

宁波象山海域表层沉积物细菌群落季节性分布特征研究

钱 鹏¹, 王思鹏¹, 梁春玲¹, 张化俊¹, 王 凯¹, 刘 莲², 费岳军², 张德民^{1*}

(1. 宁波大学 海洋学院, 浙江 宁波 315211; 2. 宁波海洋环境检测中心站, 浙江 宁波 315012)

摘要: 分别在 2013 年夏季及 2014 年冬季采集宁波象山海域 7 个站位的表层沉积物样品, 利用 16S rRNA 基因扩增子 MiSeq 测序技术研究了沉积物细菌群落季节性分布特征。研究发现: 宁波象山海域海洋沉积物细菌群落主要由 γ -变形菌纲、 δ -变形菌纲、酸杆菌门、 α -变形菌纲、绿弯菌门和拟杆菌门组成; 沉积物细菌群落的时空分布同时受地理距离、季节和环境理化因子等影响, 其中地理距离占主导地位, 且冬季地理距离对群落的影响更大。

关键词: 近海沉积物; 细菌群落; 生物地理学; 季节

中图分类号: Q938.1

文献标志码: A

文章编号: 1001-5132 (2017) 06-0028-08

近几十年, 我国沿海地区经济迅速发展, 大量污染物随着大气沉降、地表径流和近岸人类活动进入海洋, 对海洋生态环境造成了严重影响^[1]。宁波象山海域地处浙北近岸, 是该地区渔业和养殖业密集发展的重要区域^[2]。沿岸有深水避风港, 在为地方经济发展提供有力保障的同时还接纳了沿岸大量的城市工农业废水^[3], 使该海域从近岸到远岸呈现明显的以氮、磷为主的营养盐梯度, 近岸区域富营养化严重, 某些站位存在有机污染物和/或重金属超标的情况^[4]。

海洋沉积物是地球生化循环的重要介质, 也是海洋环境中污染物的“汇”。沉积物能反映长期的环境变化对底栖生态环境的影响。沉积物细菌在介导生物地球化学循环中起关键作用^[5-6]。因此, 研究沉积物细菌群落在近岸梯度的变化有助于明确近岸环境变化的微生态效应。大量研究表明^[7-11], 沉积物细菌群落的多样性和组成受到水深、沉积物厚度、温度、有机碳、营养盐等因子的影响。但是, 沉积物细菌群落多样性和组成在近岸环境梯度上的季节性变化规律尚未被充分揭示^[12]。

当地环境条件^[13]、群落生境之间的空间地理距离^[14]和时间^[15-16]是影响细菌群落结构的重要因素, 其中当地环境条件和地理距离对细菌群落变异的

影响程度主要由采样尺度所决定^[17-18]。此前我们在象山海域沉积物细菌群落分布特征的研究中已发现, 地理距离是该海域沉积物细菌群落组成的主要影响因素^[19]。

本研究在宁波象山海域沿环境梯度从近岸到远岸设置 7 个站位, 分别在冬、夏季采集表层沉积物样品, 应用 16S rRNA 基因扩增子高通量测序分析不同季节、不同站位沉积物的细菌群落构成, 比较其时空分布差异, 旨在探究季节对细菌群落 α -多样性的影响、细菌群落组成的季节差异以及季节和地理距离交互作用对细菌群落空间分布的影响。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在宁波象山近岸海域沿环境梯度选 7 个站点 A(122°1'3.88"E, 29°20'10.96"N)、B(122°3'52.51"E, 29°20'20.13"N)、C(122°14'19.20"E, 29°21'47.60"N)、D(122°23'13.14"E, 29°21'50.53"N)、E(122°29'51.74"E, 29°22'13.58"N)、F(122°40'37.20"E, 29°21'58.95"N) 和 G(122°48'0.53"E, 29°21'53.47"N), 分别于 2013 年 8 月和 2014 年 1 月采集表层 0~2 cm 沉积物样品, 每个站位取 5 个平行样品(其中有些站位只有 4 个合格样品), 共计 64 个样品。采集的样品由灭菌封

收稿日期: 2017-03-27.

宁波大学学报(理工版) 网址: <http://journalg.nbu.edu.cn/>

基金项目: 国家 863 高技术研究发展计划 (2012AA092001)。

第一作者: 钱鹏 (1992—), 男, 浙江湖州人, 在读硕士研究生, 主要研究方向: 微生物生态. E-mail: 1411091939@nbu.edu.cn

*通信作者: 张德民 (1964—), 男, 河南范县人, 博导/教授, 主要研究方向: 微生物生态. E-mail: zhangdemin@nbu.edu.cn

口袋密封储存,于-80℃冰箱低温保藏。现场实时监测海水深度、沉积物理化性质、pH、氧化还原电位、汞、砷、石油类化合物、总有机碳、总氮、总磷。指标的测定方法参照文献[20]。

