

金属和营养盐污染下饶河沉积物细菌群落差异的主导因素及生物标志物识别

张顺清^{1,2}, 柳志会³, 高 寒^{1,2}, 张晶晶^{1,2}, 黄晓宇⁴, 胡 斌^{1,2}, 陈 娟^{1,2}

(1. 河海大学浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 江苏 南京 210098;

2. 河海大学环境学院, 江苏 南京 210098; 3. 水利部珠江水利委员会水文水资源局, 广东 广州 510611;

4. 珠江水资源保护科学研究所, 广东 广州 510611)

摘要:以受采矿等人类活动影响的鄱阳湖典型入湖河流饶河为研究对象,采用 16S rRNA 基因扩增子测序技术,解析饶河入湖段、北支昌江和南支乐安河沉积物细菌群落的分布特征和影响因素,并甄别出相应的生物标志物。结果表明:入湖段沉积物细菌 α 多样性低于昌江和乐安河,且不同河段的细菌群落结构存在显著差异;入湖段沉积物细菌共现网络的复杂性低于昌江和乐安河,而乐安河的关键物种丰度高于昌江和入湖段;细菌群落与环境因子、地理距离之间均存在显著的衰减关系,沉积物细菌群落结构受环境和地理因子的共同影响;环境因子对沉积物细菌群落的影响大于地理因子,其中重金属对细菌群落结构和关键物种的解释率最高,分别为 11.2% 和 8.7%;重金属和营养盐复合污染,尤其是重金属污染,导致了细菌 α 多样性及共现模式复杂性明显降低;酸杆菌纲和芽单胞菌纲被识别为饶河沉积物中重金属污染的生物标志物。

关键词:细菌群落;重金属;营养盐;地理因子;生物标志物;共现网络;鄱阳湖;饶河

中图分类号:X522

文献标志码:A

文章编号:1004-6933(2025)04-0253-12

Key drivers of bacterial community differences and biomarker identification in the Raohe River sediments impacted by heavy metals and nutrients//ZHANG Shunqing^{1,2}, LIU Zhihui³, GAO Han^{1,2}, ZHANG Jingjing^{1,2}, HUANG Xiaoyu⁴, HU Bin^{1,2}, CHEN Juan^{1,2} (1. Key Laboratory of Integrated Regulation and Resource Development on Shallow Lakes, Ministry of Education, Hohai University, Nanjing 210098, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China; 3. Bureau of Hydrology and Water Resources, Pearl River Water Resources Commission of Ministry of Water Resources, Guangzhou 510611, China; 4. Pearl River Water Resources Protection Scientific Research Institute, Guangzhou 510611, China)

Abstract: Taking the typical inflow river of Poyang Lake, Raohe River, which is affected by human activities such as mining, as the research object, the 16S rRNA gene amplification sequencing technology was adopted to analyze the distribution characteristics and influencing factors of the bacterial communities in the sediment of the inflow section of Raohe River, the north branch Changjiang River and the south branch Le'an River. Corresponding biomarkers were also identified. The results showed that the bacterial α -diversity in the inflow section of the sediment was lower than that in Changjiang River and Le'an River, and there were significant differences in the bacterial community structures of different river sections. The complexity of the sediment bacterial co-occurrence network in the inflow section was lower than that in Changjiang River and Le'an River, while the abundance of key species in Le'an River was higher than that in Changjiang River and the inflow section. There was a significant attenuation relationship between the bacterial community and environmental factors, geographical distance, and bacterial community structure was affected by both environmental and geographical factors. Environmental factors had a greater impact on the bacterial community than geographical factors. Heavy metals had the highest explanatory rate of bacterial community structure and key species, which are 11.2% and 8.7%, respectively. Heavy metal and nutrient salt combined pollution, especially heavy metal pollution, led to a significant reduction in bacterial α -diversity and the complexity of co-occurrence patterns. Acidobacteria class and Bacillaceae class were identified as biomarkers of heavy metal pollution in the sediment of Raohe River.

基金项目:国家自然科学基金项目(2023YFC3209004,52425902,52279061,U2443217)

作者简介:张顺清(2000—),男,硕士研究生,主要从事河流微生物的环境响应研究。E-mail:zhang.shunqing@qq.com

通信作者:陈娟(1984—),女,教授,博士,主要从事水环境保护与生态修复研究。E-mail:chenjuanmn@hhu.edu.cn

河流是水生态系统的重要组成部分,在提供生态系统服务和维持水生生物多样性中发挥着关键作用^[1-2]。河流沉积物可为微生物提供良好的栖息环境,其富集的复杂细菌群落承担着多种生态功能,对维持河流生态系统的稳定至关重要^[3-5]。同时,河流沉积物细菌对环境压力具有较高的敏感性,其群落特征已成为反映河流生态系统健康状况的重要指标^[6]。因此,探究河流沉积物细菌群落的动态变化及其影响因素,对于深入理解河流污染状况、保障河流生态系统健康具有重要意义。

重金属作为一类不可生物降解的污染物,可在沉积物中长期积累并持续作用于细菌群落。研究表明,当某些重金属含量超过一定的阈值时会对沉积物细菌产生毒性,进而影响细菌丰度、多样性和群落组成^[7-8]。Liang 等^[9]发现,Cr、Cu、Cd、Ni 和 Zn 对沉积物细菌 α 多样性存在显著的负面影响,而 Cu、Ni、Pb 和 Zn 还会导致沉积物细菌丰度降低。对于细菌群落的组成,Li 等^[10]研究显示,沉积物中的 Mn 会引起变形菌门 (Proteobacteria) 和脱硫杆菌门 (Desulfobacterota) 丰度的显著变化,而 Cd 和 Pb 等不仅会影响黏菌门 (Myxococcota) 的丰度,还会干扰细菌的正常生理功能。除重金属外,沉积物中的氮、磷等营养盐对细菌群落的影响同样不可忽视。研究发现,总氮 (TN) 和有效磷 (AP) 与沉积物细菌的 α 多样性密切相关^[11],而氨氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$) 和总磷 (TP) 则会显著改变细菌群落结构^[12]。此外,沉积物细菌的种间互作关系也会受到环境条件的影响,例如在 Ni、Cr 和 Cu 等重金属污染的沉积物中,细菌种间协作明显减弱,网络复杂性和稳定性降低^[13]。然而,现有研究多通过室内控制试验开展,且重点关注单一类别污染物对河流的影响,对于多类别污染共存条件下自然河流沉积物中细菌群落的分布规律,其认识仍有待深化^[14-16]。

饶河位于江西省东北部,由北支昌江和南支乐安河组成,两条支流于鄱阳县姚公渡汇合后,从莲湖乡附近注入鄱阳湖,是鄱阳湖五大入湖河流之一^[17]。乐安河流经中国产量最高的铜矿——德兴铜矿,矿区排放的酸性废水和重金属等对其水环境健康和生态安全造成了不利影响^[18-19]。此外,由于近年来流域社会经济快速发展,饶河氮、磷等营养物质含量升高,其在沉积物中的不断积累造成饶河水生态系统面临较高的氮、磷污染风险^[20-21]。为此,本文探究了饶河沉积物细菌群落在重金属和营养盐

污染下的空间分布特征,识别了关键影响因素,以期在其他河流生态系统的健康管理提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在饶河入湖段 (S10~S13)、北支昌江 (S1~S9) 和南支乐安河 (S14~S27) 共设置 27 个采样点 (图 1)。于 2021 年 3 月使用抓斗式采泥器采集表层沉积物 (0~20 cm),每个采样点采集 3 份样品,共获得 81 份样品。将沉积物样品分为 3 份,1 份立即用于 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、硝态氮 ($\text{NO}_3^-\text{-N}$) 及亚硝态氮 ($\text{NO}_2^-\text{-N}$) 的测定;1 份置于 -80°C 冰箱避光保存,用于 DNA 提取;剩余部分冷冻干燥后,用于沉积物其他化学指标及重金属含量测定。

