DOI:10.3969/j.issn.2096-8248.2024.03.002

海州湾浮游细菌群落多样性*

萧荣达,朱宇昂,狄美琪,李慧芳,徐军田

(江苏海洋大学 海洋科学与水产学院,江苏 连云港　222005)

摘　要:海洋细菌作为海洋中上层水体中丰度最高的微型生物类群,主导了海洋中的固碳、硫循环、硝化和氨氧化等生物地球化学循环过程。海州湾作为南黄海西端的开放海湾,资源丰富,是江苏省四大渔场之一。目前对海州湾浮游细菌群落的空间分布仍缺乏较为系统的研究。利用高通量测序技术,对海州湾北部、南部及靠近外海的 8 个站位进行浮游细菌群落结构多样性调查。研究结果表明,海州湾北部的生物多样性与丰富度最高,而外海站位最低。在海州湾海域共发现 43 个门、373 个科,其中红杆菌科(Rhodobacteraceae)、莫拉氏菌科(Moraxellaceae)、黄杆菌科(Flavobacteriaceae)和放线菌科(Actinomarinaceae)是海州湾海域的主要优势科。基于 Bray-Curtis 距离的 β 多样性分析显示海州湾南部和北部的细菌群落结构差异显著,通过线性判别分析(linear discriminant analysis effect size,LEfSe)共找出 172 个差异分类单元。进一步分析发现,环境因子差异显著影响海州湾区域的细菌群落组成,其中温度、pH 和 NH_4^+-N 直接或间接地影响细菌生长代谢进而影响海州湾细菌的群落结构组成。

关键词:细菌多样性;群落结构;海州湾

中图分类号:Q938.8　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:2096-8248(2024)03-0009-11

引用格式:萧荣达,朱宇昂,狄美琪,等.海州湾浮游细菌群落多样性[J].江苏海洋大学学报(自然科学版),2024,33(3):9-19.

Diversity of Planktonic Bacterial Communities in Haizhou Bay

XIAO Rongda, ZHU Yuang, DI Meiqi, LI Huifang, XU Juntian

(School of Marine Science and Fisheries, Jiangsu Ocean University, Lianyungang 222005, China)

Abstract: Marine bacteria, as the most abundant microbiological group in the middle and upper waters of the ocean, dominate the biogeochemical cycles of carbon sequestration, sulfur cycle, nitrification and ammonia oxidation in the ocean. As the most western open bay of the South Yellow Sea, Haizhou Bay is rich in resources and is one of the four major fishing grounds in Jiangsu Province. However, there is still a lack of systematic research on the distribution of bacterial community in Haizhou Bay. In this study, high-throughput sequencing technology was used to investigate the community structure and diversity of bacteria at 8 stations in the northern and southern of Haizhou Bay. The results showed that the biodiversity and richness of bacteria were highest in the northern Haizhou Bay, while lowest in the offshore stations. A total of 43 phyla and 373 families were found in all the samples, among which Rhodobacteraceae, Moraxellaceae, Flavobacteriaceae and Actinomarinaceae were the dominant families. β-diversity analysis based on

* **收稿日期**:2023-12-16;**修订日期**:2024-02-01

基金项目:自然资源部滨海盐沼湿地生态与资源重点实验室开放基金项目(KLCSMERMNR2021107);连云港市博士后科研资助项目(LYG20220003)

作者简介:萧荣达(1999—),男,福建泉州人,硕士研究生,研究方向为海洋环境微生物多样性,(E-mail)1195014753@qq.com。

通信作者:李慧芳(1991—),女,山东菏泽人,副教授,博士,研究方向为环境微生物生态学,(E-mail)huifangli@jou.edu.cn。

Bray-Curtis distance showed significant differences in bacterial community structure between the southern and northern parts of Haizhou Bay, 172 different taxa were identified by LEfSe analysis. Mantel test showed that the differences of environmental factors significantly affected the composition of bacterial community in Haizhou Bay, in which temperature, pH and NH_4^+-N significantly affected the composition of bacterial community through directly or indirectly affected the growth and metabolism of bacteria.

Key words: bacterial diversity; community composition; Haizhou Bay

0 引言

海州湾位于江苏省东北端的黄海之滨,东以岚山头与连云港东西连岛的连线为界,面积约 820 km^2,是典型的半封闭海湾。作为中国八大渔场之一,海州湾水质肥沃、入海河流众多,是经济鱼类的产卵场和育幼场,也是中国重要的紫菜[1]和贻贝养殖区[2]。近年来,海州湾海水养殖面积不断增加,该海域海洋生态环境污染承载压力不断增大,海水水质逐渐进入富营养化状态[3]。细菌是海洋中上层水体中丰度最高的微型生物类群,对海洋中碳、氮、磷、硫、硅等元素循环的生态过程起着至关重要的作用[4]。温度、pH 和营养盐浓度等多种理化因子的变化能够显著影响微生物的群落组成和多样性,进而影响微生物的物质循环和能量流动[5-7]。研究细菌群落的多样性对于了解其生态功能以及生物地球化学循环过程有着重要作用。目前,对海州湾海洋生物多样性的了解多聚焦在浮游植物、浮游动物和海洋环境等方面,对其细菌多样性的研究较少,尤其是关于南北部群落结构差异方面的研究更少。基于此,本研究以海州湾南部和北部水域作为研究区域,并增加一个靠近外海点位作为参考,利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术,分析了海州湾微生物群落结构与多样性。旨在通过研究环境因子与海洋微生物分布特征的关联性,为海州湾生态环境监测及生态系统的可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验仪器和材料

QuAAtro 39 连续流动分析仪(SEAL Analytical, Germany),0.22 μm 滤膜(GTTP, Millpore, Billerica, MA, USA),温盐深仪 CTD(conductivity temperature depth, CTD)(SeaBird Electronics, Inc, Bellevue, WA, USA),MoBio 水样 DNA 提取试剂盒(MOBIO, USA)。

1.2 样品采集和理化参数的测定

本研究于 2021 年 12 月在海州湾海域的南部和北部以及靠近外海的 8 个站位进行样品采集,采样站位经纬度如图 1 所示,通过 Surfer 软件绘制站位图。每个站位采集的 1 L 海水样品通过 20 μm 筛绢过滤去除大颗粒后,用 0.22 μm 滤膜过滤,随后迅速将滤膜放入灭菌的 EP 管中置于液氮中速冻,储存于−80 ℃直至进行 DNA 提取。