1.2 DNA 提取

每个沉积物样品经充分混匀后取 0.5 g,采用 Power Soil[®] DNA 试剂盒(Mobio, 美国)提取总 DNA。用 NanoDrop ND-2000 型核酸定量仪(Thermo, 美国)测定 DNA 的浓度和纯度。提取后的 DNA 放置于-80℃冰箱保存。

1.3 细菌 16S rRNA 基因扩增和 Illumina MiSeq 测序

取纯化后的 DNA 作为扩增模板,对细菌 16S rRNA 基因的 V4 可变区(515 F: 5'-GTGCCAGCM GCCGCGGTAA-3'和 806 R: 5'-GGACTACHVGG GTWTCTAAT-3',引物带有 10 个碱基的 barcode 序列和测序接头)进行 PCR 扩增。每个样品进行 3 次独立的 PCR 扩增,将扩增产物混合,用 PCR 产物纯化试剂盒(TaKaRa Biotech, Japan)纯化,Quant-It Pico Green 试剂盒定量(Invitrogen, Carlsbad, CA),所有样品的 PCR 产物等摩尔量混合,由北京诺禾致源公司通过 Illumina MiSeq 测序平台高通量测序。

1.4 测序数据处理

本研究中的序列数据已上传至 Sequence Read Archive of DDBJ (<http://www.ddbj.nig.ac.jp>)网站,登录号为 DRA004877。测序数据利用 Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) 1.8.0 进行质量控制和嵌合体去除^[21-22]。利用 Uclust 算法将相似性大于 97%的序列划分为同一个分类操作单元(Operational Taxonomic Units, OTUs)^[23]。选取每一个 OTU 中丰度最高的序列作为该 OTU 的代表序

列^[24],与 Greengenes 数据库(gg_13_8)进行比对获得 OTU 的分类地位信息。原始测序数据经上述步骤处理后,共得到 2 026 088 条高质量序列,利用 Uclust 聚类生成 33 344 个 OTUs,单个样品的序列数目在 9 623~79 524 之间,样品统一标准化为 9 620 条序列后进行下游分析。

1.5 数据分析

利用 QIIME 1.8.0 计算每个样品的 α -多样性指数(丰富度指数、系统发育多样性指数、香农指数、均匀度指数)和 β -多样性。利用 SPSS 19.0 软件计算优势细菌在不同季节间的差异及季节、站位双因素对 α -多样性的影响。在 R 3.0.2 软件中,利用 heatmap 图分析环境因子与优势细菌科的相关性;利用相似性检验计算不同站位间细菌群落是否存在显著差异;利用 Mantel 检验计算环境因子、空间距离等变量与细菌群落的相关性;利用置换多元方差分析计算理化因子对群落变异的相对贡献。用线性模型多变量分析^[25]计算细菌群落 β -多样性和理化因子之间的相关性。利用主坐标分析法分析细菌群落结构差异,并建立样品系统发育相似性与地理距离相关性的线性模型。

2 结果

2.1 沉积物理化性质

2013 年 8 月沉积物理化性质及 2014 年 1 月 G 点沉积物理化性质数据未检测。2014 年 1 月站位 A~F 中,海水深度、氧化还原电位和石油类化合物不同站位间有显著差异(表 1)。沉积物站位的海水深度从 9.0 m 逐渐增加到 38.1 m,随着站位离岸距离的增大而增加;氧化还原电位从 75.5 逐渐降低

表 1 采样点冬季沉积物理化参数

参数	A 站位	B 站位	C 站位	D 站位	E 站位	F 站位
pH	6.81±0.04 ^a	6.91±0.03 ^b	6.89±0.03 ^{ab}	6.88±0.03 ^{ab}	6.86±0.05 ^{ab}	6.85±0.04 ^{ab}
氧化还原电位	75.50±5.00 ^c	62.80±4.66 ^{bc}	71.00±3.39 ^{dc}	67.20±2.68 ^{cd}	57.00±2.00 ^{ab}	58.00±2.68 ^a
汞/(mg·kg ⁻¹)	0.05±0.01 ^a	0.05±0.01 ^a	0.05±0.01 ^a	0.05±0.01 ^a	0.04±0.01 ^a	0.04±0.01 ^a
砷/(mg·kg ⁻¹)	5.20±0.07 ^a	5.19±0.12 ^a	5.24±0.11 ^a	5.19±0.19 ^a	5.00±0.07 ^a	5.13±0.07 ^a
总有机碳/(mg·kg ⁻¹)	0.70±0.03 ^a	0.69±0.06 ^a	0.64±0.07 ^a	0.67±0.05 ^a	0.70±0.03 ^a	0.67±0.01 ^a
石油类化合物/(mg·kg ⁻¹)	93.90±6.87 ^a	92.26±7.01 ^a	96.90±2.38 ^a	71.20±10.38 ^b	79.27±9.95 ^b	67.52±1.86 ^b
总磷/(mg·kg ⁻¹)	329.1±10.0 ^a	306.4±7.4 ^a	323.8±13.0 ^a	325.1±35.1 ^a	323.7±17.8 ^a	327.2±15.0 ^a
总氮/(mg·kg ⁻¹)	678.7±42.9 ^b	642.4±34.8 ^a	668.4±28.4 ^{ab}	696.3±12.2 ^b	669.2±17.4 ^{ab}	660.5±27.5 ^{ab}
海水深度/m	9.00 ^a	9.80 ^b	10.60 ^c	16.40 ^d	25.20 ^e	38.10 ^f