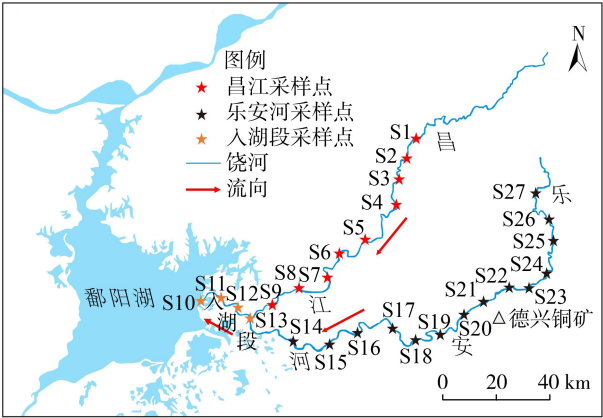


图 1 采样点位布设

Fig. 1 Sampling point layout

1.2 沉积物理化因子及重金属含量测定

沉积物理化因子包括 pH 值、TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 、TP 和 AP。①pH 值测定:将沉积物冷冻干燥后,按 1 : 2.5 的比例与去离子水混合并振荡,随后采用 pH 计 (Mettler Toledo FE20, 瑞士) 测定。②TN 含量测定:参照 Chen 等^[22]的方法,将冻干沉积物样品经浓硫酸消解后,使用连续流动分析仪 (Skalar San ++, Skalar, 荷兰) 测定。③ $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 含量测定:新鲜沉积物样品经 2 mol/L 氯化钾溶液浸提后,采用连续流动分析仪测定。④TP 含量测定:经氢氧化钠熔融冻干沉积物样品后,采用钼锑抗分光光度法测定。⑤AP 测定:经 5 mol/L 碳酸氢钠溶液对冻干沉积物样品浸提后,采用钼锑抗分光光度法测定。⑥重金属测定:将冻干沉积物样品采用微波消解法消解后,采用电感耦合等离子体质谱法 (ICP-MS 7500, 美国) 测定 As、

Pb、Zn、Cu、Ni、Cr、Cd 含量;采用催化热解-冷原子吸收分光光度法测定 Hg 含量。所有重金属污染程度评估均参照 GB 15618—2018《土壤环境质量 农用地土壤污染风险管控标准(试行)》进行^[23]。

1.3 DNA 提取和扩增子测序

以 FastDNA Spin Kit for Soil 试剂盒 (MP Biomedicals, 美国) 提取沉积物的 DNA 为模板, 利用 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3') 作为引物^[24], 对细菌的 16S rRNA 基因 V4 高变区进行聚合酶链式反应(PCR)扩增, 并构建基因文库。将 PCR 产物混合后, 利用琼脂糖凝胶 DNA 纯化试剂盒 (TaKaRa, 日本) 进行纯化, 在 Illumina NovaSeq PE250 测序平台进行测序。对得到的原始数据进行拼接、过滤后, 基于有效数据将高质量序列聚类为操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU); 利用 Silva138 数据库对 OTU 序列进行物种注释。

1.4 数据处理与分析

不同河段间的沉积物理化因子、重金属含量、沉积物细菌多样性及子网络拓扑指标的差异, 用 Kruskal-Wallis 检验在 R 语言 (version 4.3.3) 中进行分析^[25]; 沉积物细菌 α 多样性指数的计算、非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling analysis, NMDS) 以及置换多元方差分析 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA) 均使用 R 语言中的 vegan 包进行; 沉积物细菌群落距离衰减分析通过 R 语言中的 vegan 和 geosphere 包进行; 通过方差分解分析 (variation partitioning analysis, VPA) 量化环境因子 (理化因子、重金属) 和地理因子 (经度、纬度) 对沉积物细菌群落的影响; 使用 R 语言的 psych 包, 基于 Spearman 相关性, 确定影响沉积物细菌群落多样性、优势菌门及共现模式的关键因素。

为进一步识别能够反映沉积物重金属污染的关键分类群, 首先对沉积物重金属含量进行 Z-score 标准化, 再使用 R 语言中的 randomForest 包, 通过随机森林模型确定生物标志物^[26]; 为探究饶河沉积物细菌的共现模式, 借助 R 语言中的 Hmisc、igraph 及 vegan 包, 基于较强且显著的相关性 (Spearman 相关系数 $|r| > 0.6, p < 0.01$) 构建沉积物细菌共现网络, 并利用 Gephi 软件 (version 0.10.1) 完成网络的可视化。

根据模块内连通度 (Z_i) 和模块间连通度 (P_i) 将节点分为 4 类: 外围节点 ($Z_i \leq 2.5, P_i \leq 0.62$)、连接节点 ($Z_i \leq 2.5, P_i > 0.62$)、模块枢纽 ($Z_i > 2.5, P_i \leq 0.62$) 和网络枢纽 ($Z_i > 2.5, P_i > 0.62$)。其中,

连接节点、模块枢纽和网络枢纽被鉴定为关键物种^[27]。为探究环境因子对关键物种的影响, 通过方差膨胀系数 (variance inflation factor, VIF) 筛选环境因子 (VIF 小于 10), 再使用 R 语言中的 vegan 包进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA)^[28]。

2 结果与分析

2.1 沉积物理化因子及重金属含量

基于中位含量, 对比分析了昌江、乐安河和入湖段沉积物理化因子和重金属含量的差异。如图 2 (图中不同小写字母代表差异显著 ($p < 0.05$), 虚线表示 GB 15618—2018 中的重金属污染风险筛选值) 所示, 饶河沉积物 pH 值范围为 5.36~6.57, 乐安河沉积物 pH 中位值 (5.92) 显著低于昌江 (6.23) 和入湖段 (6.48)。营养盐含量分析显示, 乐安河沉积物 NO_3^- -N 中位质量比 (0.65 mg/kg) 显著低于昌江 (0.86 mg/kg) 和入湖段 (1.08 mg/kg), TN (659.40 mg/kg) 和 NH_4^+ -N (5.60 mg/kg) 中位质量比显著低于昌江 (1100.00、8.63 mg/kg)。入湖段沉积物磷污染相对较重, TP (605.30 mg/kg) 和 AP (26.90 mg/kg) 中位质量比均显著高于昌江 (488.60、18.64 mg/kg) 和乐安河 (402.10、15.12 mg/kg)。 NO_2^- -N 含量在各河段间未表现出明显差异。重金属含量分析表明, 饶河沉积物重金属 Ni、Hg、Cu、As、Pb、Cd、Zn 和 Cr 总体质量比分别为 13.14~46.47、0.04~0.33、10.63~850.61、3.84~45.32、8.75~59.15、0.06~4.47、51.49~373.45、33.49~130.85 mg/kg。与重金属污染风险筛选值相比, 乐安河沉积物 Cu 的中位质量比 (165.19 mg/kg) 超标 3.30 倍, Cd (0.81 mg/kg) 超标 2.03 倍; 入湖段 As (32.41 mg/kg) 和 Cd (0.97 mg/kg) 分别超标 1.08 倍和 2.43 倍。此外, 重金属在饶河 3 个河段间也表现出空间差异性, 具体而言, 昌江沉积物 Ni 中位质量比为 35.13 mg/kg, 显著高于乐安河 (29.66 mg/kg); 而乐安河沉积物 Hg 中位质量比为 0.14 mg/kg, 显著高于昌江 (0.10 mg/kg), Cu 的污染程度较高, 其中位质量比显著高于昌江 (18.51 mg/kg) 和入湖段 (33.13 mg/kg); 入湖段沉积物 As 中位质量比显著高于昌江 (27.08 mg/kg); 乐安河和入湖段沉积物中 Pb 的中位质量比分别为 23.34、22.04 mg/kg, 显著高于昌江 (17.11 mg/kg); 与 Pb 类似, Cd 在乐安河和入湖段沉积物中的中位质量比分别比昌江高 219.8% 和 284.4%; Zn 和 Cr 质量比在各河段间则无明显差异。