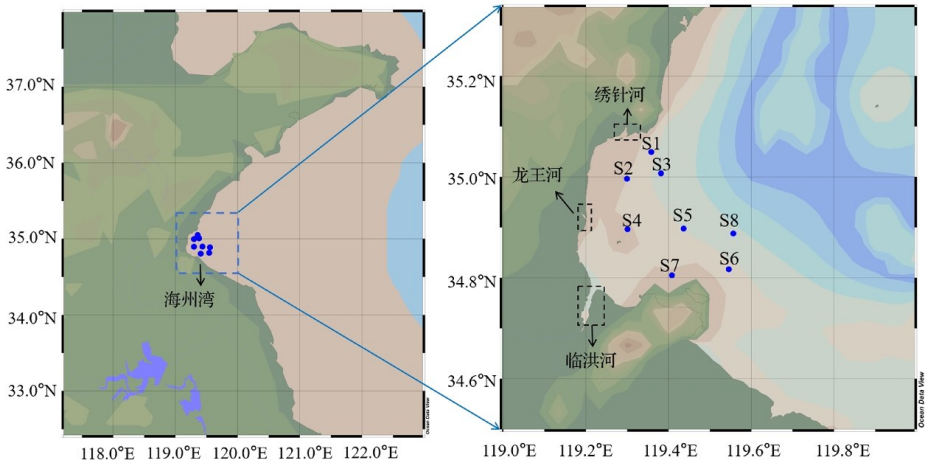


图 1 采样站位图
Fig. 1 Sampling site

盐度、温度与 pH 通过 CTD 测量,原位海水样品经过 0.22 μm 过滤后,使用 QuAAtro 39 连续流动分析仪测定磷酸盐(PO_4^{3-})、硝酸盐(NO_3^-)、亚硝酸盐(NO_2^-)及氨氮(NH_4^+-N)的含量,并采用 Ocean Data View(ODV)进行绘图。

1.3　DNA 的提取、PCR 扩增与测序

使用 MoBio 水样 DNA 提取试剂盒对样品总 DNA 进行提取,对样品 16S rDNA 的 V4～V5 区进行 PCR 扩增(引物序列 515FmF:5′-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3′和 926R:5′-CCGYCAATTYMTTTRAGTTT-3′)。将纯化后的 PCR 产物进行等量混合后,构建测序文库,使用 Illumina PE300 进行测序。测序后的原始 fastq 数据文件经过 Trimmomatic 软件进行质量筛选(过滤掉小于 50 bp 的序列,序列质量值 score>20),并通过 FLASH 软件进行双端序列的拼接(拼接序列的 overlap 区允许的最大错配率为 0.2),去除引物(最大引物错配数为 2)。最终获得的高质量序列以 97%的相似性水平通过 Uparse 软件进行可操作分类单元(operational taxonomic unit,OTU)划分,每个样品以 40 000 条的数据量进行抽平。使用 Silva (v138)数据库对 OTU 进行注释。

1.4　群落组成及其多样性

使用 past(v. 3.18)软件计算细菌的测序覆盖度(coverage)和 α-多样性指数(丰富度指数(Sobs 和 Chao1 指数))、香农指数、辛普森指数和均一指数并绘制稀释曲线。覆盖度(C)指各样品的测序覆盖度,其值越大,说明测序结果对本样品的物种覆盖度越高。计算公式为

$$C=1-\frac{n_1}{N}。$$

式中:n_1 为只含有一条序列的 OTU 的数目;N 为抽样出现的总的序列数目。

Sobs 为观测到的 OTU 数目;Chao1(S 值)用于估算样品中的 OTU 数目;均一度指数(H 值)反映各物种相对丰度的均匀度;香农指数(H'值)和辛普森指数(D 值)用于反映 α-多样性指数,值越大,说明群落多样性越高。计算公式为

$$S=\mathrm{Sobs}+\frac{F_1(F_1-1)}{2(F_2+1)},$$

$$H'=-\sum_{i=1}^{\mathrm{Sobs}}\frac{n_i}{N}\ln\frac{n_i}{N},$$

$$H=\frac{H'}{\ln S},$$

$$D=1-\frac{\sum_{i=1}^{\mathrm{Sobs}}n_i(n_i-1)}{N(N-1)}。$$

式中:n_i 为含有 i 条序列的 OTU 数目;N 为所有的序列数;F_1 和 F_2 分别表示 singletons(单例对象)和 doubletons(抽中的两个对象中有一个为单例对象)的数目。均一指数中 H'为 Shannon 熵指数,S 为物种的数量。

基于样品间的 Bray_Curtis 相似性进行主坐标分析(principal coordinate analysis,PCoA)和相似性检验(analysis of similarities,ANOSIM)来分析不同样本群落之间的分布特征及显著性差异。Mantel 检验与 db-RDA 用来分析影响因子与群落结构的显著相关性。采用 LEfSe 分析海州湾南部和北部群落差异类群。为了研究海州湾细菌群落内的潜在功能,使用原核生物功能类群注释(functional annotation of prokaryotic taxa v1.1,FAPROTAX v1.1)对海州湾细菌的代谢功能进行预测。

