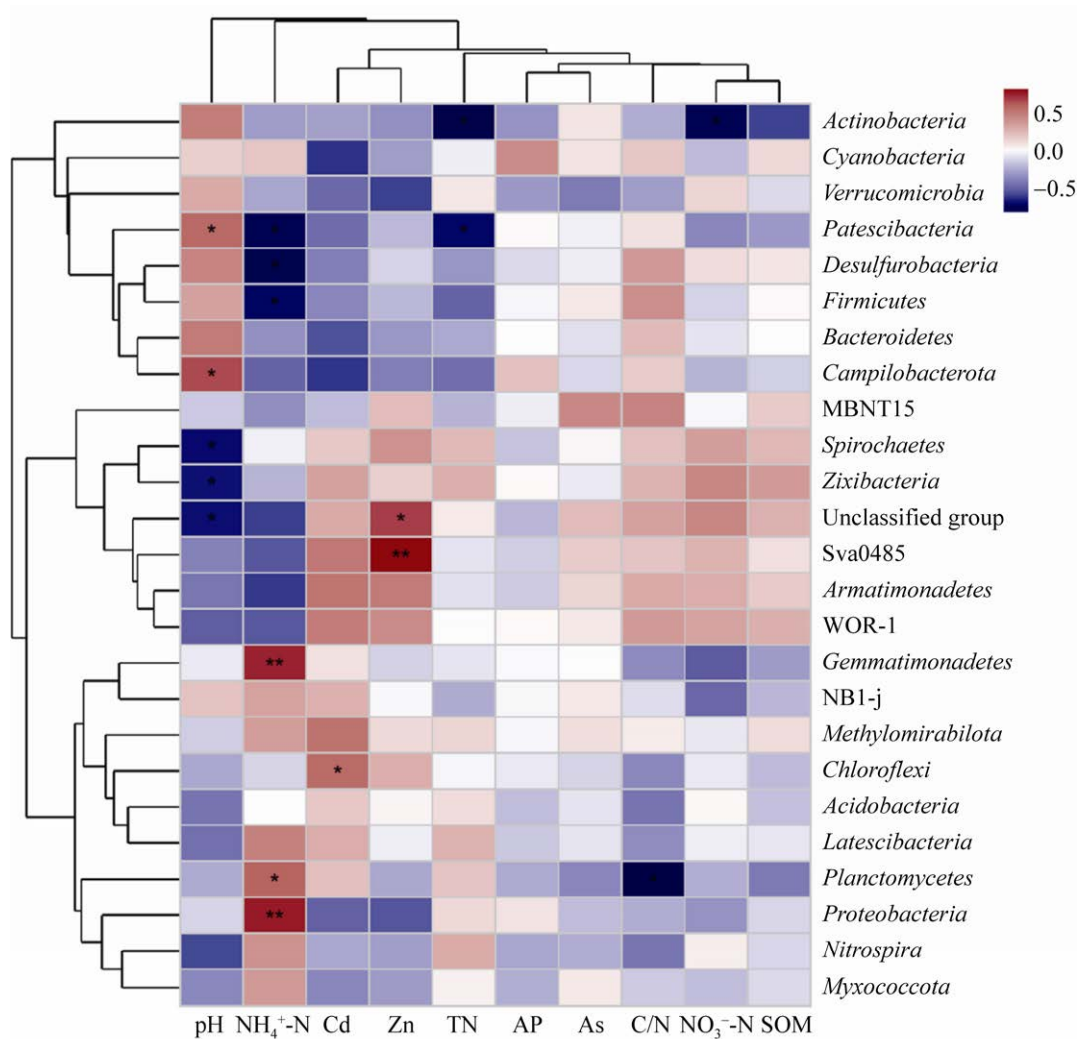


图 5 门水平上物种与环境因子相关性分析热图

Figure 5 The correlation analysis between species and physicochemical value on heatmap.