2.2 沉积物细菌的多样性与群落组成

通过 16S rRNA 基因扩增子测序, 饶河沉积物

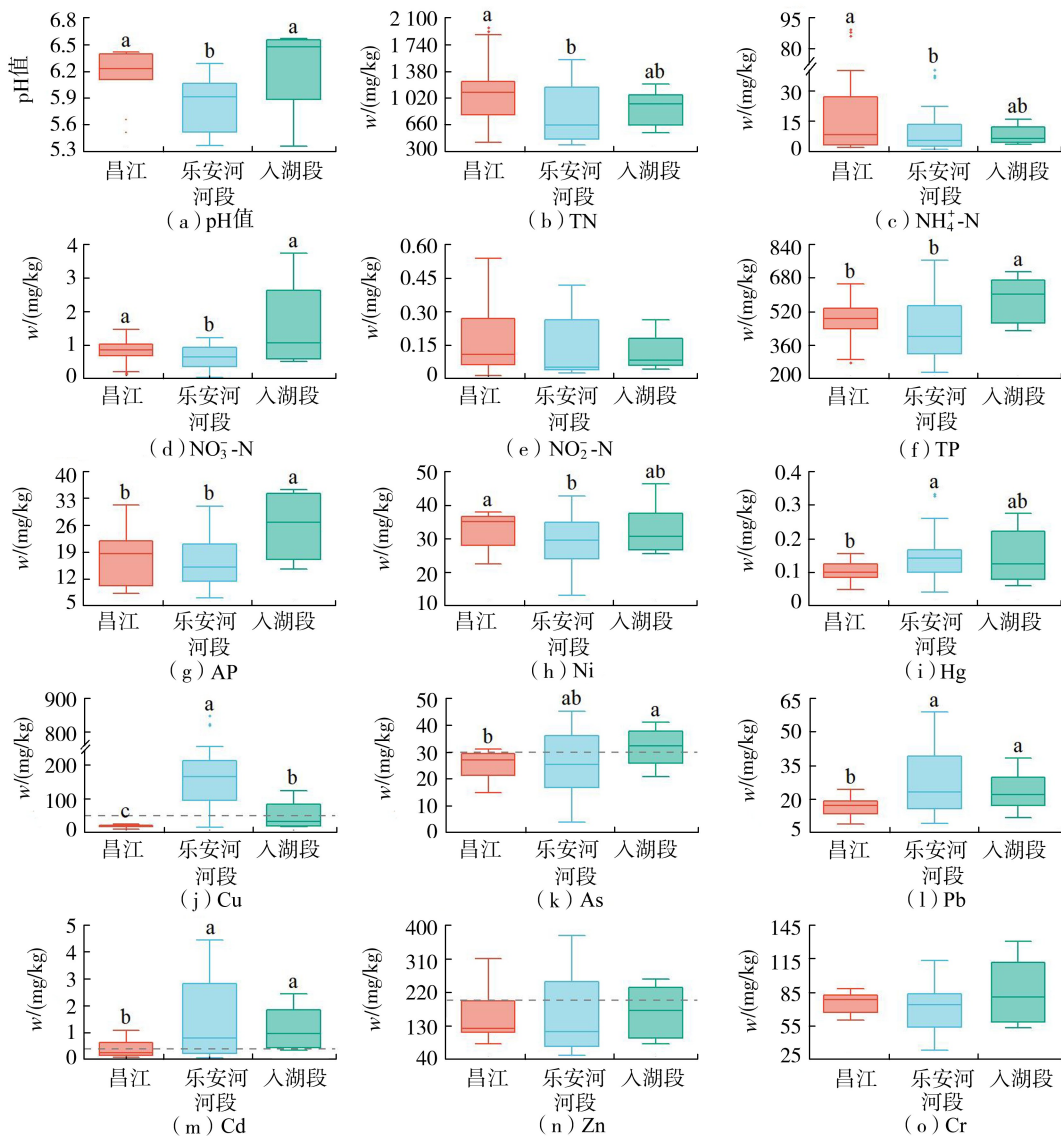


图 2 饶河沉积物理化因子与重金属含量

Fig. 2 Physical and chemical factors and heavy metal contents of sediment in Raohe River

样品共获得 20712 个 OTUs。如图 3 所示,饶河沉积物细菌多样性与群落组成在不同河段间存在显著差异。 α 多样性分析结果表明,入湖段 Shannon 指数和 Chao1 指数均显著低于昌江和乐安河(图 3(a)(b))。基于 Bray-Curtis 距离,采用 NMDS 分析饶河沉积物细菌群落结构差异,结果显示协强系数为 0.1508,入湖段、昌江和乐安河样品明显分离(图 3(c)),PERMANOVA 分析进一步表明细菌群落结构在不同河段之间均具有显著差异(表 1)。

经 Silva138 数据库比对,测序获得的数据共注释得到 108 个细菌门,其中变形菌门、酸杆菌门(Acidobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)、厚壁菌门(Firmicutes)为优势菌门,其相对丰度之和在各河段均占 50% 以上。乐安河的变形菌门相对丰度(35.49%)显著高于昌江(28.63%)和入湖段(27.53%),绿弯菌门相对丰度

表 1 饶河沉积物细菌群落的 PERMANOVA 分析

Table 1 PERMANOVA analysis of bacterial communities in sediments of Raohe River

河段	R^2	p
昌江-乐安河-入湖段	0.19	<0.001
昌江-乐安河	0.16	<0.001
昌江-入湖段	0.12	<0.001
乐安河-入湖段	0.12	<0.001

(5.49%) 显著高于昌江(3.92%);而入湖段厚壁菌门相对丰度(12.20%)显著高于昌江(4.16%)和乐安河(1.56%),绿弯菌门相对丰度(4.47%)显著高于昌江(图 3(d)),表明沉积物细菌的优势菌门在不同河段间也存在显著差异。

2.3 沉积物细菌群落变化的驱动因素分析

利用距离衰减分析,探明影响饶河沉积物细菌群落的主要因素。结果显示,细菌群落相似性(基于 1-Bray-Curtis 距离)与环境距离(基于欧氏距离)

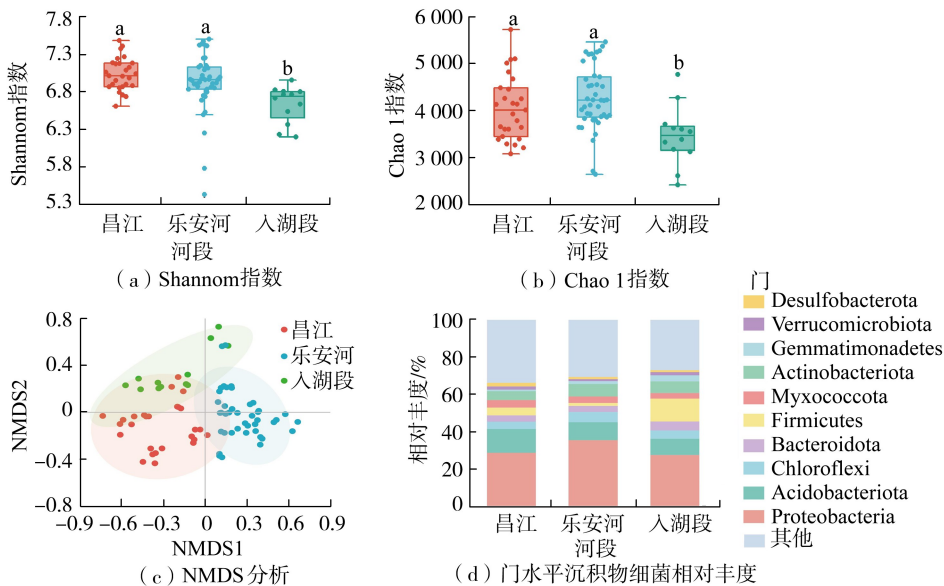
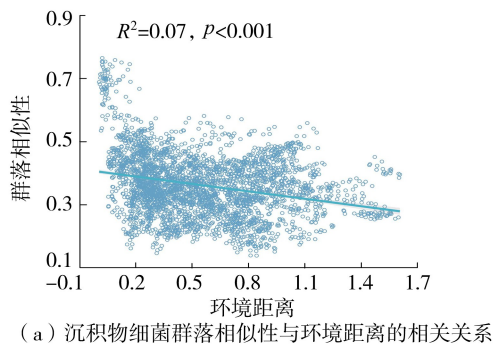


图3 饶河沉积物细菌群落多样性与组成

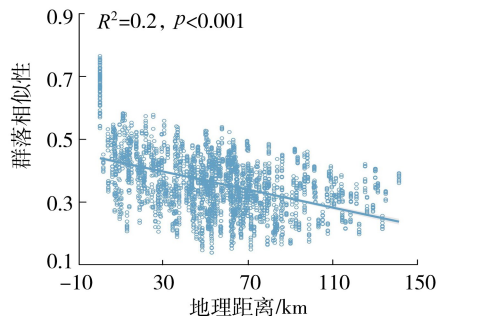
Fig. 3 Diversity and composition of bacterial communities in sediments of Raohe River