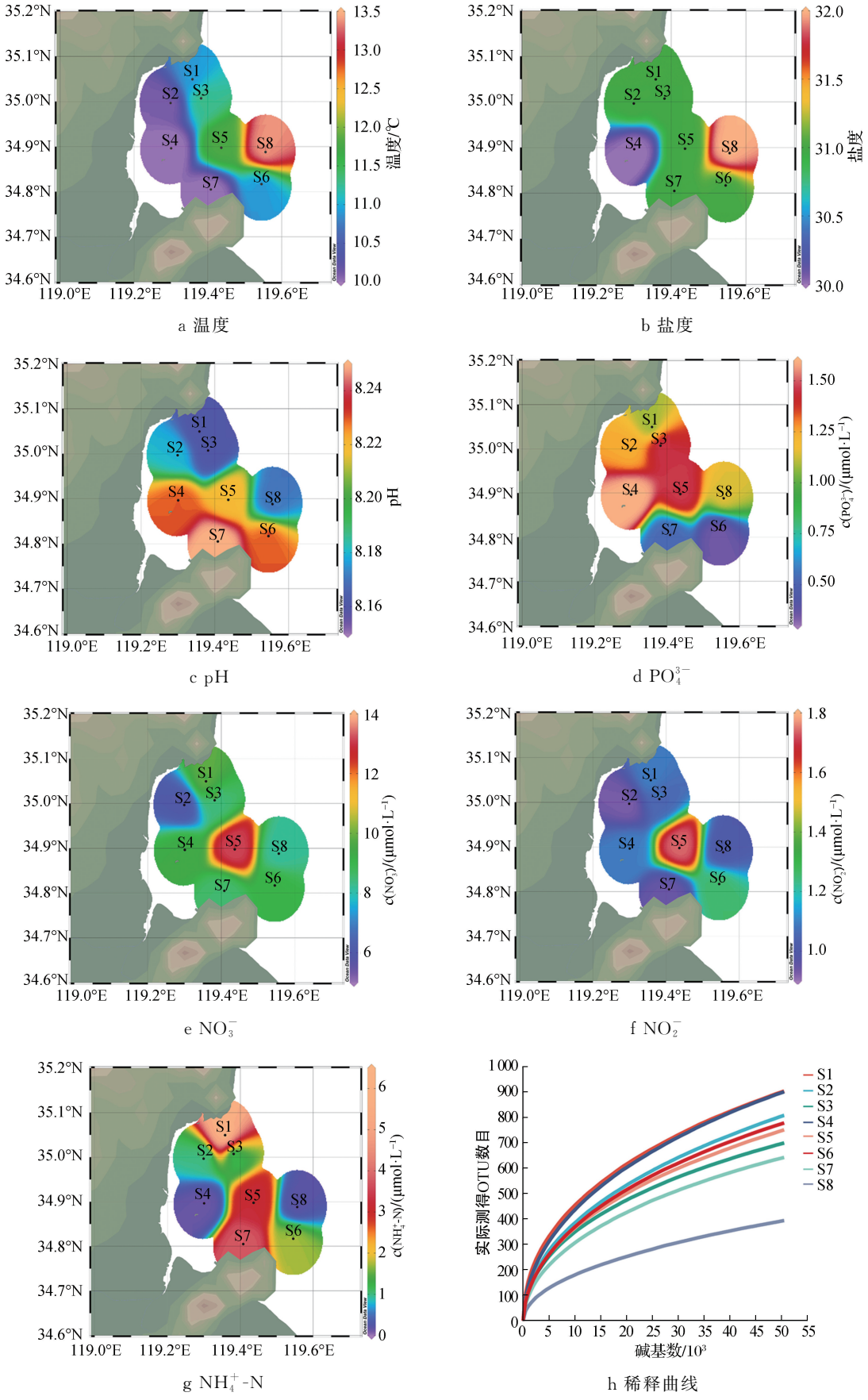
2　结果

2.1　环境因子分析

本研究样品采集区域包括海州湾北部(S1,S2,S3)和南部(S4,S5,S6,S7)及一个靠近外海的站点(S8)(见图 1)。温度在海州湾不同站位点间波动显著,在样品 S8 处形成峰值,并以舌状向随近岸海域距离递减(见图 2a)。盐度在靠近外海的 S8 站位最高,S4 站位位于龙王河的入海口,其盐度最低(见图 2b)。海州湾南部样品的 pH 则高于北部的样品(见图 2c)。磷酸盐在海州湾内呈现从北向南先增加后降低的趋势,并在 S5 站位达到峰值(见图 2d)。硝酸盐、亚硝酸盐则分别呈现出中间高两边低的一个趋势,且在 S2 站位浓度较低(见图 2e、图 2f)。NH_4^+-N 则是在靠岸海域有着较高的浓度(见图 2g)。

2.2　海州湾细菌群落的多样性

本研究的高通量测序数据经过质量控制后,共得到高质量序列 599 694 条。经过 97%的序列相似性聚类后,得到 1 790 个 OTUs。细菌序列的覆盖度在 99.1%～99.6%范围内(见表 1),并且序列数据的稀释曲线趋于饱和(见图 2h),说明海州湾细菌的多样性在本研究文库中已被最大程度地覆盖。香农指数和辛普森指数主要用来衡量物种的多样性。如表 1 所示,海州湾北部的辛普森指数高于南部区域样品及 S8 站位。并且样品的均匀度在离岸较近的 S1 处最高,在靠近外海的 S8 处最低。



a 温度　b 盐度

c pH　d PO_4^{3-}

e NO_3^-　f NO_2^-

g NH_4^+-N　h 稀释曲线

图 2　海州湾环境因子参数及稀释曲线分析

Fig. 2　Analysis of environmental factor parameters and dilution curve in Haizhou Bay

表 1　海州湾细菌群落 α 多样性指数

Table 1　α diversity index of bacterial community in Haizhou Bay

站位	Sobs 指数	辛普森指数	香农指数	均一指数	Chao1 指数	覆盖度
S1	832	0.960 9	6.009 3	0.077 4	1 238	0.991 9
S2	777	0.930 2	5.180 8	0.046 7	1 311	0.991 3
S3	655	0.894 4	4.707 8	0.039 9	1 039	0.993 2
S4	854	0.908 0	5.227 6	0.043 9	1 332	0.991 1
S5	719	0.869 7	4.740 5	0.037 2	1 187	0.992 2
S6	730	0.912 1	4.829 7	0.039 0	1 184	0.992 0
S7	611	0.901 2	4.653 3	0.041 2	961	0.993 6
S8	367	0.687 1	3.008 7	0.021 9	667	0.996 0

2.3　海州湾细菌群落组成和 Lefse 差异性分析

通过对海州湾样品的测序数据进行 Silva 数据库比对注释,结果如图 3 所示,共发现 43 个门,373 个科。从图 3a 可以看出,变形菌门(Proteobacteria)作为优势菌门,OTU 相对丰度达 28.0%,其次是拟杆菌门(Bacteroidota)和放线菌门(Actinobacteriota)(见图 3)。α-变形菌(108 143 条序列)在序列相对丰度上最高,其次是 γ-变形菌(86 487 条序列)和拟杆菌(Bacteroides)(76 105 条序列),并且相对丰度远高于其他的细菌。此外,酸微菌(Acidimicrobiia)、放线菌(Actinobacteria)、蓝细菌(Cyanobacteriia)、浮霉菌(Planctomycetes)和疣微菌(Verrucomicrobiae)在海州湾区域的序列相对丰度排序都位于前 10。变形菌门在 S8 站位的相对丰度高于海州湾南部和北部站位,而放线菌门则表现出相反的趋势。蓝细菌在 S1 站位的平均相对丰度最高,达 0.23%,随着离岸距离的增加逐渐减少。