Patescibacteria 和 *Campilobacterota* 与 pH 呈显著正相关($P < 0.05$); *Spirochaetes*、*Zixibacteria* 和一个未分组的门与 pH 呈显著负相关($P < 0.05$)。说明龙江河近岸沉积物中细菌群落结构特征与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、pH 有关。部分物种还与其他一些环境因子存在显著相关性: 绿弯菌门(*Chloroflexi*)与 Cd 呈显著正相关($P < 0.05$), Sva0485 与 Zn 呈极显著正相关($P < 0.01$), 放线菌门(*Actinobacteria*)和 *Patescibacteria* 与 TN 呈显著负相关($P < 0.05$), *Planctomycetes* 与 C/N 呈显著负相关, 放线菌

门(*Actinobacteria*)与 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 呈极显著负相关($P < 0.01$)。

层级聚类分析表明, 各微生物群落在环境因子的作用下大致可以分为 3 个大类, 其中以下 2 个小类热图分布较明显, 一类是 *Patescibacteria*、脱硫杆菌门(*Desulfurobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和 *Campilobacterota*, 分别与 pH、C/N 存在正相关关系, 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、Cd、Zn、TN 存在负相关关系; 另一类是 *Spirochaetes*、*Zixibacteria*、

unclassified group、Sva0485、*Armatimonadetes*、WOR-1 分别与 pH、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 存在负相关关系，与 Cd、Zn、C/N、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、SOM 存在正相关关系。环境因子被分为 3 类，其中，pH、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 分别单独为一类，Cd、Zn、TN、AP、As、C/N、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和 SOM 为一类。

为进一步研究环境理化因子对细菌群落多样性和丰度的影响，进行了环境理化因子与 α 多样性指数的 Pearson 相关性分析(表 4)。结果表明，只有 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与细菌 ACE 和 Chao1 指数呈显著负相关($P<0.05$)，说明 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 能显著影响细菌群落的丰度，但是对细菌群落的多样性无显著影响。pH、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、C/N、As 和 Cd 与 Shannon 指数存在一定相关性，pH 和 Zn 与 Simpson 指数也存在一定相关性，但相关性均不显著，说明这些环境因子对细菌群落多样性具有一定影响但不显著。 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、SOM、C/N 和 Cd 与 ACE、Chao1 指数具有一定相关性，但是也未达到显著水平，说明这 3 个环境因子对细菌丰度的影响也不显著。

表 4 环境理化因子与 α 多样性指数的 Pearson 相关系数

Table 4 Pearson correlation coefficient between environmental physicochemical value and alpha diversity index

Physicochemical variables	Shannon	Simpson	ACE	Chao1
pH	-0.261	0.453	0.103	0.129
$\text{NH}_4^+\text{-N}$	-0.329	-0.006	-0.628*	-0.623*
$\text{NO}_3^-\text{-N}$	0.205	-0.131	0.299	0.287
TN	0.004	-0.132	-0.072	-0.080
AP	0.025	-0.080	0.157	0.152
SOM	0.197	-0.070	0.308	0.285
C/N	0.264	0.028	0.479	0.453
As	0.207	-0.153	0.140	0.127
Cd	-0.344	-0.019	-0.349	-0.358
Zn	0.061	-0.268	0.028	0.013

Note: *: $P<0.05$.

3 讨论与结论

3.1 讨论

3.1.1 沉积物理化因子及重金属污染情况分析

目前尚无沉积物的无机营养盐和有机质污染评价参考值的报道。借鉴土壤氮供给能力研究结果，C/N 可以反映土壤微生物对有机氮的转化情况，一般 C/N 值小于 20 有利于土壤有机氮的矿化，大于 30 则会使土壤氮素固定，20-30 之间则矿化和固定均有发生^[38]；龙江河近岸沉积物中 C/N 值在 3.66-13.15 之间，平均为 10.55，说明沉积物中有机氮处于矿化消耗状态。

研究区域中，龙江河近岸沉积物中 As、Cd 和 Zn 含量分别为广西土壤环境背景值的 1.22、11.97 和 2.72 倍，均存在不同程度的污染。这与 2021 年 Ma 等^[4]报道的研究结果相一致。2020 年，耿思敏等^[39]研究认为，龙江河的水质处于健康状态，不存在重金属污染；表明在龙江河后污染时期，龙江河沉积物中 As、Cd 和 Zn 等重金属元素对河流水质的影响较小，这可能与重金属污染治理后沉积物偏碱性有利于重金属稳定于沉积物中有关。