和地理距离呈显著负相关关系(图4(a)(b)),表明饶河沉积物细菌群落表现出较强的距离衰减模式,环境因子和地理因子可能共同驱动沉积物细菌群落的变化。VPA进一步量化了环境因子和地理因子对饶河沉积物细菌群落差异的贡献,如图4(c)所示,理化因子、重金属和地理因子共同解释了39.5%的细菌群落变化,其中重金属(11.2%)和理化因子(8.8%)单独解释率高于地理因子(3.5%)。

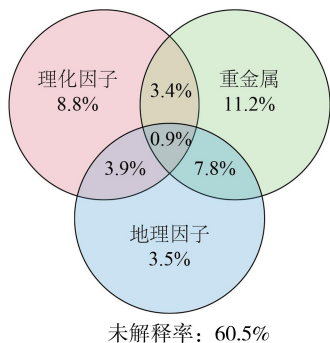
进一步通过相关性分析,探究重金属和理化因子与沉积物细菌群落的潜在关系。结果表明,细菌 α 多样性指数(Chao1和Shannon指数)与TP和AP等氮、磷营养盐及As、Pb、Cd和Hg等多种重金属间存在显著的负相关关系。同时,变形菌门与Cu呈显著正相关关系,而与Ni、Zn和As呈显著负相关关系;绿弯菌门则与Cd、As和Pb存在显著的正相关关系;厚壁菌门与营养盐($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和AP)



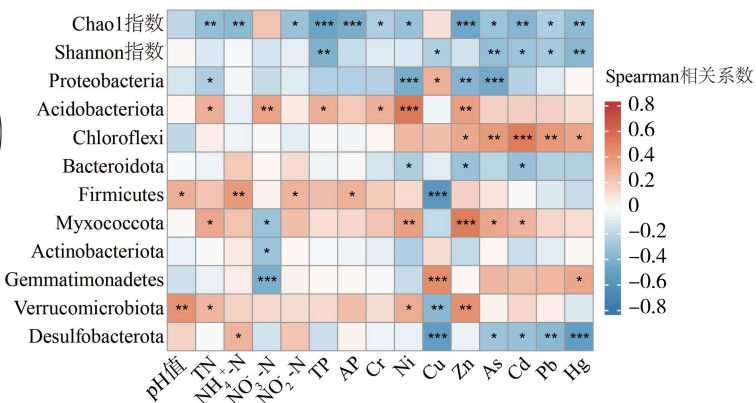
(a) 沉积物细菌群落相似性与环境距离的关系



(b) 沉积物细菌群落相似性与地理距离的关系



(c) VPA分析



(d) 细菌 α 多样性指数和优势菌门与环境因子的相关关系

图4 饶河沉积物细菌群落变化的驱动因素分析

Fig. 4 Analysis of the factors driving variations in bacterial communities in sediments of Raohe River

呈显著正相关关系,但与 Cu 呈显著负相关关系(图 4(d), * 表示 $p<0.05$, ** 表示 $p<0.01$, *** 表示 $p<0.001$)。

2.4 饶河沉积物重金属污染的生物标志物

基于随机森林模型,在 OTU 水平进行了沉积物重金属污染的潜在生物标志物筛选(图 5)。交叉验证结果显示,当 OTU 数量为 69 时,交叉验证误差最小。因此,将细菌中重要性排名前 69 的 OTU 确定为生物标志物,其属于 27 个纲,主要包括 γ 变形菌纲 (Gammaproteobacteria, 11 个)、 α 变形菌纲 (Alphaproteobacteria, 7 个)、酸微菌纲 (Acidimicrobiia, 6 个)、酸杆菌纲 (Acidobacteriae, 5 个)和芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes, 5 个)。其中,属于酸杆菌纲和芽单胞菌纲的生物标志物具有

较高的重要性。同时,Spearman 相关性分析结果显示,酸杆菌纲和芽单胞菌纲的相对丰度与重金属含量 (Z-score) 显著正相关,说明这两个纲可以较好地反映饶河沉积物中重金属含量的变化。因此,酸杆菌纲和芽单胞菌纲可作为监测沉积物中重金属污染的重要生物标志物。

2.5 沉积物细菌群落的共现网络分析

为分析饶河沉积物细菌间的潜在互作关系,基于 OTUs 构建了共现网络(图 6,括号内为占比)。该网络共包含 1304 个节点,其中大部分节点属于变形菌门、酸杆菌门和放线菌门 (Actinobacteriota) 等优势菌门。在 17848 条边中,正相关比例 (80.21%) 显著高于负相关 (19.79%),表明饶河沉积物细菌间以协作关系为主。子网络拓扑指标分析

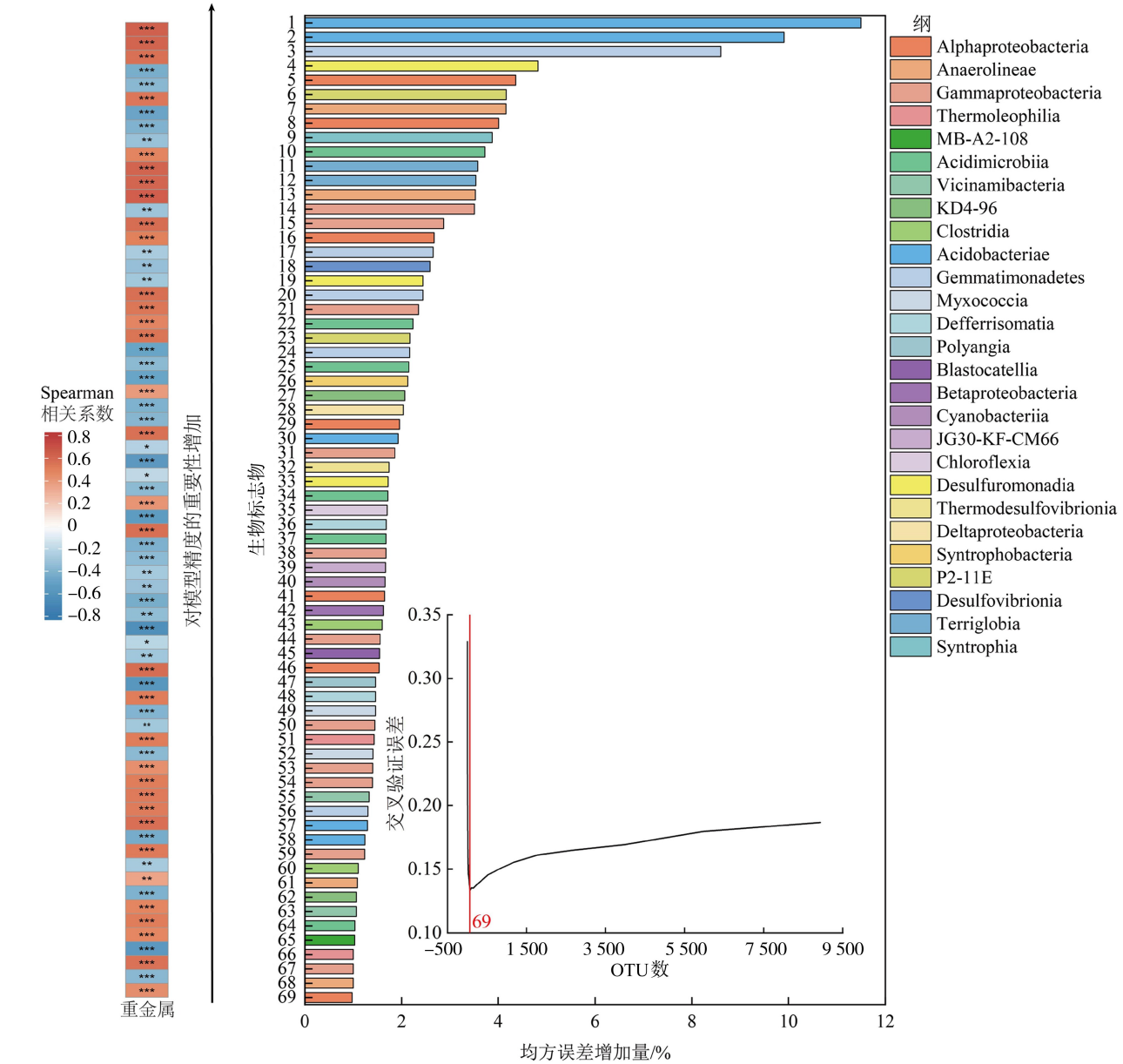


图 5 基于随机森林模型识别饶河沉积物重金属污染的生物标志物

Fig. 5 Identification of biomarkers for heavy metal pollution in sediments of Raohe River based on random forest model