注:不同的字母上标表示组间有显著性差异(Tukey HSD 检验, $P<0.05$)。

至 58.0; 石油类化合物从 $93.9 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 降低至 $67.5 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 有随离岸距离增加而减小的趋势; 而 pH 和总氮仅在 A 和 B 站之间呈现显著差异; 汞、砷、总磷和总有机碳含量在不同站位间无显著差异。

2.2 细菌群落 α -多样性

夏季系统发育多样性指数($F=7.919$, $P=0.007$)和均匀度指数($F=8.238$, $P=0.001$)均显著低于冬季, 其中 B 站位夏季的香农指数和均匀度指数均显著低于冬季, F 站位夏季系统发育多样性指数显著低于冬季, 其他站位不同季之间 α -多样性指数均无显著差异。不同站位间, 丰富度指数($F=2.999$, $P=0.014$)、系统发育多样性指数($F=2.481$, $P=0.035$)、香农指数($F=6.115$, $P<0.001$)以及均匀度指数($F=4.909$, $P=0.031$)均呈现显著差异。在站位和季节的交互作用下, 仅均匀度指数存在显著差异($F=2.552$, $P=0.031$)(表 2)。

表 2 浮游细菌群落 α -多样性指数

站季	丰富度	系统发育多	香农	均匀度
点节	指数	样性指数	指数	指数
A 夏	2 941±104	213.2±5.0	9.654±0.109	0.839±0.007
冬	2 981±108	215.4±4.2	9.816±0.173	0.851±0.010
B 夏	3 016±83	220.0±6.0	9.760±0.093*	0.845±0.006*
冬	3 188±167	225.8±8.7	10.005±0.129*	0.856±0.006*
C 夏	3 034±96	219.6±4.2	9.766±0.051	0.845±0.006
冬	2 902±221	215.4±12.2	9.629±0.285	0.837±0.016
D 夏	3 040±159	219.2±8.4	9.734±0.156	0.842±0.008
冬	2 984±113	225.5±5.7	9.626±0.124	0.834±0.008
E 夏	2 885±182	211.5±8.1	9.504±0.239	0.827±0.015
冬	2 815±102	218.6±5.3	9.472±0.132	0.827±0.013
F 夏	2 880±124	207.1±3.9*	9.407±0.128	0.819±0.007
冬	3 026±196	220.6±9.8*	9.591±0.181	0.831±0.009
G 夏	3 046±138	217.6±9.9	9.557±0.222	0.824±0.013
冬	3 138±119	223.9±4.1	9.767±0.112	0.841±0.007

注: *表示具有显著性差异($P<0.05$)。

2.3 细菌群落组成分析

在沉积物样品序列中, 99.3%的序列可以鉴定到门, 其主要优势细菌类群(平均相对丰度 $>1\%$)为 γ -变形菌纲(32.0%)、 δ -变形菌纲(24.2%)、酸杆菌门(6.6%)、 α -变形菌纲(6.1%)、绿弯菌门(5.1%)、拟杆菌门(5.0%)、浮霉菌门(4.3%)、放线菌门(3.4%)、芽单胞菌门(3.3%)、硝化螺菌门(2.8%)、 β -变形菌纲

(1.5%)、疣微菌门(1.4%)和 WS3(1.4%)。其中夏季 γ -变形菌纲($F=10.181$, $P=0.002$)、拟杆菌门($F=4.053$, $P=0.048$)和浮霉菌门($F=5.474$, $P=0.023$)的相对丰度显著高于冬季, 而冬季的芽单胞菌门($F=6.056$, $P=0.017$)和硝化螺菌门($F=11.840$, $P=0.001$)的相对丰度显著高于夏季。在科水平上, 鱼立克次氏体科(Piscirickettsiaceae, 15.7%)、脱硫叶菌科(Desulfobulbaceae, 5.0%)、Marinicellaceae(3.1%)、脱硫杆菌科(Desulfobacteraceae, 3.4%)、热脱硫弧菌科(Thermodesulfobionaceae, 2.2%)、互营杆菌科(Syntrophobacteraceae, 2.0%)为主要的优势菌群。冬季环境理化因子与优势科细菌的相关性如图 1 所示。从图 1 可知, 细菌群落的结构与站位海水深度、氧化还原电位和石油类化合物显著相关。其中主要优势细菌鱼立克次氏体科与海水深度呈显著负相关, Marinicellaceae、脱硫杆菌科和 Desulfuromonadaceae 与海水深度呈正相关, 与氧化还原电位和石油类化合物呈负相关。热脱硫弧菌与海水深度呈负相关, 与氧化还原电位呈正相关。