3.1.2 龙江河近岸沉积物细菌群落结构特征

龙江河近岸沉积物中，按照 Dai 等^[36]建立的物种分类办法，在门水平上属于丰富物种的细菌群落有绿弯菌门、变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、脱硫杆菌门、放线菌门 6 个门；在纲水平上有厌氧绳菌纲、 γ -变形菌纲、拟杆菌纲、酸杆菌纲、*Vicinamibacteria* 和 α -变形菌纲这 6 个纲。这与其他一些沉积物微生物群落结构特征的研究结果^[7,40-41]相似。

微生物在沉积物碳、氮、磷、硫等元素的生物地球化学循环过程中发挥重要作用^[7-11]，同时，一些细菌群落对环境污染具有指示作用^[8]，

通过比较不同细菌群落构成特征可以在一定程度上反映沉积物环境质量状况。

绿弯菌门也被称为“绿色非硫细菌”(green non-sulfur bacteria)^[42]或“多细胞丝状绿色细菌”(multicellular filamentous green bacteria)^[43], 多为丝状, 也有球状、杆状和分枝状等形态^[44], 其中部分物种能进行不产氧的光合作用^[45], 在各采样区中其平均丰度最高; 属于该门的厌氧绳菌纲为严格厌氧微生物, 在不同采样区中丰度也最高, 这可能与近岸沉积物淹水较浅, 存在光照、厌氧等条件, 形成长期对微生物的选择作用有关。绿弯菌门与沉积物碳、氮、硫等元素循环有关^[11,44], 也是一种指示污染的微生物^[46], 其相对丰度最高, 在一定程度上反映了研究区域沉积物已经受到污染。

变形菌门是细菌中最大的细菌群落之一^[47], 在碳、氮、磷、硫等元素的生物地球化学循环过程中具有重要作用^[8-11]。在各采样点中, 变形菌门相对丰度仅次于绿弯菌门, 其中 γ -变形菌纲和 α -变形菌纲也为丰富物种, 这与李彬等^[48]对重金属污染水库沉积物中细菌群落结构特征的研究结果相似。

酸杆菌门微生物在新陈代谢过程中可能导致沉积物形成酸性条件^[49], 这可能促进沉积物中稳态重金属的活化, 对水环境构成二次污染威胁。酸杆菌门也是指示污染的微生物^[46], 也在一定程度上反映了研究区域受到污染, 差异性分析显示其相对丰度在中游最高, 说明靠近宜州城区的沉积物污染程度更大。

拟杆菌门与沉积物磷循环有密切关系^[13], 很多拟杆菌纲的细菌种类生活在人或者动物的肠道中, 有时候能导致内源感染成为病原菌; 脱硫杆菌门与沉积物硫循环密切相关; 厚壁菌门多与环境有机质的降解有关^[31]; 这 3 种细菌群落相对丰度在上游、中游和下游均存在显

著差异且在中游相对丰度最高, 这可能与下游采样区域附近存在水产养殖有关。

3.1.3 细菌群落对环境理化因子和重金属污染的响应

相关性分析表明, 沉积物细菌群落结构特征主要与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 pH 有关, 门水平丰度前 25 的细菌群落中有 6 个与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 存在显著相关性, Pearson 相关性分析表明 ACE、Chao1 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 均存在显著负相关($P<0.05$), 说明细菌群落的丰度受到 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的显著影响; 门水平丰度前 25 的细菌群落中有 5 个与 pH 存在显著相关性, 而且细菌群落 Simpson 指数与 pH 的相关性系数 R^2 达到 0.453, 说明细菌群落多样性也受到 pH 的较大影响。此外, 部分细菌群落 OTU 丰度与 TN、C/N、SOM 及重金属 Cd、Zn 含量也存在显著相关性, 但是细菌群落 α 多样性指数与这些环境因子和重金属含量的相关性不显著, 说明细菌群落多样性和丰富性受其影响不明显, 这与已有报道的结果^[50-52]相似。

3.2 结论

通过对龙江河近岸沉积物环境理化因子分析、重金属污染评价、高通量测序技术、参照 Dai 等^[36]建立的物种划分方法等研究细菌群落结构特征及其环境影响因素, 得出以下主要结论:

(1) 龙江河近岸沉积物 As、Cd 和 Zn 平均含量分别为广西土壤环境背景值 1.22、11.97 和 2.72 倍, 均存在不同程度的污染; C/N 值在 3.66-13.15 之间, 平均为 10.55, 沉积物中氮素处于矿化消耗状态。