显示,昌江和乐安河节点数、边数显著高于入湖段,昌江平均度显著高于乐安河和入湖段,3个河段的平均路径长度无显著差异(图7(a)(b)(c)(d)),表明入湖段沉积物细菌共现网络复杂性低于昌江和乐安河。此外,重金属(Hg、Cd、Zn、Cu和Ni)和营养盐(TP、AP和TN)与子网络的节点数、边数和平均度呈显著负相关关系,表明这些变量是影响沉积物细菌共现关系的关键环境因子(图7(e))。

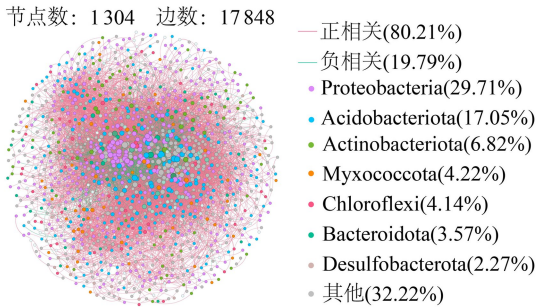


图6 饶河沉积物细菌共现网络

Fig. 6 Co-occurrence network of sediment bacterial communities in Raohe River

基于 Z_i 、 P_i 值,在饶河沉积物细菌共现网络中共识别出 59 个 OTU 为关键物种,其中模块枢纽、网络枢纽和连接节点各有 36、3 和 20 个(图8(a))。

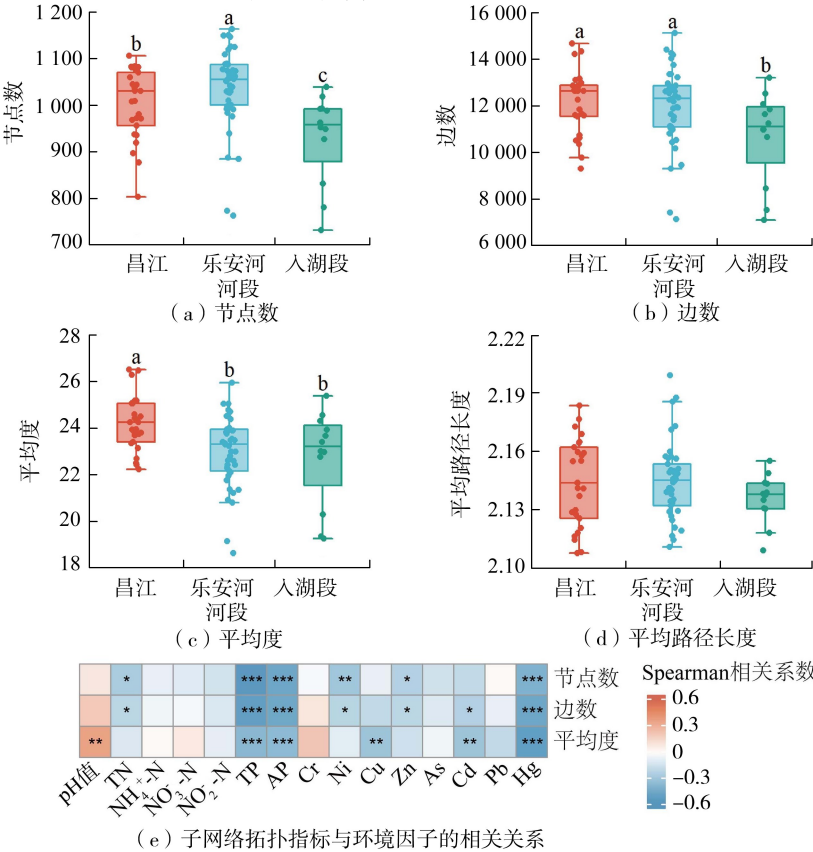


图7 饶河沉积物细菌子网络拓扑指标及其与环境因子的相关关系

Fig. 7 Subnetwork topological indicators of sediment bacterial communities and the relationship between the indicators and environmental factors in Raohe River

这些关键物种分别属于 23 个纲,主要为 α 变形菌纲和 γ 变形菌纲,二者的相对丰度之和在各河段中均大于关键物种总丰度的 50%,且乐安河关键物种的相对丰度 (7.44%) 高于昌江 (5.00%) 和入湖段 (4.95%)(图8(b))。VPA 分析表明,沉积物理化因子、重金属和地理因子对关键物种组成的总解释率为 31.9%,重金属 (8.7%) 对关键物种组成的影响大于理化因子 (3.8%) 和地理因子 (2.0%)(图8(c))。RDA 分析表明,Pb、Cd 和 Hg 等重金属是影响关键物种组成的重要因素(图8(d))。

3 讨论

3.1 沉积物细菌群落结构及其影响因素

饶河沉积物细菌群落结构在不同河段间存在显著差异,这可能归因于环境因子和地理因子的影响,显著的距离衰减模式进一步证实了这一结论(图4(a)(b))。

研究结果表明,地理因子与环境因子对沉积物细菌群落的影响具有同等重要性,这可能主要取决于扩散限制与环境选择在沉积物细菌群落分布模式中所发挥的作用^[29-30]。然而,环境因子对饶河沉积物细菌群落结构变化的影响强于地理因子,其中重