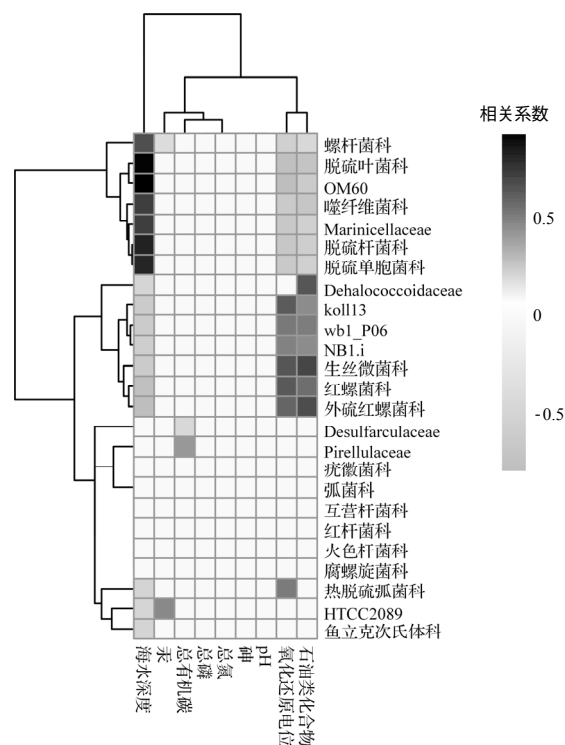


图 1 冬季环境理化因子与优势细菌科相对丰度的相关性

2.4 细菌群落夏冬两季空间分布特征

主坐标分析表明, 细菌群落在夏冬两季的空间分布差异明显, 且季节的空间变异随站位的变

化而渐变(图 2)。相似性检验分析发现, 夏冬两季之间细菌群落组成差异显著($R=0.371$, $P=0.001$), 不同站位之间同样差异显著($R=0.583$, $P=0.001$)(表 3)。置换多元方差分析发现, 季节对细菌群落的空间分布的贡献度($R^2=0.053$, $P=0.005$)明显小于站位($R^2=0.276$, $P=0.001$)的贡献度。空间距离与细菌群落相似性的线性关系符合距离衰退模型, 夏季线性拟合函数为 $y = -0.0005x + 0.858$, 冬季线性拟合函数为 $y = -0.0016x + 0.899$ 。冬季群落的相似性与地理距离的相关性($R=-0.800$, $P<0.001$)明显强于夏季($R=-0.236$, $P<0.001$)(图 3 和图 4)。

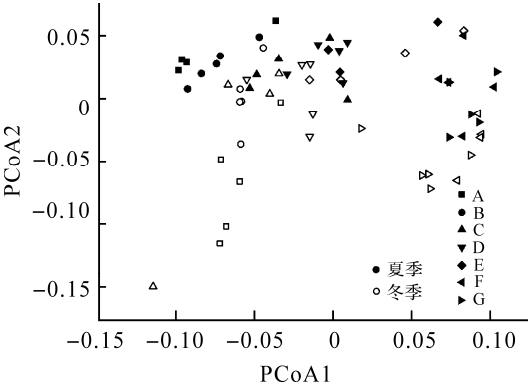


图 2 沉积物细菌群落组成变异的主坐标分析

表 3 细菌群落双因素相似性分析结果

站点	A	B	C	D	E	F
B	0.224					
C	0.274*	0.172*				
D	0.588*	0.592*	0.104			
E	0.698*	0.675*	0.188	0.089		
F	0.984*	1.000*	0.783*	0.883*	0.609*	
G	0.946*	0.998*	0.740*	0.829*	0.684*	0.216*