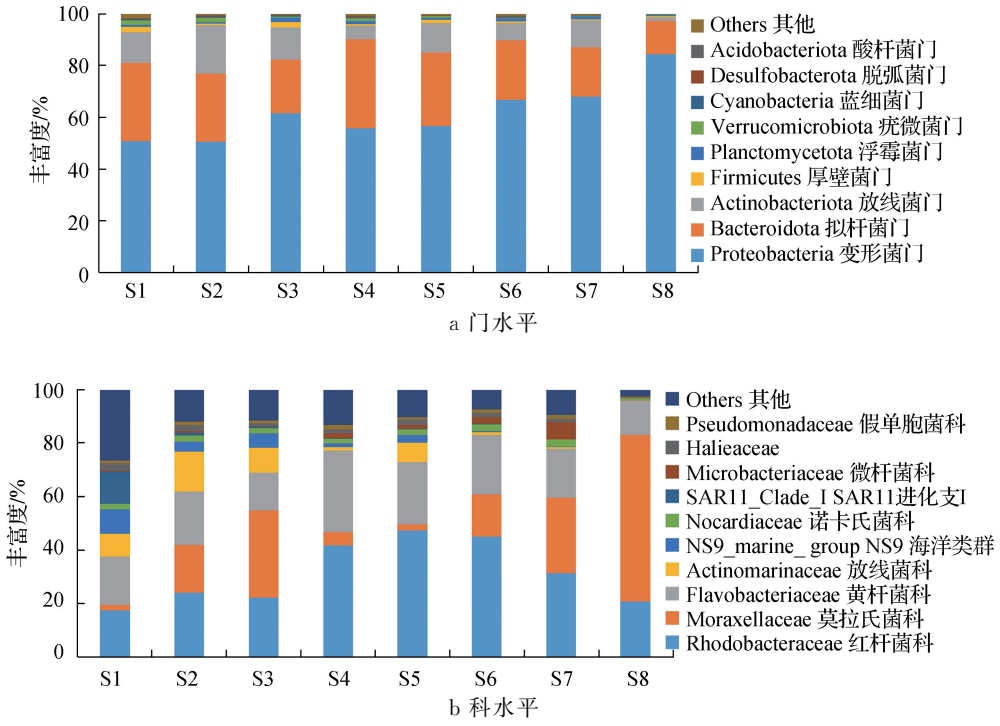


图 3　海州湾细菌群落结构组成

Fig. 3　Composition of bacterial communities in Haizhou Bay

从图 3b 可以看出,红杆菌科(Rhodobacteraceae)、莫拉氏菌科(Moraxellaceae)、黄杆菌科(Flavobacteriaceae)和放线菌科(Actinomarinaceae)是海州湾海域的主要优势科。红杆菌科在海州湾南部的相对丰度要远高于北部区域。在海州湾海域共发现 650 个属,其中的优势属主要包括嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*)、海藻慢生杆菌属(*Lentibacter*)、革兰菌属(*Gramella*)、Candidatus Actinomarina 和亚硫酸盐杆菌属(*Sulfitobacter*)。此外,在所有

样品中含量较高的细菌属类还包括嗜甲基菌 OM43_Clade、*Candidatus Aquiluna*、SUP05_cluster、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、弧菌属(*Vibrio*)、玫瑰杆菌 HIMB11、海命菌属(*Marivita*)、玫瑰变色菌属(*Roseovarius*)等具有特殊功能的群落。

基于 Bray-Curtis 距离,探究样品间的群落结构差异和相似性,发现海州湾南部和北部的细菌群落存在显著性差异($P<0.05$)(见图 4)。采用 LEfSe 分析海州湾南部和北部细菌群落的相对丰度差异(见图 5)。LDA 值设为 2 时,共找出 172 个差异分类单元。海州湾北部的差异类群较多,主要分布在门水平的放线菌门、蓝细菌门 SAR406 类群等,纲水平的酸微菌纲和放线菌纲等,目水平的放线菌目(Actinomarinales)、Defluviicoccales 和 SAR11 类群(SAR11 Clade)等,科水平的芽孢杆菌科(Bacillaceae)、SAR11 类群 I(SAR11 Clade_I)和微杆菌科(Microbacteriaceae)。海州湾南部的差异类群主要分布在纲水平的放线菌纲、衣原体纲(Chlamydiae)等,目水平上的红杆菌目(Rhodobacterales)、微球菌目(Micrococcales)等,科水平的 Cyanobiaceae、SAR116 类群(SAR116 Clade)、Thioglobaceae 和疣微菌科(Verrucomicrobiaceae)。

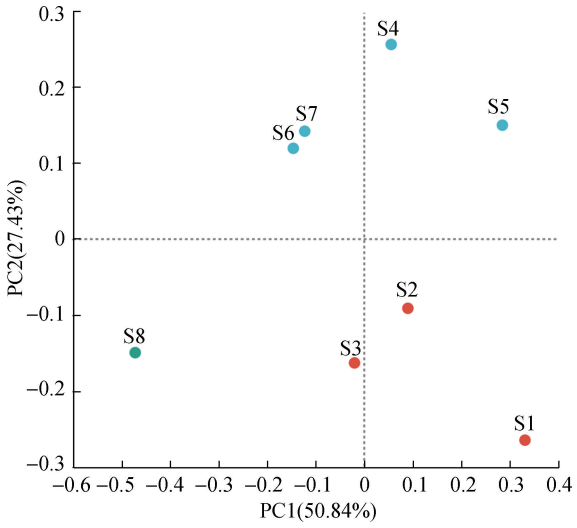
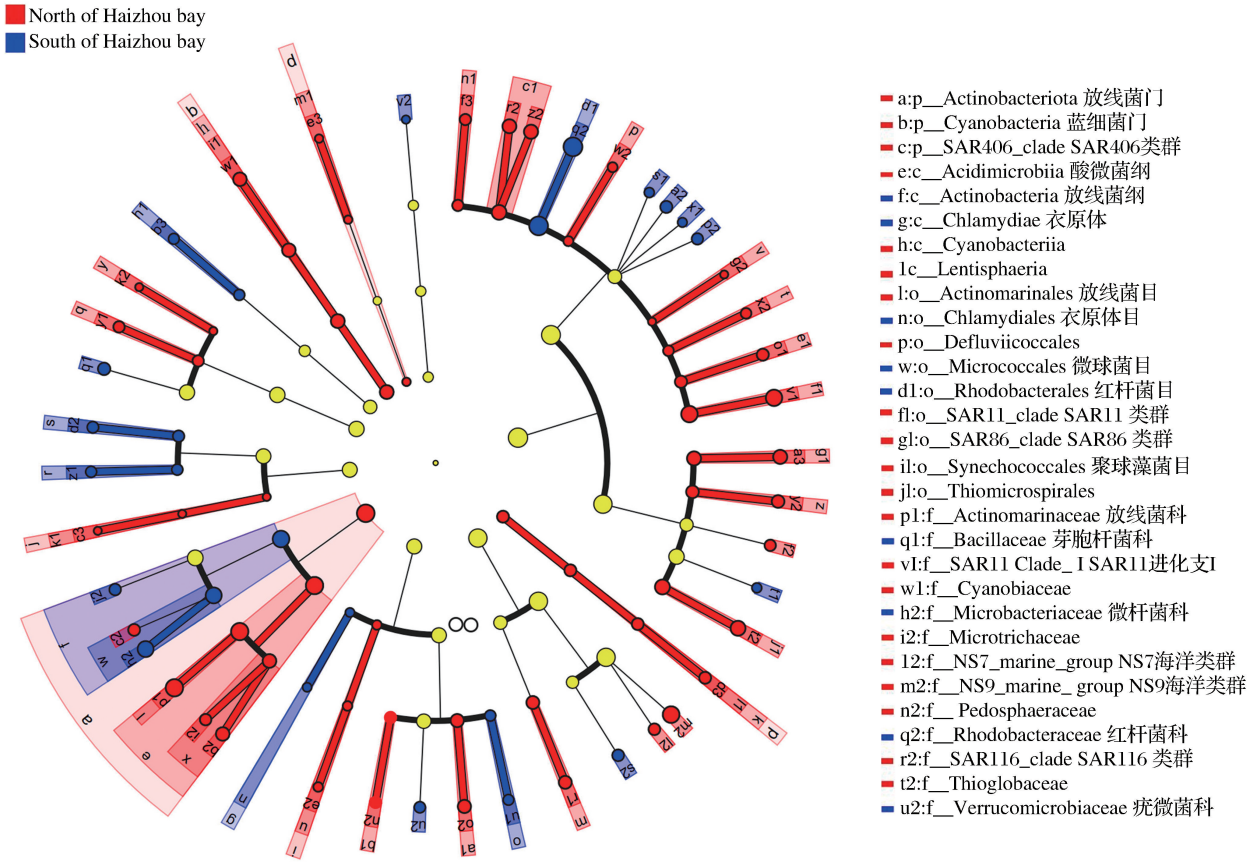