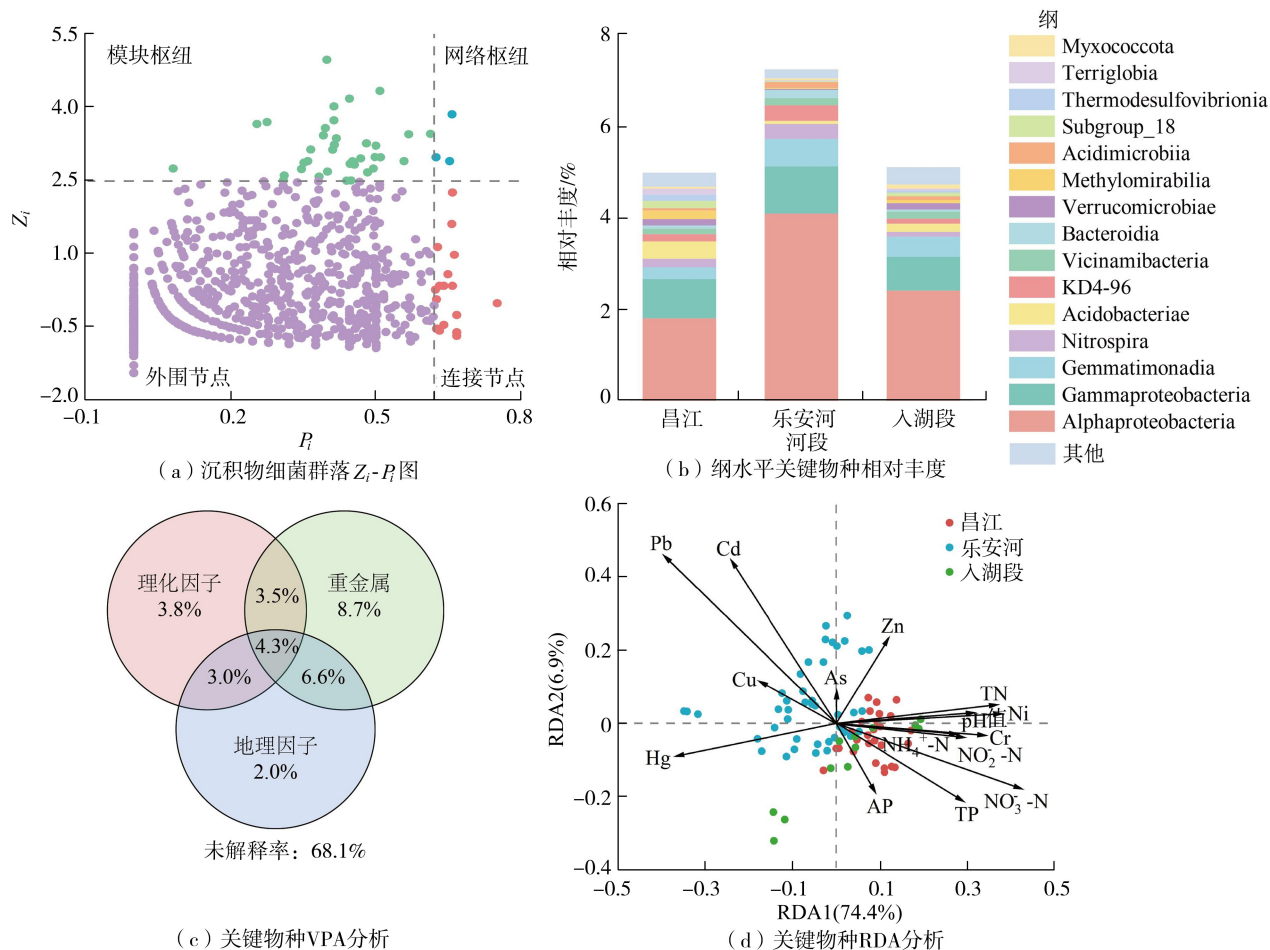


图 8 饶河沉积物细菌群落关键物种及其影响因素

Fig. 8 Keystone species of bacterial communities and their influencing factors in sediments of Raohe River

金属是关键影响因素(图 4(c)),表明环境选择对饶河沉积物细菌群落结构的影响可能更为显著,且相较于营养盐等其他环境因子,沉积物细菌或许对重金属污染更为敏感。

地理因子与环境因子对沉积物中微生物分布模式的相对重要性存在较强的尺度依赖性:当空间距离较大时(>1 000 km),地理因子对沉积物微生物分布模式的差异影响更为突出;而当空间距离较小时(<1 000 km),环境因子对沉积物微生物的选择作用则会强于扩散限制^[31]。因此,饶河较小的空间尺度(河长小于 300 km)可能是导致环境因子对其沉积物细菌群落的影响大于地理因子的原因。

研究表明,沉积物中高含量的重金属会对细菌的生长繁殖产生抑制作用,从而显著影响细菌群落组成^[10,32]。具体而言,Cu 能够通过类芬顿反应生成强氧化性的羟基自由基,对细菌细胞内的脂质、蛋白质和 DNA 等造成氧化损伤,显著抑制细菌的生理活性^[33]。Ni 则因其强溶解性和渗透性,能够破坏细菌细胞膜,进而影响蛋白质的结构和功能,且其对酶活性的抑制作用通常不可逆,会严重阻碍细菌的

生长代谢^[34]。Pb 可通过与细菌细胞内巯基的特定性结合,抑制关键酶的活性,同时诱导氧化应激反应,导致蛋白质和核酸等生物大分子的损伤,从而影响细菌的生存与功能^[35-36]。因此,重金属的毒性作用可能解释了对细菌 α 多样性的显著抑制(图 4(d))。此外,沉积物中过高的氮、磷营养盐含量也会对细菌群落产生不利影响,进一步降低细菌的 α 多样性^[37]。在重金属和营养盐污染等选择压力下,沉积物细菌中的敏感性物种可能被耐受性物种所取代,特有物种减少,进而抑制细菌的 α 多样性^[38]。这些发现表明,入湖段沉积物中较高的营养盐和重金属污染水平可能是导致该区域沉积物细菌 α 多样性显著降低的重要原因。

变形菌门是饶河各河段沉积物中的优势菌门,这可能与其较高的物种多样性和较强的环境适应能力相关^[39-40]。研究表明,变形菌门具有丰富的 Cu 相关金属抗性基因,对 Cu 污染具有较高的耐受性^[41];Gao 等^[42]发现,在 Cu 污染较高的环境中,变形菌门不仅未受抑制,且其丰度反而呈现出一定的升高。因此,乐安河沉积物中较高的 Cu 含量可能

促进了变形菌门相对丰度的提升,使其显著高于昌江和入湖段。然而,其他重金属对变形菌门仍具有较强的毒性作用,Ni、Zn 和 As 显著抑制了其生存(图 4(d)),这可能是由于该菌门缺乏相应的金属抗性基因及代谢途径^[43]。绿弯菌门相对丰度与重金属含量显著正相关(图 4(d)),这可能与其对重金属污染具有较强的适应能力和潜在抗性有关^[44-45],说明了乐安河和入湖段沉积物中较高的重金属含量可能是导致绿弯菌门相对丰度显著高于昌江的原因。此外,研究发现入湖段厚壁菌门相对丰度显著高于昌江和乐安河(图 3(d)),这可能归因于厚壁菌门在富营养盐环境中的生存优势^[7,46],入湖段沉积物中较高的营养盐含量为其提供了良好的生长条件。与之相反,沉积物中的 Cu 显著抑制了厚壁菌门的活性。因此,乐安河沉积物中较高的 Cu 含量可能也是导致其厚壁菌门相对丰度低于昌江和入湖段的原因之一。

3.2 沉积物重金属污染的生物标志物

沉积物细菌能快速响应环境条件的变化,可作为监测沉积物环境质量的有效指标^[47]。本研究中,重金属是饶河沉积物细菌群落变化的关键驱动因子。因此,基于随机森林模型,在饶河沉积物细菌群落中筛选了重金属污染的生物标志物。结果表明,酸杆菌纲和芽单胞菌纲可较好地指示饶河沉积物重金属污染(图 5)。Li 等^[48]研究表明,酸杆菌相对丰度的增加与环境中的 Cd 污染具有较强的相关性,其可作为沉积物 Cd 污染的生物标志物。Li 等^[49]发现,酸杆菌可在 As、Cu 和 Cr 等重金属污染的沉积物中富集,其相对丰度与沉积物中重金属含量呈显著正相关,且其可能还具有重金属污染修复潜力。芽单胞菌纲对重金属也具有较强的抵抗能力,可在重金属污染较为严重的环境中生存^[50]。Chen 等^[51]研究发现,芽单胞菌在矿区重金属污染的沉积物环境中相对丰度显著升高;酸杆菌纲和芽单胞菌纲在重金属污染的沉积物中表现出较高的活性,这可能是因为其具备相应的代谢途径,能迅速适应重金属污染。具体而言,酸杆菌能够分泌胞外聚合物,以抵御重金属的毒害,而芽单胞菌则可利用尿素酶和过氧化氢酶等机制对多种重金属产生抗性^[52]。这些发现也表明酸杆菌纲和芽单胞菌纲可能具有较为丰富的重金属抗性基因,对重金属污染具有较高的耐受性,二者重金属抗性物种的富集可反映沉积物中重金属污染的发生。综上,推测酸杆菌纲和芽单胞菌纲可作为饶河沉积物重金属污染的潜在生物标志物。但是,酸杆菌纲和芽单胞菌纲作为重金属污染生物标志物在不同环境条件下的适用性仍需通过未

来的研究进一步加以验证。

3.3 沉积物细菌共现模式及其影响因素

在自然生境中,微生物会通过复杂的共现关系形成生物共现网络,从而增强其对环境刺激和污染物胁迫的抵抗能力^[53]。饶河沉积物细菌群落共现网络的节点主要属于变形菌门等优势菌门,且正相关的比例较高(图 6),表明这些优势菌间可能具有密切的协作关系,并对共现网络具有重要作用。因此,环境因子空间异质性导致的优势菌门组成差异也可能改变菌群间的共现模式,进而影响细菌群落结构。同时,网络拓扑指标的变化反映了网络复杂性、稳定性的差异,复杂的共现网络有利于维持沉积物细菌群落的稳定^[54]。然而,入湖段沉积物细菌共现网络的复杂性较低,这可能归因于营养盐和重金属污染的不利影响(图 7(e)),较高的营养盐和重金属含量干扰了细菌间的相互作用,削弱了细菌群落对环境条件改变的适应能力,从而影响了其稳定。