注: *表示具有显著性差异($P<0.05$)。

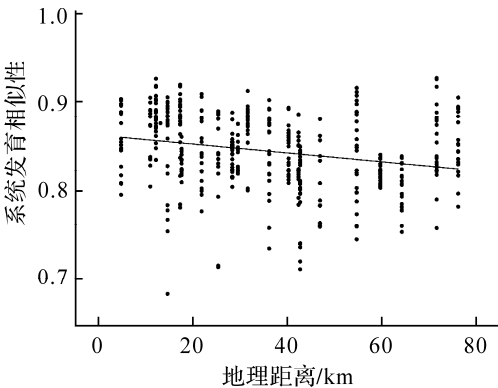


图 3 夏季细菌群落相似性—距离衰退模型

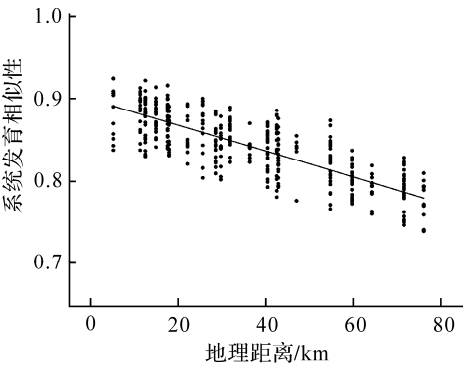


图 4 冬季细菌群落相似性—距离衰退模型

2.5 冬季细菌群落空间分布与理化因子的关系

冬季环境因子与细菌群落组成的 Mantel 分析(表 4)显示, 空间距离($R=0.750$, $P=0.001$)、海水深度($R=0.708$, $P=0.001$)、氧化还原电位($R=0.489$, $P=0.001$)以及石油类化合物($R=0.410$, $P=0.001$)均与细菌群落间的结构组成(β -多样性)显著相关。当控制地理距离(排除空间距离对理化因子和群落组成间相关性的影响)时, 仅氧化还原电位($R=0.133$, $P=0.044$)与细菌群落间结构组成显著相关。多元线性模型(表 5)分析表明, 海水深度($F=12.731$, $P=0.001$)、氧化还原电位($F=8.078$, $P=0.001$)和石油类化合物($F=7.147$, $P=0.001$)均对细菌群落间结构组成有显著影响, 且海水深度最显著, 可解释 33.74% 的群落变异。

表 4 环境因子变化与细菌群落 β -多样性变化相关性分析

参数	R	P	控制	R	P
地理距离	0.750	0.001	海水深度	0.404	0.002
海水深度	0.708	0.001	地理距离	0.141	0.061
氧化还原电位	0.489	0.001	地理距离	0.133	0.044
石油类化合物	0.410	0.001	地理距离	0.024	0.340
砷	-0.080	0.852	地理距离	-0.094	0.868
汞	0.145	0.051	地理距离	0.081	0.151
总有机碳	-0.136	0.912	地理距离	-0.101	0.830
总磷	-0.072	0.769	地理距离	-0.024	0.530
总氮	-0.027	0.599	地理距离	-0.079	0.904
pH	0.088	0.170	地理距离	0.059	0.229

注: R 为沉积物理化因子与细菌群落在 Mantel 检验下的相关性系数。

表 5 细菌群落与环境变量多元线性模型分析(单独分析)

参数	F	P	变解释度
海水深度	12.731	0.001	33.74
氧化还原电位	8.078	0.001	24.42

续表

参数	<i>F</i>	<i>P</i>	变化解释度
石油类化合物	7.147	0.001	22.23
砷	1.060	0.322	4.07
汞	0.992	0.364	3.82
总有机碳	0.828	0.525	3.20
总磷	0.805	0.487	3.12
总氮	0.682	0.647	2.65
pH	0.541	0.842	2.12

注: 结果为每个变量单独分析, 不考虑其他变量。

表 6 细菌群落与环境变量多元线性模型分析(连续分析)

参数	<i>F</i>	<i>P</i>	变化解释度	总解释度
海水深度	12.731	0.001	33.74	33.74
石油类化合物	1.329	0.165	3.48	37.22
总有机碳	1.364	0.139	3.52	40.73
总氮	0.908	0.532	2.35	43.08
氧化还原电位	1.023	0.405	2.64	45.73
总磷	0.842	0.635	2.19	47.92
汞	0.845	0.601	2.22	50.14
pH	0.787	0.651	2.09	52.23
砷	0.569	0.910	1.55	53.77

注: 结果为依次取解释度最高的变量为基础, 分析剩余变量。

3 讨论

3.1 季节显著影响沉积物细菌群落的 α -多样性

本研究中夏季细菌群落 Phylogenetic Diversity 和 Evenness 均显著低于冬季。Lu 等^[26]通过研究浙江南部河口沉积物样品同样发现夏季细菌群落 α -多样性低于冬季。据 Dang 等^[27]报道, 细菌群落 α -多样性会受到温度、人为扰动、气流、潮汐、海浪、光照强度等因素的影响。象山海域冬季温度下降, 部分适宜低温生长的稀有细菌种属丰度上升, 使群落内低相对丰度种属细菌丰度上升; 而另一部分适宜高温生长的细菌丰度虽然下调, 但是并未消亡, 使群落内相对高丰度种属细菌丰度有所下降^[27], 导致冬季细菌群落优势类群与稀有种属丰度差减小, Phylogenetic Diversity 和 Evenness 上升。

3.2 沉积物细菌群落优势类群主要取决栖息地特性

象山海域沉积物细菌群落门纲水平上, γ -变形菌纲、 δ -变形菌纲、酸杆菌门和 α -变形菌纲占主导地位。在中国南海^[28]、挪威峡湾^[29]、叙尔特岛海域^[30]等近岸海域沉积物中同样发现 γ -变形菌纲、 δ -变形