(2) 龙江河近岸沉积物中, 门水平上属于丰富物种的细菌群落有绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、变形菌门 (*Proteobacteria*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、脱硫杆菌门 (*Desulfurobacteria*) 和放线菌门 (*Actinobacteria*); 在纲水平上有厌氧绳菌纲

(*Anaerolineae*)、 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)、拟杆菌纲(*Bacteroidetes*)、酸杆菌纲(*Acidobacteria*)、*Vicinamibacteria* 和 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*)。这些细菌群落在沉积物碳、氮、磷、硫等元素的生物地球化学循环过程发挥着重要作用,绿弯菌门、酸杆菌门、拟杆菌门相对丰度高,在一定程度上反映了研究区域沉积物已经受到污染并存在病原微生物。

(3) 相关性分析表明,沉积物细菌群落丰度主要与 NH_4^+ -N 和 pH 存在显著相关性,其中, NH_4^+ -N 对细菌群落的丰度具有显著影响, pH 值对细菌群落多样性具有较大影响。

REFERENCES

- [1] 齐鹏, 余树全, 张超, 梁立成, 车继鲁. 城市地表水表层沉积物重金属污染特征与潜在生态风险评估: 以永康市为例[J]. 环境科学, 2015, 36(12): 4486-4493
Qi P, Yu SQ, Zhang C, Liang LC, Che JL. Pollution characteristics and potential ecological risk of heavy metals in urban surface water sediments from Yongkang[J]. Environmental Science, 2015, 36(12): 4486-4493 (in Chinese)
- [2] 邓渠成, 王晓飞, 尹娟, 邓超冰. 西江上游有色金属产业集聚区河流沉积物重金属空间分布特征与来源解析[J]. 环境科学研究, 2017, 30(8): 1221-1229
Deng QC, Wang XF, Yin J, Deng CB. Spatial distribution and source analysis of heavy metals in sediments of the upstream Xijiang Basin within nonferrous metal accumulation areas[J]. Research of Environmental Sciences, 2017, 30(8): 1221-1229 (in Chinese)
- [3] 蓝小龙, 宁增平, 肖青相, 黄正玉, 刘意章, 肖唐付, 赵彦龙, 吴世良. 广西龙江沉积物重金属污染现状及生物有效性[J]. 环境科学, 2018, 39(2): 748-757
Lan XL, Ning ZP, Xiao QX, Huang ZY, Liu YZ, Xiao TF, Zhao YL, Wu SL. Spatial distribution, sources and bioavailability of heavy metals in the surface sediments of Longjiang River, Southern China[J]. Environmental Science, 2018, 39(2): 748-757 (in Chinese)
- [4] Ma QL, Yao LA, Guo QW, Zhou GJ, Liang RC, Fang QL, Xu ZC, Zhao XM. Long-term impact of accidental pollution on the distribution and risks of metals and metalloids in the sediment of the Longjiang River, China[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, 28: 1889-1900
- [5] 姚胜勋, 韦富椿, 陆素芬, 韦岩松. 龙江河近岸沉积物重金属含量与污染评价[J]. 湿法冶金, 2020, 39(2): 164-170
Yao SX, Wei FC, Lu SF, Wei YS. Heavy metal contents and pollution assessment of nearshore sediments in Longjiang River[J]. Hydrometallurgy of China, 2020, 39(2): 164-170 (in Chinese)
- [6] Rajeev M, Sushmitha TJ, Aravindraja C, Toleti SR, Pandian SK. Exploring the impacts of heavy metals on spatial variations of sediment-associated bacterial communities[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021, 209: 111808
- [7] 刘鹏远, 张海坤, 陈琳, 孙延瑜, 王彩霞, 宋虹, 胡晓珂. 黄渤海海草分布区日本鳗草根际微生物群落结构特征及其功能分析[J]. 微生物学报, 2019, 59(8): 1484-1499
Liu PY, Zhang HK, Chen L, Sun YY, Wang CX, Song H, Hu XK. Rhizosphere microbial community structure and function of *Zostera japonica* in the distribution area of seagrass beds in the Yellow Sea and Bohai Sea[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2019, 59(8): 1484-1499 (in Chinese)
- [8] Guo XP, Lu DP, Niu ZS, Feng JN, Chen YR, Tou FY, Liu M, Yang Y. Bacterial community structure in response to environmental impacts in the intertidal sediments along the Yangtze Estuary, China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2018, 126: 141-149
- [9] Wu WZ, Yang LH, Wang JL. Denitrification performance and microbial diversity in a packed-bed bioreactor using PCL as carbon source and biofilm carrier[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, 97(6): 2725-2733
- [10] Chen C, Xu XJ, Xie P, Yuan Y, Zhou X, Wang AJ, Lee DJ, Ren NQ. Pyrosequencing reveals microbial community dynamics in integrated simultaneous desulfurization and denitrification process at different influent nitrate concentrations[J]. Chemosphere, 2017, 171: 294-301
- [11] 陈俊松, 杨渐, 蒋宏忱. 湖泊硫循环微生物研究进展[J]. 微生物学报, 2020, 60(6): 1177-1191
Chen JS, Yang J, Jiang HC. Research progress on microbes involved in lacustrine sulfur cycling[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(6): 1177-1191 (in Chinese)