图 4 基于 Bray-Curtis 距离的海州湾细菌群落 β 多样性分析

Fig. 4 β diversity analysis of bacterial communities in Haizhou Bay based on Bray-Curtis distance



注:不同颜色代表不同区域最丰富的类群,红色代表海州湾北部样品,蓝色代表海州湾南部样品,每一个圆的直径代表物种的丰度,圆点从内到外表示从门到属的进化水平。

图 5 海州湾南部和北部样品细菌群落的进化分支图

Fig. 5 Evolutionary branching diagram of bacterial communities in samples from the southern and northern parts of Haizhou Bay

2.4　海州湾细菌群落的功能预测

通过 FAPROTAX 功能预测发现海州湾样品主要表现在有机物降解、硫循环以及氮循环等过程(见图 6)。在海州湾海域与有机物降解有关的功能主要为芳香族化合物降解(aromatic_compound_degradation)、碳氢化合物降解(hydrocarbon_degradation)、脂肪族非甲烷烃降解(aliphatic_non_methane_hydrocarbon_degradations)、芳烃降解(aromatic_hydrocarbon_degradation)。与氮循环相关的主要功能,包括硝酸盐氨化(nitrate_ammonification)、亚硝酸盐氨化(nitrite_ammonification)、硝酸盐还原(nitrate_reduction)、硝酸异化还原(nitrate_denitrification)、亚硝酸异化还原(nitrite_denitrification)、氧化亚氮反硝化(nitrous_oxide_denitrification)、反硝化(denitrification)、硝化作用(nitrification)、固氮作用(nitrogen_fixation)。与硫循环相关的主要功能,包括硫酸盐的暗氧化(dark_oxidation_of_sulfur_compounds)、硫的暗氧化(dark_sulfur_oxidation)和含硫化合物的呼吸(respiration_of_sulfur_compounds)。化能异养(chemoheterotrophy)、有氧化能异氧(aerobic_chemoheterotrophy)及硝酸盐还原(nitrate_reduction)在所有样品中都具有较高的表达。总地来看,海州湾北部表现出更高的光能自养、甲基营养的能力,海州湾南部表现出更多的固氮和甲烷营养的能力,而海州湾外海表现出对硫化物的氧化的能力。