关键物种对维持微生物群落乃至生态系统的稳定性同样具有重要作用,其组成的变化可导致微生物群落结构的显著改变^[55]。饶河沉积物细菌关键物种主要受重金属调控(图 8(c)(d)),表明不同河段间重金属含量的差异可能通过改变关键物种组成,进而影响了细菌共现网络的复杂性。 α 变形菌和 γ 变形菌在饶河沉积物细菌关键物种中具有主导地位(图 8(b))。Shi 等^[13]研究发现,二者是沉积物中营养盐转化的重要参与者,且其还具备重金属抗性和解毒能力,表明 α 变形菌和 γ 变形菌可能有助于缓解重金属和营养盐污染对饶河沉积物细菌的不利影响,维持共现网络的复杂性与稳定性。此外,当沉积物细菌群落中存在较多关键物种时,有利于保持群落的平衡;而某些关键物种的消失,则可能对群落结构造成严重的负面影响^[52]。因此,乐安河较高的关键物种丰度可能有助于增强其共现网络的复杂性,提高其沉积物细菌群落对重金属的适应能力,这可能是乐安河沉积物细菌应对重金属污染的一种生存策略。

重金属污染对沉积物细菌的多样性、组成及共现模式具有重要影响,是导致饶河不同河段沉积物细菌群落差异显著的关键因素。乐安河流域采矿活动引发的重金属排放可能是造成饶河沉积物重金属污染的重要原因^[18-19],而乐安河及入湖段沉积物中较高的重金属含量也印证了这一观点(图 2)。重金属由于其生物毒性,对沉积物细菌造成了较高的环境压力,驱动着沉积物细菌群落结构的变化,这可能进一步影响了河流生态系统的稳定^[9]。此外,入湖段较低的细菌 α 多样性和共现网络复杂性表明,在

重金属污染下,沉积物中较高含量的氮、磷营养盐可能进一步加剧对细菌群落的危害。因此,加强饶河沉积物重金属污染治理,同时关注营养盐污染,减少来自人为活动引起的污染输入,对维持饶河沉积物细菌多样性及其水生态系统的健康具有重要作用。然而,自然河流沉积物中细菌群落的分布受多种环境因素共同调控,未来研究应更加系统地整合多维度环境变量,以全面揭示其分布规律,为河流健康管理提供科学依据。

4 结 论

- a. 饶河沉积物细菌群落不同河段表现出显著的空间异质性,饶河入湖段沉积物细菌 α 多样性及共现网络复杂性均低于昌江和乐安河,而乐安河的关键物种丰度高于昌江和入湖段。
- b. 重金属对饶河沉积物细菌群落的影响强于营养盐和地理因子,其中 Pb、Cd 和 Hg 等重金属是关键驱动因子。与昌江和乐安河相比,入湖段沉积物中重金属与营养盐的复合污染导致了细菌 α 多样性及共现网络复杂性显著降低。
- c. 重金属对饶河沉积物中细菌群落的组成具有显著影响。变形菌门、绿弯菌门和厚壁菌门等饶河沉积物细菌群落优势菌门均与重金属显著相关。酸杆菌纲和芽单胞菌纲可作为有效的生物标志物,用于指示饶河沉积物中的重金属污染状况。

参考文献:

[1] GENG Jun, ZHANG Weihong, LIANG Shuxin, et al. Diversity and biogeography of bacterial community in the Ili River network varies locally and regionally[J]. Water Research,2024,256:121561.

[2] 李沁园,陈默,张思九,等. 水电开发对河流生态系统生产总值的影响[J]. 水资源保护,2024,40(6):233-241. (LI Qinyuan, CHEN Mo, ZHANG Sijiu, et al. Impact of hydropower development on gross river ecosystem product [J]. Water Resources Protection, 2024, 40 (6): 233-241. (in Chinese))

[3] FAN Yifei, CHEN Kan, DAI Zetao, et al. Land use/cover drive functional patterns of bacterial communities in sediments of a subtropical river, China[J]. Science of the Total Environment, 2024, 947: 174564.

[4] SHAO Yitong, HE Qi, FU Yongsheng, et al. Construction of the comprehensive evaluation system of waterbody pollution degree and the response of sedimentary microbial community [J]. Environmental Pollution, 2023, 317: 120837.

[5] SONG Weiwei, ZHANG Liyan, LI Yi, et al. Hydrodynamic zones and the influence of microorganisms on nitrogen

transformation in the diverging area of branched rivers [J]. Environmental Research, 2022, 208: 112778.

[6] WANG Hongjie, LIU Xinchun, WANG Yali, et al. Spatial and temporal dynamics of microbial community composition and factors influencing the surface water and sediments of urban rivers [J]. Journal of Environmental Sciences, 2023, 124: 187-197.

[7] OUYANG Liao, CHEN Huirong, LIU Xinyue, et al. Characteristics of spatial and seasonal bacterial community structures in a river under anthropogenic disturbances[J]. Environmental Pollution, 2020, 264: 114818.

[8] 李轶,胡童,王琳琼,等. 环丙沙星和铜复合污染下河流底质微生物群落与抗生素抗性基因的交互关系[J]. 河海大学学报(自然科学版), 2022, 50(6): 75-84. (LI Yi, HU Tong, WANG Linqiong, et al. Interaction relationship between microbial communities and antibiotic resistance genes under ciprofloxacin and copper co-contamination in river sediments [J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences), 2022, 50 (6): 75-84. (in Chinese))

[9] LIANG Dong, SONG Jinxi, XIA Jun, et al. Effects of heavy metals and hyporheic exchange on microbial community structure and functions in hyporheic zone [J]. Journal of Environmental Management, 2022, 303: 114201.

[10] LI Ping, LIU Chun, ZHANG Lijie, et al. Interactions between riverine sediment organic matter molecular structure and microbial community as regulated by heavy metals [J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 486: 136998.

[11] YANG Juejie, LI Guanghe, SHENG Yizhi, et al. Response and contribution of bacterial and archaeal communities to eutrophication in urban river sediments [J]. Environmental Pollution, 2022, 306: 119397.

[12] 朱智杰,陈默,薛思敏,等. 氮和磷是影响三峡库区香溪河表层沉积物中微生物群落结构的主要因素[J]. 湖泊科学, 2023, 35(2): 473-482. (ZHU Zhijie, CHEN Mo, XUE Simin, et al. Nitrogen and phosphorus as major factors shaping microbial community structures in surface sediments in Xiangxi River, Three Gorges Reservoir [J]. Journal of Lake Sciences, 2023, 35 (2): 473-482. (in Chinese))

[13] SHI Jianfei, QIAN Wenting, ZHOU Zhibin, et al. Effects of acid mine drainage and sediment contamination on soil bacterial communities, interaction patterns, and functions in alkaline desert grassland [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024, 474: 134832.

[14] XIE Fuyu, YU Miaocheng, YUAN Qingke, et al. Spatial distribution, pollution assessment, and source identification of heavy metals in the Yellow River [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 436: 129309.

[15] BENSADI L, AZZOU M, BENSLIMANE A, et al. Distribution, levels, sources and risk assessment of