- [12] Cifuentes GR, Jiménez-Millán J, Quevedo CP, Gálvez A, Castellanos-Rozo J, Jiménez-Espinosa R. Trace element fixation in sediments rich in organic matter from a saline lake in tropical latitude with hydrothermal inputs (Sochagota Lake, Colombia): the role of bacterial communities[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 762: 143113
- [13] Liu JS, Ma Q, Hui XL, Ran JY, Ma QX, Wang XS, Wang ZH. Long-term high-P fertilizer input decreased the total bacterial diversity but not *phoD*-harboring bacteria in wheat rhizosphere soil with available-P deficiency[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 149: 107918
- [14] Ge Y, Lou YH, Xu MM, Wu C, Meng J, Shi L, Xia F, Xu Y. Spatial distribution and influencing factors on the variation of bacterial communities in an urban river sediment[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 272: 115984
- [15] Zhang X, Gu Q, Long XE, Li ZL, Liu DX, Ye DH, He CQ, Liu XY, Väänänen K, Chen XP. Anthropogenic activities drive the microbial community and its function in urban river sediment[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, 16(2): 716-725
- [16] Yuan QS, Wang PF, Wang C, Chen J, Wang X, Liu S. Indicator species and co-occurrence pattern of sediment bacterial community in relation to alkaline copper mine drainage contamination[J]. *Ecological Indicators*, 2021, 120: 106884
- [17] Zampieri BDB, Nogueira EW, De Oliveira AJFC, Sánchez-Andrea I, Brucha G. Effects of metals on activity and community of sulfate-reducing bacterial enrichments and the discovery of a new heavy metal-resistant SRB from Santos Port sediment (São Paulo, Brazil)[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(1): 922-935
- [18] Dell'Anno A, Mei ML, Ianni C, Danovaro R. Impact of bioavailable heavy metals on bacterial activities in coastal marine sediments[J]. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 2003, 19(1): 93-100
- [19] Wang YP, Shi JY, Wang H, Lin Q, Chen XC, Chen YX. The influence of soil heavy metals pollution on soil microbial biomass, enzyme activity, and community composition near a copper smelter[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2007, 67(1): 75-81
- [20] Sullivan TS, McBride MB, Thies JE. Soil bacterial and archaeal community composition reflects high spatial heterogeneity of pH, bioavailable Zn, and Cu in a metalliferous peat soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 66: 102-109
- [21] Chen JH, He F, Zhang XH, Sun X, Zheng JF, Zheng JW. Heavy metal pollution decreases microbial abundance, diversity and activity within particle-size fractions of a paddy soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, 87(1): 164-181
- [22] Jie SQ, Li MM, Gan M, Zhu JY, Yin HQ, Liu XD. Microbial functional genes enriched in the Xiangjiang River sediments with heavy metal contamination[J]. *BMC Microbiology*, 2016, 16(1): 179
- [23] Zhang XH, Tang S, Wang M, Sun WM, Xie YW, Peng H, Zhong AM, Liu HL, Zhang XW, Yu HX, et al. Acid mine drainage affects the diversity and metal resistance gene profile of sediment bacterial community along a river[J]. *Chemosphere*, 2019, 217: 790-799
- [24] Song WJ, Qi R, Zhao L, Xue NN, Wang LY, Yang YY. Bacterial community rather than metals shaping metal resistance genes in water, sediment and biofilm in lakes from arid northwestern China[J]. *Environmental Pollution*, 2019, 254: 113041
- [25] Long SQ, Tong H, Zhang XX, Jia SY, Chen MJ, Liu CS. Heavy metal tolerance genes associated with contaminated sediments from an E-waste recycling river in southern China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 665090
- [26] Li CC, Quan Q, Gan YD, Dong JY, Fang JH, Wang LF, Liu J. Effects of heavy metals on microbial communities in sediments and establishment of bioindicators based on microbial taxa and function for environmental monitoring and management[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 749: 141555
- [27] Sun HY, Wu YH, Bing HJ, Zhou J, Li N. Available forms of nutrients and heavy metals control the distribution of microbial phospholipid fatty acids in sediments of the Three Gorges Reservoir, China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2018, 25(6): 5740-5751
- [28] Lu MQ, Luo X, Jiao JJ, Li HL, Wang XJ, Gao JY, Zhang XL, Xiao K. Nutrients and heavy metals mediate the distribution of microbial community in the marine sediments of the Bohai Sea, China[J]. *Environmental Pollution*, 2019, 255: 113069
- [29] Giannopoulos G, Hartop KR, Brown BL, Song B, Elsgaard L, Franklin RB. Trace metal availability affects greenhouse gas emissions and microbial functional group abundance in freshwater wetland sediments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 560861