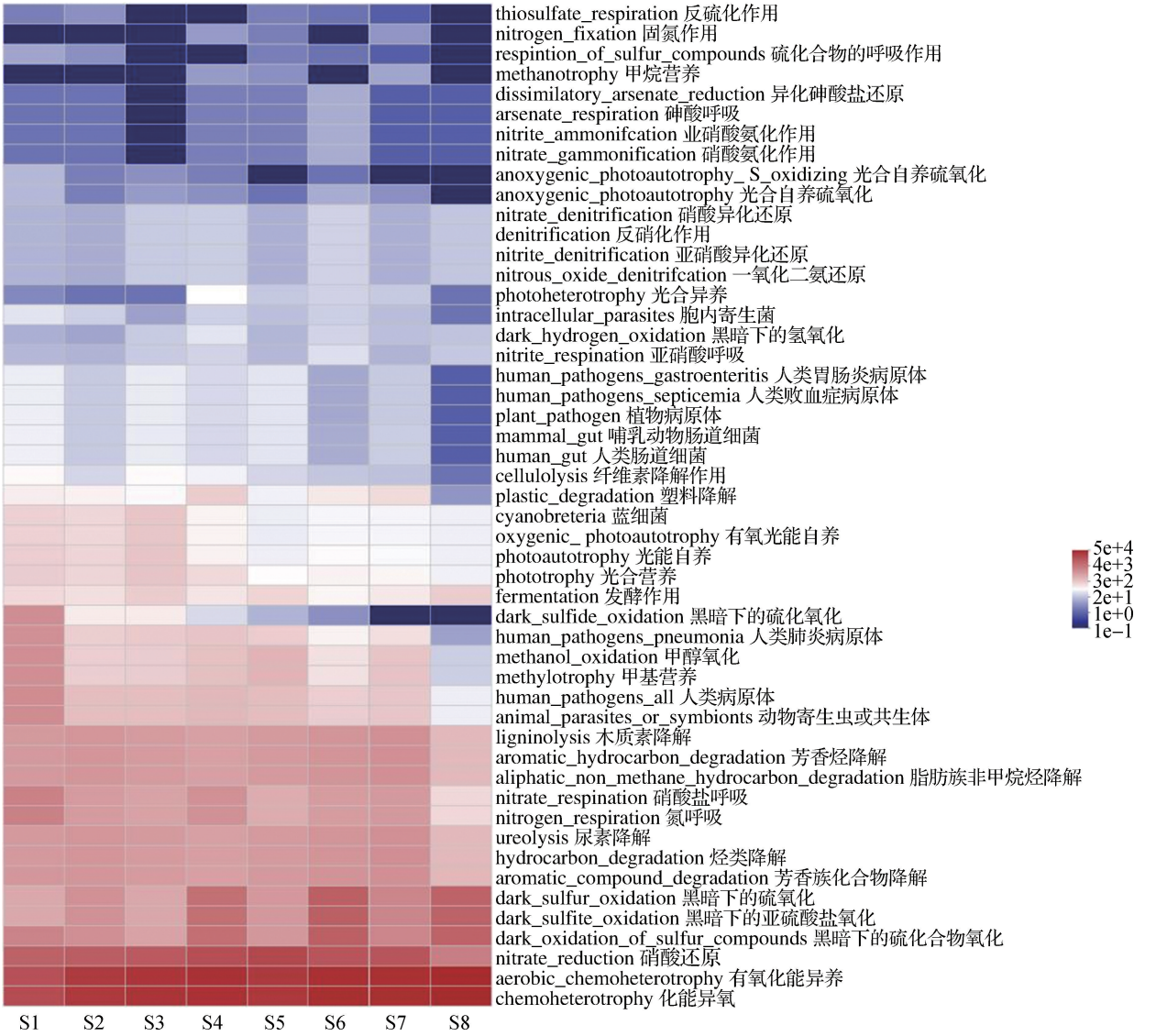
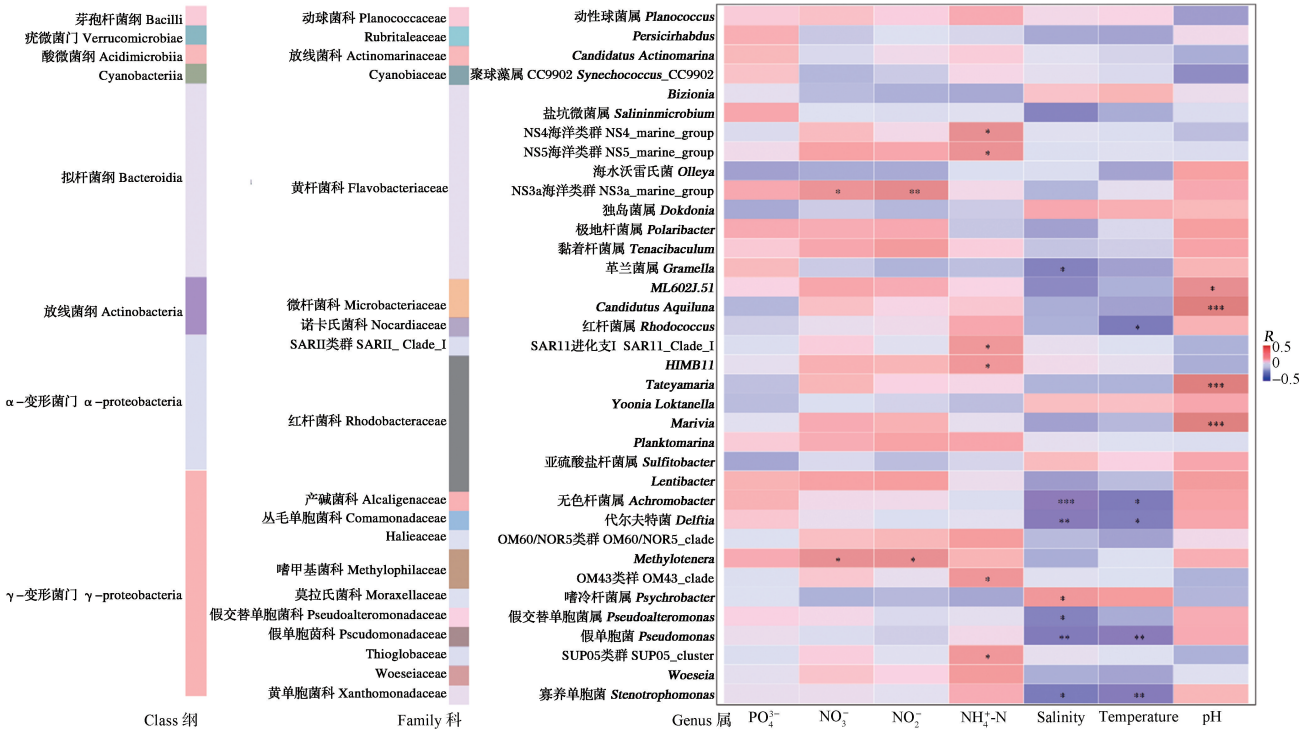


图 6　不同功能类群在海州湾海域的组成

Fig. 6　Different functional categories in Haizhou Bay

2.5 海州湾细菌群落与环境因子的关联分析

使用 db-RDA 和 Mantel 检验分析海州湾环境因素对细菌群落结构的影响,图 7 结果显示海州湾环境因子对细菌群落结构组成具有显著性影响(R=0.553 6,P=0.01),温度、pH、NH_4^+-N 和盐度是影响海州湾细菌群落结构的主要环境因子。其中 α-变形菌纲的红杆菌科和放线菌纲的微杆菌科,受 pH 影响较为显著。拟杆菌纲中的黄杆菌科和 SAR11 类群受氨氮的影响较为显著。γ-变形菌中有较多的科受温度和盐度的影响较为显著。



注:* 表示 P<0.05, * * 表示 P<0.01, * * * 表示 P<0.001。

图 7 细菌群落和环境因子之间的相关性分析

Fig. 7 Correlation analysis between bacterial communities and environmental factors

3 讨论

3.1 海州湾环境因子分析

海州湾西南侧沿岸有城市与多条河流汇入,围垦规划工程的建设和海湾内养殖浮筏的存在降低了水交换能力,阻碍了该区域的营养盐扩散,从而形成局部营养盐较高的现象[8-10]。绣针河的汇入及海水养殖导致的动力扩散减缓使得海州湾 S1,S3 和 S5 站位营养盐浓度较高。而海州湾北部 S2 站位可能由于围垦规划工程的建设,阻挡了来自绣针河营养盐的汇入。相关研究发现伴随海域紫菜养殖面积的增大,浮游植物对磷的消耗量不断增加使得磷酸盐浓度降低[3]。海州湾南部存在较多的紫菜养殖区域,较大的磷消耗导致海州湾南部磷酸盐浓度显著低于海州湾北部[1]。硝酸盐在海州湾北部具有较高的浓度,海州湾北部分布有日照港岚山港区和连云港赣榆港区,河流的汇入和人类活动在一定程度上也会增大采样区的硝酸盐含量。有研究发现,贝类养殖利用氨氮,增大亚硝酸盐向硝酸盐的转化[12]。

3.2 海州湾细菌群落的分布特征

海州湾水体细菌群落主要由变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和蓝细菌门构成(见图 3)。这与 Mo 等[13]对中国深沪湾、东山湾和北部湾浮游细菌群落的优势细菌研究结果相似,但是与孟加拉湾表层海水的浮游细菌群落组成存在差异[14]。根据群落结构分析显示,海州湾近岸海域的群落组成和靠近外海站位的群落组成存在差异,并且在海州湾南部和北部区域细菌群落结构具有显著性差异(P<0.05)。其中红杆菌科在海州湾南部的相对丰度要高于北部,而