- polycyclic aromatic hydrocarbons in the bottom sediments of a Mediterranean river under multiple anthropopressures (Soummam River), Algeria [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2024, 202; 116416.
- [16] ZHAO Ke, ZHOU Shenghui, WANG Kaixuan, et al. Distribution characteristics and pollution risk assessment of microplastics in urban rivers: a case study in Yitong River, China [J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2024, 61; 105277.
- [17] 吴怡, 王成, 王华, 等. 基于 CCME-WQI 方法的鄱阳湖流域乐安河水质分析 [J]. *环境科学*, 2024, 45 (9) : 5235-5243. (WU Yi, WANG Cheng, WANG Hua, et al. Analysis of water quality of Le' an River in Poyang Lake Basin based on CCME-WQI method [J]. *Environmental Science*, 2024, 45 (9) : 5235-5243. (in Chinese))
- [18] 吕雅宁, 余杨, 黄爱平, 等. 饶河河口沉积物重金属累积特征及风险评价 [J]. *环境科学与技术*, 2019, 42 (11) : 178-186. (LYU Yaning, YU Yang, HUANG Aaping, et al. Accumulation characteristics and risk assessment of heavy metals in surface sediment from Raohe River estuary [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 42 (11) : 178-186. (in Chinese))
- [19] CHEN Haiyang, TENG Yanguo, LI Jiao, et al. Source apportionment of trace metals in river sediments: a comparison of three methods [J]. *Environmental Pollution*, 2016, 211; 28-37.
- [20] ZHONG Wenjun, WANG Shengrui, DONG Yue, et al. Trends of the response-relationship between net anthropogenic nitrogen and phosphorus inputs (NAN/ NAPI) and TN/TP export fluxes in Raohe Basin, China [J]. *Chemosphere*, 2022, 286; 131662.
- [21] WANG Peng, ZHAO Jun, XIAO Hanyu, et al. Bacterial community composition shaped by water chemistry and geographic distance in an anthropogenically disturbed river [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 655; 61-69.
- [22] CHEN Juan, GAO Han, WANG Peifang, et al. Effects of decabromodiphenyl ether on activity, abundance, and community composition of phosphorus mineralizing bacteria in eutrophic lake sediments [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 695; 133785.
- [23] WEI Hongqing, LIU Cong, CUI Xumeng, et al. Distribution characteristics of microorganisms in sediments of Dagui River and their biological indicator function for evaluating eco-environmental quality of rural river [J]. *Environmental Research*, 2024, 245; 118032.
- [24] CHEN Juan, WANG Peifang, WANG Chao, et al. Spatial distribution and diversity of organohalide-respiring bacteria and their relationships with polybrominated diphenyl ether concentration in Taihu Lake sediments [J]. *Environmental Pollution*, 2018, 232; 200-211.
- [25] 尚坤钰, 韩毓, 高欣, 等. 金沙江上游主要支流着生藻类群落的空间格局及其影响因子 [J]. *湖泊科学*, 2024, 36 (5) : 1392-1402. (SHANG Kunyu, HAN Yu, GAO Xin, et al. Spatial pattern of periphytic algae communities in major tributaries of the upper Jinsha River and the environmental drivers [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2024, 36 (5) : 1392-1402. (in Chinese))
- [26] FAN Kunkun, CHU Haiyan, ELDRIDGE D J, et al. Soil biodiversity supports the delivery of multiple ecosystem functions in urban greenspaces [J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2023, 7 (1) : 113-126.
- [27] SUN Chenxiang, ZHANG Bing, NING Dalian, et al. Seasonal dynamics of the microbial community in two full-scale wastewater treatment plants: diversity, composition, phylogenetic group based assembly and co-occurrence pattern [J]. *Water Research*, 2021, 200; 117295.
- [28] ZHANG Liyan, DELGADO-BAQUERIZO M, SHI Yu, et al. Co-existing water and sediment bacteria are driven by contrasting environmental factors across glacier-fed aquatic systems [J]. *Water Research*, 2021, 198; 117139.
- [29] CHEN Juan, WANG Peifang, WANG Chao, et al. Fungal community demonstrates stronger dispersal limitation and less network connectivity than bacterial community in sediments along a large river [J]. *Environmental Microbiology*, 2020, 22 (3) : 832-849.
- [30] LIU Tang, ZHANG Anni, WANG Jiawen, et al. Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River [J]. *Microbiome*, 2018, 6; 16.
- [31] CHEN Juan, WANG Peifang, WANG Chao, et al. Bacterial communities in riparian sediments: a large-scale longitudinal distribution pattern and response to dam construction [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9; 999.
- [32] YAN Changchun, WANG Fei, GENG Huanhuan, et al. Integrating high-throughput sequencing and metagenome analysis to reveal the characteristic and resistance mechanism of microbial community in metal contaminated sediments [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 707; 136116.
- [33] RAMOS-ZUNIGA J, BRUNA N, PEREZ-DONOSO J M. Toxicity mechanisms of copper nanoparticles and copper surfaces on bacterial cells and viruses [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24 (13) : 10503.
- [34] CHENG Jian, QIAO Liang, XU Wen, et al. Nickel (ii) effects on Anammox reaction: reactor performance, dehydrogenase, sludge morphology and microbial community changes [J]. *Environmental Technology*, 2022, 43 (27) : 4227-4236.
- [35] GEORGE S E, WAN Yongshan. Advances in characterizing microbial community change and resistance upon exposure to lead contamination: implications for ecological risk assessment [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2020, 50 (21) : 2223-2270.

- [36] LI Hao, YAO Jun, MIN Ning, et al. New insights on the effect of non-ferrous metal mining and smelting activities on microbial activity characteristics and bacterial community structure[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 453:131301.
- [37] 于妍,王悦悦,方杜贤,等. 白洋淀表层沉积物细菌多样性及影响因素[J]. *环境工程学报*, 2021, 15(3):1121-1130. (YU Yan, WANG Yueyue, FANG Duxian, et al. Bacterial diversity in surface sediments of Baiyangdian Lake and its influencing factors[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(3):1121-1130. (in Chinese))
- [38] WANG Jingting, YUAN Shu, TANG Lei, et al. Contribution of heavy metal in driving microbial distribution in a eutrophic river[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 712:136295.
- [39] DU Ming, ZHENG Minggang, LIU Aaifeng, et al. Effects of emerging contaminants and heavy metals on variation in bacterial communities in estuarine sediments[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 832:155118.
- [40] 朱庆威,潘保柱,孙贺,等. 汉江上游干支流沉积物细菌群落多样性和影响因素[J]. *水资源保护*, 2022, 38(6):202-210. (ZHU Qingwei, PAN Baozhu, SUN He, et al. Diversity and influencing factors of bacterial community in sediments of upper reaches of the Hanjiang River and its tributarie[J]. *Water Resources Protection*, 2022, 38(6):202-210. (in Chinese))
- [41] CHEN Yong, JIANG Yiming, HUANG Haiying, et al. Long-term and high-concentration heavy-metal contamination strongly influences the microbiome and functional genes in Yellow River sediments[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 637:1400-1412.
- [42] GAO Weikang, LIU Peng, YE Zhihang, et al. Divergent prokaryotic microbial assembly, co-existence patterns and functions in surrounding river sediments of a Cu-polymetallic deposit in Tibet[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 851:158192.
- [43] WANG Feng, DONG Wenyi, ZHAO Zilong, et al. 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.
- [44] CAO Yu, LI Yongjie, JIA Lifen, et al. Long-term and combined heavy-metal contamination forms a unique microbiome and resistome; a case study in a Yellow River tributary sediments[J]. *Environmental Research*, 2024, 252:118861.
- [45] PAN Yuwei, XIE Jiawei, YAN Weixin, et al. Response of microbial community to different land-use types, nutrients and heavy metals in urban river sediment[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 321:115855.
- [46] GUPTA S, GRAHAM D W, SREEKRISHNAN T R, et al. Exploring the impacts of physicochemical characteristics and heavy metals fractions on bacterial communities in four rivers[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 325:116453.
- [47] 李轶,雷梦婷,杨楠,等. 河流微生物生态学的研究进展[J]. *水资源保护*, 2022, 38(1):190-197. (LI Yi, LEI Mengting, YANG Nan, et al. Research and prospect on river microbial ecology[J]. *Water Resources Protection*, 2022, 38(1):190-197. (in Chinese))
- [48] LI Yuntao, GAO Yan, CHEN Wei, et al. Shifts in bacterial diversity, interactions and microbial elemental cycling genes under cadmium contamination in paddy soil: implications for altered ecological function[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 461:132544.
- [49] LI Yijia, MA Junwen, SHEN Xinyi, et al. Quantitative effects of anthropogenic and natural factors on the spatial distribution of heavy metals and bacterial communities in sediments of the Pearl River Delta[J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2024, 35:103648.
- [50] GE Yi, LOU Yinghua, XU Minmin, et al. Spatial distribution and influencing factors on the variation of bacterial communities in an urban river sediment[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 272:115984.
- [51] CHEN Xueping, CHEN Haoyu, SUN Jing, et al. Shifts in the structure and function of the microbial community in response to metal pollution of fresh water sediments in Finland[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18(11):3324-3333.
- [52] ZHANG Juan, SHI Quan, FAN Shukai, et al. Distinction between Cr and other heavy-metal-resistant bacteria involved in C/N cycling in contaminated soils of copper producing sites[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 402:123454.
- [53] LIN Ling, XIONG Jiangzhiquan, LIU Lihua, et al. Microbial interactions strengthen deterministic processes during community assembly in a subtropical estuary[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 906:167499.
- [54] YUAN M M, GUO Xue, WU Linwei, et al. Climate warming enhances microbial network complexity and stability[J]. *Nature Climate Change*, 2021, 11(4):343.
- [55] GAO Fangzhou, HE Liangying, HU Lixin, et al. Anthropogenic activities and seasonal properties jointly drive the assemblage of bacterial communities in subtropical river basins[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 806:151476.

(收稿日期:2024-12-18 编辑:胡新宇)