- [30] Wang F, Dong WY, Zhao ZL, Wang HJ, Li WZ, Chen GH, Wang FF, Zhao Y, Huang J, Zhou T. Heavy metal pollution in urban river sediment of different urban functional areas and its influence on microbial community structure[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 778: 146383
- [31] 牛凤霞, 吉芳英, 赵良, 张倩, 沈秋实, 何强, 颜海波. 龙景湖沉积物的细菌群落垂直分布特征[J]. *中国环境科学*, 2017, 37(6): 2322-2331
Niu FX, Ji FY, Zhao G, Zhang Q, Shen QS, He Q, Yan HB. Vertical distribution of bacterial communities in sediments of Longjing Lake[J]. *China Environmental Science*, 2017, 37(6): 2322-2331 (in Chinese)
- [32] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000
Bao SD. *Soil and Agricultural Chemistry Analysis*[M]. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2000 (in Chinese)
- [33] 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
- [34] 黄家庆, 赖永翔, 翁伯琦, 叶菁, 刘岑薇, 王义祥. 花生壳生物炭对镉污染菜园土壤细菌群落结构的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, 26(5): 1115-1128
Huang JQ, Lai YX, Weng BQ, Ye J, Liu CW, Wang YX. Effect of peanut shell biochar on the bacterial community structure in cadmium-containing vegetable soil[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2020, 26(5): 1115-1128 (in Chinese)
- [35] 中国环境监测总站. 中国土壤元素背景值[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1990
China National Environmental Monitoring Centre. *Background values of soil elements in China*[M]. Beijing: China Environmental Science Press, 1990 (in Chinese)
- [36] Dai TJ, Zhang Y, Tang YS, Bai YH, Tao YL, Huang B, Wen DH. Identifying the key taxonomic categories that characterize microbial community diversity using full-scale classification: a case study of microbial communities in the sediments of Hangzhou Bay[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, 92(10): fiw150
- [37] Sheik CS, Mitchell TW, Rizvi FZ, Rehman Y, Faisal M, Hasnain S, McInerney MJ, Krumholz LR. Exposure of soil microbial communities to chromium and arsenic alters their diversity and structure[J]. *PLoS One*, 2012, 7(6): e40059
- [38] 骆永明. 长江、珠江三角洲土壤及其环境[M]. 北京: 科学出版社, 2012
Luo YM. *Soil Environment of the Yangtze River and Pearl River Delta*[M]. Beijing: Science Press, 2012 (in Chinese)
- [39] 耿思敏, 李发鹏, 王建平. 河池市龙江河健康评估[J]. *中国水利水电科学研究院学报*, 2020, 18(6): 508-514
Geng SM, Li FP, Wang JP. Study on health assessment of Longjiang River in Hechi city[J]. *Journal of China Institute of Water Resources and Hydropower Research*, 2020, 18(6): 508-514 (in Chinese)
- [40] 袁瑞强, 牛漾聃, 王鹏, 王仕琴. 引黄对受水河段沉积物微生物群落的影响[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(2): 499-508
Yuan RQ, Niu YD, Wang P, Wang SQ. Effects of the Yellow River diversion on microbial communities in sediments of the receiving reach[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, 39(2): 499-508 (in Chinese)
- [41] 申立娜, 张璐璐, 秦珊, 姚波, 崔建升, 刷泽佳, 付雨. 白洋淀喹诺酮类抗生素与微生物群落结构和多样性相关性研究[J]. *环境科学学报*, 2020, 40(2): 574-584
Shen LN, Zhang LL, Qin S, Yao B, Cui JS, Ju ZJ, Fu Y. The correlation between quinolone antibiotics and microbial community structure and diversity in Baiyangdian Lake[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, 40(2): 574-584 (in Chinese)
- [42] Oyaizu H, Debrunner-Vossbrinck B, Mandelco L, Studier JA, Woese CR. The green non-sulfur bacteria: a deep branching in the eubacterial line of descent[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 1987, 9(1/2): 47-53
- [43] Pfennig N. Multicellular filamentous green bacteria[A]//Staley JT, Bryant MP, Pfennig N, Holt JC. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*[M]. Baltimore: Williams and Wilkins, 1989: 1697-1707
- [44] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. *微生物学报*, 2020, 60(9): 1801-1820
Xian WD, Zhang XT, Li WJ. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi*[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(9): 1801-1820 (in Chinese)
- [45] Madigan MT, Brock TD. Photosynthetic sulfide oxidation by *Chloroflexus aurantiacus*, a filamentous, photosynthetic, gliding bacterium[J]. *Journal of Bacteriology*, 1975, 122(2): 782-784
- [46] 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