放线菌科在海州湾北部的相对丰度高于南部。海州湾北部的细菌多样性要高于南部,这可能是因为北部的氮、磷营养盐较为丰富,刺激微生物的繁殖生长,使得海州湾北部微生物多样性增高[15]。相较于海州湾南部,蓝细菌门在北部具有较好的相对丰度,这是因为高的氨氮浓度促进了蓝藻门的生长[16]。放线菌门在海州湾的分布则和蓝细菌门表现出了相反的趋势。已有研究发现,放线菌和蓝细菌的生长呈现显著的负相关关系[17]。在营养盐较为丰富的环境中,蓝细菌生长繁殖较快,抑制放线菌的生长代谢,导致其丰度降低[18]。厚壁菌门在农业生态学中被定义为有益微生物,经常被应用在生态环境修复和促进植物生长方面[19],其丰度的变化,部分归因于环境污染物变化的影响[20]。在海州湾 S1,S3 和 S5 站位,厚壁菌门的相对丰度远高于其他区域,3 个位点较高浓度的硝酸盐、磷酸盐和氨氮,可能是由于海水养殖输入了较多的营养盐。在本研究中,γ-变形菌纲在靠近外海站位的相对丰度远高于其他站位。在前期研究中,γ-变形菌纲与营养盐的变化具有显著相关性,常出现在沿海环境的相关研究中,比如南大西洋、北大西洋和地中海等[21]。拟杆菌在海州湾相对较高的丰度主要来自于鞘氨醇杆菌(Sphingobacteriales)和黄杆菌。在之前的研究中发现黄杆菌在藻际微环境中存在重要作用,和浮游植物的繁殖存在密切的关系,并且易于附着颗粒。海州湾海域存在大量的海水养殖区域,营养物质丰富,各种人为活动和海水养殖增加了海州湾的悬浮物含量,一定程度增大了黄杆菌的相对丰度[22-24]。海洋螺杆菌目作为 γ-变形菌纲中重要的目,能够将有机硫分子二甲基磺酰丙酸酯(DMSP)进行利用[25]。OM60/NOR5 类群作为 γ-变形菌纲丰度较高的属,主要参与硫代硫酸盐呼吸,使得海州湾外海关于转化硫化物的功能表达偏高。

3.3　海州湾环境因子对微生物群落组成多样性的影响

水体中环境因子对细菌群落结构的影响受到了广泛的关注。已有研究通过高通量测序技术发现孟加拉湾的细菌群落受到温度、盐度、pH、硝酸盐、亚硝酸盐的影响[26]。Mo 等[13]对中国 3 个海湾(深沪湾、东山湾和北部湾)浮游细菌的群落组成与环境因子的关系进行了研究,结果表明溶解氧、盐度、氨氮和总氮是影响浮游细菌群落组成的主要理化因子,并且不同环境中细菌群落受到的主要环境因子存在差异。在本研究中,温度、pH 和 NH_4^+-N 是影响海州湾浮游细菌群落结构的重要环境因子(图 6)。温度作为影响细菌生长繁殖的重要因素,不同类群的适宜温度存在差异,比如蓝细菌门中微囊藻属(*Microcystis*)最佳生长温度为 25～32 ℃,蓝针藻属(*Aphanizomenon*)最佳生长温度范围为 23～29 ℃[27]。这就导致了温度可以直接影响浮游细菌在海州湾的群落组成。pH 不仅可以直接影响浮游细菌的生长状态,还可以改变环境的理化特性间接影响到浮游细菌的多样性。α-变形菌纲和放线菌纲作为海洋环境中占据主导地位的物种[28],受到 pH 影响较为显著,在相关性分析中发现 pH 显著影响 α-变形菌纲的红杆菌科和放线菌纲的微杆菌科($P<0.05$)。除了温度外,盐度对变形菌门的影响也较为显著。在先前的研究中发现变形菌门主要分布在中低盐度(26～180)海域[29],通过 db-RDA 和群落组成分析发现,变形菌门在靠近外海的区域丰度较高,在特斯拉湾的研究表明盐度是影响变形菌门相对丰度的重要环境因素[30]。

在 Mantel 分析中,氨氮也是影响海州湾群落结构组成的重要因素。海州湾紫菜养殖面积较广,伴随紫菜养殖规模的扩张,营养盐发生变化,海洋中的无机氮不足以支持紫菜生长,紫菜养殖的施肥致使该海域无机氮浓度升高[31]。并且,海州湾北侧分布有日照港岚山港区和连云港赣榆港区,受到河流汇入的影响,氨氮浓度增加导致蓝细菌群落结构存在差异[32]。拟杆菌作为海州湾第二大门类,占据海州湾较高的比例,受到氨氮的影响较为显著。在先前的研究中发现,在减少氨氮的环境下,拟杆菌门丰度增加[33],表明氨氮与拟杆菌门丰度呈负相关。变形菌门作为海州湾丰度最高的细菌门类,也发现其与温度的显著相关性[34-35]。在相关性分析中发现 γ-变形菌纲中嗜甲基菌科和硫发菌科受氨氮影响显著。之前的研究结果也表明嗜甲基菌科的生长代谢表现为依赖氮源的环境条件[36],硫发菌科则是将硫化物氧化为硝酸盐再还原为氨[37],同样证实氨氮对其群落组成的显著相关性($P<0.05$)。

4　结论

本研究采用高通量测序技术对海州湾南部和北部区域的细菌群落结构多样性进行分析,结果显示海州湾的细菌群落以变形菌门为主,其 OTU 相对丰度高达 28%。在纲水平上,红杆菌科、莫拉氏菌科、黄杆菌科和放线菌科为主要优势科。功能预测

显示海州湾以化能异养、有氧化能异养和硝酸还原相关的功能类群为主。海州湾北部和南部的细菌群落存在显著性差异,北部细菌群落多样性高于南部,海州湾北部具有丰度更高的光能自养相关类群。海州湾环境因子显著影响细菌的群落组成,其中温度、pH 和氨氮作为直接或间接影响微生物生长代谢的重要环境因子是海州湾南北部区域影响细菌群落组成的主要环境因子。本研究探讨了环境因子对海州湾区域南部和北部细菌群落结构差异的影响,为研究海州湾生态及环境保护提供了理论基础。

参考文献:

[1] AI Bo, WANG Peipei, YANG Zhengyi, et al. Spatio-temporal dynamics analysis of aquaculture zones and its impact on green tide disaster in Haizhou Bay, China[J]. Marine Environmental Research, 2023, 183: 105825.

[2] 李大鹏,张硕,黄宏.海州湾海洋牧场的长期环境效应研究[J].中国环境科学,2018,38(1):303-310.

[3] 郑江鹏,袁广旺,魏爱泓,等.海州湾北部海域营养盐时空分布及富营养化研究[J].江苏海洋大学学报(自然科学版),2021,30(3):25-32.

[4] FALKOWSKI P G, FENCHEL T, DELONG E F. The microbial engines that drive Earth's Biogeochemical cycles[J]. Science, 2008, 320(5879): 1034-1039.

[5] WANG Liping, ZHENG Binghui, LEI Kun. Diversity and distribution of bacterial community in the coastal sediments of Bohai Bay, China[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2015, 34: 122-131.

[6] 王彩霞,王毅波,刘鹏远,等.渤海三湾表层水域细菌群落结构多样性及其环境因子分析[J].微生物学通报,2018,45(9):1956-1971.