菌纲、酸杆菌门和 α -变形菌纲为主要优势类群, 说明细菌群落的优势类群主要由栖息地的特性所决定^[31]。而夏冬两季沉积物细菌群落的部分优势类群相对丰度存在显著差异, 可能是夏冬两季之间的温度差异造成。温度不仅能够导致非生命环境条件(溶解氧、pH 等)的变化, 还能直接改变部分细菌的代谢速率和生物化学进程^[32-33]。细菌个体的代谢需求变化会导致生态进程速率改变, 从而影响细菌群落组成。

在科水平上, 鱼立克次体科占据主导地位, 且与海水深度呈显著负相关。鱼立克次体科共包含解环菌属(*Cycloclasticus*)、氢弧菌属(*Hydrogenovibrio*)、*Sulfurivirga*、*Thioalkalimicrobium*、噬甲基菌属(*Methylophaga*)、硫微螺菌属(*Thiomicrospira*)和鱼立克次氏体属(*Piscirickettsia*) 7 个生态功能各异的属^[34]。因 16S rRNA 序列在与 Greengenes 数据库比对时, 未能将该序列鉴别到属水平, 鱼立克次体科在该海域大量存在的原因还有待进一步研究。脱硫叶菌科、脱硫杆菌科和互营杆菌科的相对丰度均与海水深度和石油类化合物显著相关。这 3 种细菌均为硫酸盐还原菌家族中的重要成员, 在海洋沉积物中大量存在^[35-36]。脱硫叶菌科中的部分成员还能介导硫的氧化^[37]。象山海域工农业污染严重, 富含硫酸盐会进一步激发沉积物中硫的还原过程^[38-39], 使硫代谢相关菌群占据群落优势地位。吴健等^[40]发现石油类化合物在中国近海沉积物中有随深度加深而减小的趋势, 且石油类化合物在沉积物中的富集能够为硫还原细菌提供电子供体^[41], 从而影响硫还原家族细菌的相对丰度。Marinicellaceae 为 Marinicellales 的重要成员, Marinicellales 被发现大量存在于海参粪便中^[41], 象山海域高密度水产养殖可能导致 Marinicellaceae 丰度上升。

3.3 细菌群落空间周转率的季节性差异

夏冬两季细菌群落组成空间变异均符合相似性—距离衰减模型^[42]。夏季群落空间周转率(空间变化速率)明显低于冬季。沉积物中微生物空间分布的差异主要与细菌的扩散和迁移特性有关, 水流潮汐等活动所引起表层沉积物细菌的扩散和迁移具有随机性^[43]。随机扩散的细菌群落到达不同的栖息地后, 环境因子的差异使部分细菌不适宜在新的栖息地生存^[44], 从而使细菌群落的相似性

随着地理距离的增加而显著降低,导致沉积物细菌群落的组成符合相似性—距离衰退模型。同时,细菌群落的空间周转率会受到环境理化因子的影响,如冬季气温下降,海水对流混合作用强烈,表层沉积物随水团运动再悬浮、再沉淀,导致不同站位底栖环境条件差异较大。夏季增温后,海水垂直稳定性增强,整体上不同站位的底栖环境稳定性高,从而导致象山海域沉积物夏季不同站位间氧化还原电位和 pH 的差异低于冬季^[45],使得夏季群落空间周转率较低。

3.4 冬季沉积物细菌群落组成与海水深度显著相关

地理距离、海水深度、氧化还原电位和石油类化合物均与细菌群落组成空间变异显著相关,其中地理距离因素占主导地位(表 4)。对理化因子做前向选择处理,发现仅海水深度对群落变化有显著影响(表 5)。Hanson 等^[14]研究表明,海水深度是表层沉积物中细菌组成分布的重要控制因子,能在很大程度上影响沉积物中氧含量、氧化还原电位、压力等理化指标,栖息地的理化因子能够直接影响细菌的生存环境^[46-47],氧化还原电位能够反映沉积物的溶氧含量,而氧含量能够直接影响好氧和厌氧细菌的分布,从而调控细菌优势类群在沉积物中的分布。石油类化合物在中国近海沉积物中随深度加深而减小^[39],且能为硫还原细菌提供电子供体^[40],影响细菌群落组成。因此,海水深度与冬季沉积物细菌群落组成显著相关,这与文献[19]的研究结果一致。

4 结论

在本研究聚焦的环境梯度上,宁波象山海域沉积物细菌群落的时空分布同时受到地理距离、季节和环境因子的影响,其中地理距离因素占主导地位,且地理距离对群落时空分布的影响冬季明显高于夏季。冬季沉积物细菌群落组成与海水深度显著相关。由于本研究只关注一个线性梯度,对该海域的代表性有限,因此,将此结论外推要谨慎。在今后的研究中,需采用辐射状多断面采样来验证和发展本研究的结论。

参考文献:

[1] 蔡惠文,孙英兰,张学庆.象山港网箱养殖对海域环境的影响及其养殖环境容量研究[J].环境工程学报,

2006,7(11):71-76.