- [47] 张晓华. 海洋微生物学[M]. 2版. 北京: 科学出版社, 2016
Zhang XH. Marine Microbiology[M]. 2nd ed. Beijing: Science Press, 2016 (in Chinese)
- [48] 李彬, 杨爱江, 胡霞, 徐琨, 刘吉. 锑矿废水影响下水库沉积物中细菌群落结构特征研究[J]. 微生物学通报, 2021, 48(9): 2956-2971
Li B, Yang AJ, Hu X, Xu K, Liu J. Bacterial community structure in reservoir sediments under the influence of antimony ore waste water[J]. Microbiology China, 2021, 48(9): 2956-2971 (in Chinese)
- [49] 向兴, 王红梅, 龚林锋, 刘乔. 细菌群落在神农架大九湖泥炭藓与表层沉积物的垂向变化及其生态意义[J]. 中国科学(地球科学), 2014, 44(6): 1244-1252
Xiang X, Wang HM, Gong LF, Liu Q. Vertical variations and associated ecological function of bacterial communities from sphagnum to underlying sediments in Dajiuhu Peatland[J]. Scientia Sinica: Terrae, 2014, 44(6): 1244-1252 (in Chinese)
- [50] Wang JW, Liu T, Sun WL, Chen Q. Bioavailable metal(loid)s and physicochemical features co-mediating microbial communities at combined metal(loid) pollution sites[J]. Chemosphere, 2020, 260: 127619
- [51] 谢学辉, 范凤霞, 袁学武, 朱文祥, 刘娜, 平婧, 柳建设. 德兴铜矿尾矿重金属污染对土壤中微生物多样性的影响[J]. 微生物学通报, 2012, 39(5): 624-637
Xie XH, Fan FX, Yuan XW, Zhu WX, Liu N, Ping J, Liu JS. Impact on microbial diversity of heavy metal pollution in soils near Dexing copper mine tailings[J]. Microbiology China, 2012, 39(5): 624-637 (in Chinese)
- [52] Du HX, Harata N, Li FS. Responses of riverbed sediment bacteria to heavy metals: integrated evaluation based on bacterial density, activity and community structure under well-controlled sequencing batch incubation conditions[J]. Water Research, 2018, 130: 115-126