[7] 朱琳.罗源湾细菌多样性调查及其环境影响因子分析[J].渔业研究,2021,43(4):384-393.

[8] 赵建华,李飞.海州湾营养盐空间分布特征及影响因素分析[J].环境科学与技术,2015,38(S2):32-35.

[9] 柯杰,卢勇,姚清涛,等.海州湾大规模围垦规划工程水沙环境影响研究[J].水道港口,2016,37(4):356-361.

[10] SUN Lei, WANG Jing, ZHANG Haifeng, et al. The characteristics and mechanism of changes in the marine environmental capacity of the estuaries of Haizhou Bay in northern Jiangsu from 2006 to 2016[J]. Journal of Marine Science and Engineering, 2020, 8(10): 787.

[11] ZHANG Qingchun, WANG Yunfeng, SONG Minjie, et al. First record of a Takayama bloom in Haizhou Bay in response to dissolved organic nitrogen and phosphorus[J]. Marine Pollution Bulletin, 2022, 178: 113572.

[12] ZHANG Shuo, FANG Xin, ZHANG Junbao, et al. The effect of bioturbation activity of the ark clam Scapharca subcrenata on the fluxes of nutrient exchange at the sediment-water interface[J]. Journal of Ocean University of China, 2020, 19: 232-240.

[13] MO Yuanyuan, ZHANG Wenjing, YANG Jun, et al. Biogeographic patterns of abundant and rare bacterioplankton in three subtropical bays resulting from selective and neutral processes[J]. The ISME Journal, 2018, 12(9): 2198-2210.

[14] AKTER S, RAHMAN M S, ALI H, et al. Phylogenetic diversity and functional potential of the microbial communities along the Bay of Bengal coast[J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 15976.

[15] 孙寓姣,陈程,丁爱中,等.官厅水库水质特征及水体微生物多样性的响应[J].中国环境科学,2015,35(5):1547-1553.

[16] FIGUEREDO C C, PINTO-COELHO R M, LOPES A, et al. From intermittent to persistent cyanobacterial blooms: identifying the main drivers in an urban tropical reservoir[J]. Journal of Limnology, 2016, 75(3): 445-454

[17] GHAI R, MIZUNO C M, PICAZO A, et al. Key roles for freshwater *Actinobacteria* revealed by deep metagenomic sequencing[J]. Molecular Ecology, 2014, 23(24): 6073-6090.

[18] 成敏玲,刘陈飞,程丹逸,等.春夏季节东湖不同富营养化区域水体细菌群落的动态变化[J].华中农业大学学报,2017,36(5):52-59.

[19] JIA Bingchan, LI Yifan, ZI Xinyuan, et al. Nutrient enrichment drives the sediment microbial communities in Chinese mitten crab Eriocheir sinensis culture[J]. Environmental Research, 2023, 223: 115281.

[20] LEE A H, LEE J, HONG S, et al. Integrated assessment of west coast of South Korea by use of benthic bacterial community structure as determined by eDNA, concentrations of contaminants, and in vitro bioassays[J]. Environment International, 2020, 137: 105569.

[21] AGOGUE H, CASAMAYOR E O, BOURRAIN M, et al. A survey on bacteria inhabiting the sea surface microlayer of coastal ecosystems[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2005, 54(2): 269-280.

[22] CRUMP B C, ARMBRUST E V, BAROSS J A. Phylogenetic analysis of particle-attached and free-living bacterial communities in the columbia river, its

estuary, and the adjacent coastal ocean[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1999, 65(7): 3192-3204.

[23] POMMIER T, CANBACK B, RIEMANN L, et al. Global patterns of diversity and community structure in marine bacterioplankton[J]. Molecular Ecology, 2007, 16(4): 867-880.

[24] GOMEZ-PEREIRA P R, FUCHS B M, ALNSO C, et al. Distinct flavobacterial communities in contrasting water masses of the North Atlantic Ocean[J]. The ISME Journal, 2010, 4(4): 472-487.

[25] LIU Jingli, XUE Chunxu, WANG Jinyan, et al. Oceanospirillales containing the DMSP lyase DddD are key utilisers of carbon from DMSP in coastal seawater[J]. Microbiome, 2022, 10(1): 1-21.

[26] FERNANDES G L, SHENOY B D, DAMARE S R. Diversity of bacterial community in the oxygen minimum zones of Arabian Sea and Bay of Bengal as deduced by Illumina sequencing[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 10: 3153.

[27] ZHU Congmin, ZHANG Junyi, NAWAZ M Z, et al. Seasonal succession and spatial distribution of bacterial community structure in a eutrophic freshwater Lake, Lake Taihu[J]. Science of The Total Environment, 2019, 669: 29-40.

[28] BULL A T, STACH J E M, WARD A C, et al. Marine actinobacteria: perspectives, challenges, future-directions[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2005, 87: 65-79.

[29] GORRASI S, FRANZETTI A, AMBROSINI R, et al. Spatio-temporal variation of the bacterial communities along a salinity gradient within a thalassohaline environment (Saline di Tarquinia Salterns, Italy)[J]. Molecules, 2021, 26(5): 1338.

[30] CAMPBELL B J, KIRCHMAN D L. Bacterial diversity, community structure and potential growth rates along an estuarine salinity gradient[J]. The ISME Journal, 2013, 7(1): 210-220.

[31] 王娟,曹雷. 紫菜养殖对海州湾水质影响分析[J]. 环境科技,2020,33(5):54-58.

[32] 宋玉芝,赵淑颖,杨美玖,等. 氨氮浓度及基质对附着藻类群落组成的影响[J]. 环境科学学报,2014,34(5):1173-1177.

[33] NING Shengdi, HU Junru, YU Jie, et al. Hydrogen injection reduces ammonia nitrogen and changes microbial community composition in aquaculture water[J]. Frontiers in Marine Science, 2023, 10: 1111067.

[34] YOKOKAWA T, NAGATA T. Growth and grazing mortality rates of phylogenetic groups of bacterioplankton in coastal marine environments[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(11): 6799-6807.

[35] JI Fengyun, SUN Yeqing, YANG Qing. Early warning of red tides using bacterial and eukaryotic communities in nearshore waters[J]. Environmental Research, 2023, 216: 114711.

[36] YU Zheng, BECK D A C, CHISTOSERDOVA L. Natural selection in synthetic communities highlights the roles of Methylococcaceae and Methylophilaceae and suggests differential roles for alternative methanol dehydrogenases in methane consumption[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 2392.

[37] STIEF P, KAMP A, BEER D D. Role of diatoms in the spatial-temporal distribution of intracellular nitrate in intertidal sediment[J]. Plos One, 2013, 8(9): 73257.

(责任编辑:李琴,秦海明　实习编辑:易圣杰)