- [2] LI W, YANG H, GAO Q, et al. Residues of organochlorine pesticides in water and suspended particulate matter from Xiangshan Bay, East China Sea[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 2012, 89(4):811-815.
- [3] WANG X, XU H, ZHOU Y, et al. Spatial distribution and sources of polychlorinated biphenyls in surface sediments from the Zhoushan Archipelago and Xiangshan Harbor, East China Sea[J]. Marine Pollution Bulletin, 2016, 105(1):385-392.
- [4] 国家海洋局. 2013 年中国海洋环境状况公报[EB/OL]. [2017-01-13]. http://www.soa.gov.cn/zwgk/hygb/zghyhjzlg/201403/t20140324_31065.html.
- [5] BAUER J E, CAI W J, RAYMOND P A, et al. The changing carbon cycle of the coastal ocean[J]. Nature, 2013, 504(7478):61-70.
- [6] LLOYD K G, SCHREIBER L, PETERSEN D G, et al. Predominant archaea in marine sediments degrade detrital proteins[J]. Nature, 2013, 496(7444):215-218.
- [7] LIU J, LIU X, WANG M, et al. Bacterial and archaeal communities in sediments of the north Chinese marginal seas[J]. Microbial Ecology, 2015, 70(1):105-117.
- [8] HEWSON I, JACOBSON-MEYERS M E, FUHRMAN J A. Diversity and biogeography of bacterial assemblages in surface sediments across the San Pedro Basin, Southern California borderlands[J]. Environmental Microbiology, 2007, 9(4):923-933.
- [9] BARGIELA R, MAPELLI F, ROJO D, et al. Bacterial population and biodegradation potential in chronically crude oil-contaminated marine sediments are strongly linked to temperature[EB/OL]. [2017-01-13]. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4484246>.
- [10] LUNA G M, DELLANNO A, GIULIANO L, et al. Bacterial diversity in deep Mediterranean sediments: Relationship with the active bacterial fraction and substrate availability[J]. Environmental Microbiology, 2004, 6(7):745-753.
- [11] GRAVES C J, MAKRIDES E J, SCHMIDT V T, et al. Functional responses of salt marsh microbial communities to long-term nutrient enrichment[J]. Applied & Environmental Microbiology, 2016, 82(9):2862-2871.
- [12] TREUSCH A H, VERGIN K L, FINLAY L A, et al. Seasonality and vertical structure of microbial communities in an ocean gyre[J]. ISME Journal, 2009, 3(10):1148-1163.
- [13] HERLEMANN D P, LABRENZ M, JÜRGENS K, et al.

- Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea[J]. *ISME Journal*, 2011, 5(10):1571-1579.
- [14] HANSON C A, FUHRMAN J A, HORNERDEVINE M C, et al. Beyond biogeographic patterns: Processes shaping the microbial landscape[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, 10(7):497-506.
- [15] FUHRMAN J A, HEWSON I, SCHWALBACH M S, et al. Annually reoccurring bacterial communities are predictable from ocean conditions[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(35):13104-13109.
- [16] ANDERSSON A F, RIEMANN L, BERTILSSON S. Pyrosequencing reveals contrasting seasonal dynamics of taxa within Baltic Sea bacterioplankton communities[J]. *ISME Journal*, 2010, 4(2):171-181.
- [17] MARTINY J B, BOHANNAN B J, BROWN J H, et al. Microbial biogeography: Putting microorganisms on the map[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, 4(2):102-112.
- [18] MARTINY J B, EISEN J A, PENN K, et al. Drivers of bacterial beta-diversity depend on spatial scale[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(19):7850-7854.
- [19] XIONG J, YE X, WANG K, et al. Biogeography of the sediment bacterial community responds to a nitrogen pollution gradient in the East China Sea[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 2014, 80(6):1919-1925.
- [20] GB17378.5-2007, 海洋监测规范第5部分: 沉积物分析[S].
- [21] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5):335-336.
- [22] BOKULICH N A, SUBRAMANIAN S, FAITH J J, et al. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(1):57-59.
- [23] EDGAR R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. *Bioinformatics*, 2010, 26(19):2460-2461.
- [24] JR D S, HUGENHOLTZ P, KELLER K, et al. NAST: A multiple sequence alignment server for comparative analysis of 16S rRNA genes[J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, 34:394-399.
- [25] BLANCHET F G, LEGENDRE P, BORCARD D. Forward selection of explanatory variables[J]. *Ecology*, 2008, 89(9):2623.
- [26] LU X M, CHEN C, ZHENG T L, et al. Temporal-spatial variation of bacterial diversity in estuary sediments in the south of Zhejiang Province, China[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100(6):2817-2828.
- [27] DANG H, ZHANG X, SUN J, et al. Diversity and spatial distribution of sediment ammonia-oxidizing crenarchaeota in response to estuarine and environmental gradients in the Changjiang Estuary and East China Sea[J]. 2008, 154:2084-2095.
- [28] POMMIER T, NEAL P R, GASOL J M, et al. Spatial patterns of bacterial richness and evenness in the NW Mediterranean Sea explored by pyrosequencing of the 16S rRNA[J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2010, 61(3):221-233.
- [29] DU J, XIAO K, HUANG Y, et al. Seasonal and spatial diversity of microbial communities in marine sediments of the South China Sea[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2011, 100(3):317-331.
- [30] GILLAN D C, DANIS B, PERNET P, et al. Structure of sediment-associated microbial communities along a heavy-metal contamination gradient in the marine environment[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 2005, 71(2):679-690.
- [31] GOBET A, BÖER S I, HUSE S M, et al. Diversity and dynamics of rare and of resident bacterial populations in coastal sands[J]. *ISME Journal*, 2012, 6(3):542-553.
- [32] WANG J, SHEN J, WU Y, et al. Phylogenetic beta diversity in bacterial assemblages across ecosystems: Deterministic versus stochastic processes[J]. *ISME Journal*, 2013, 7(7):1310-1321.
- [33] BROWN J H, GILLOOLY J F, ALLEN A P, et al. Toward a metabolic theory of ecology[J]. *Ecology*, 2004, 85(7):1771-1789.
- [34] GILLOOLY J F, BROWN J H, WEST G B, et al. Effects of size and temperature on metabolic rate[J]. *Science*, 2001, 293(5538):2248-2251.
- [35] MARSHALL S H, GÓMEZ F A, KLOSE K E. The Genus *Piscirickettsia*[M]. Berlin: Springer, 2014:565-573.
- [36] LIU F, ZHANG J, SUN C, et al. The corrosion of two aluminium sacrificial anode alloys in SRB-containing sea mud[J]. *Corrosion Science*, 2014, 83(6):375-381.
- [37] BEESE-VASBENDER P F, NAYAK S, ERBE A, et al. Electrochemical characterization of direct electron uptake in electrical microbially influenced corrosion of iron by the lithoautotrophic SRB *Desulfopila corrodens*, strain IS4[J]. *Electrochimica Acta*, 2015, 167:321-329.
- [38] MALKIN S Y, RAO A F, SEITAJ D, et al. Natural occurrence of microbial sulphur oxidation by long-range

- electron transport in the seafloor[J]. ISME Journal, 2014, 8(9):1843-1854.
- [39] HE H, ZHEN Y, MI T, et al. Community composition and distribution of sulfate- and sulfite-reducing prokaryotes in sediments from the Changjiang Estuary and adjacent East China Sea[J]. Estuarine Coastal & Shelf Science, 2015, 165:75-85.
- [40] 吴健, 谭娟, 王敏, 等. 某石油污染滩涂沉积物中总石油烃和多环芳烃组成分布特征及源解析[J]. 安全与环境学报, 2016(1):282-287.
- [41] LEI W, XU H, ZHENG T L. Responses of bacterial and archaeal communities to nitrate stimulation after oil pollution in mangrove sediment revealed by Illumina sequencing[J]. Marine Pollution Bulletin, 2016, 109(1): 281-289.
- [42] YAMAZAKI Y, MEIRELLES P M, MINO S, et al. Individual *Apostichopus japonicus* fecal microbiome reveals a link with polyhydroxybutyrate producers in host growth gaps[EB/OL]. [2017-01-16]. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4764845>.
- [43] ZHOU J, KANG S, CHRISTOPHER W, et al. Spatial scaling of functional gene diversity across various microbial taxa[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2008, 105(22):7768-7773.
- [44] AUGSPURGER C, KARWUTZ C, MÜßMANN M, et al. Drivers of bacterial colonization patterns in stream biofilms[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, 72(1):47-57.
- [45] MOUQUET N, LOREAU M. Community patterns in source-sink metacommunities[J]. The American Naturalist, 2003, 162:544-557.
- [46] 毛硕乾, 林霞, 罗杨, 等. 象山港小型底栖动物群落结构及其与环境因子的相关性[J]. 生态学报, 2016, 36(5): 1442-1452.
- [47] CRAIG E N, ALICE L A, ELIZABETH A M, et al. Depleted dissolved organic carbon and distinct bacterial communities in the water column of a rapid-flushing coral reef ecosystem[J]. ISME Journal, 2011, 5(8):1374-1387.

Seasonal distribution characteristics of bacterial communities of coastal surface sediments of Xiangshan, Ningbo

QIAN Peng¹, WANG Si-peng¹, LIANG Chun-ling¹, ZHANG Hua-jun¹, WANG Kai¹,
LIU Lian², FEI Yue-jun², ZHANG De-min^{1*}

(1. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China;

2. Marine Environmental Monitoring Center of Ningbo, Ningbo 315012, China)

Abstract: In the summer of 2013 and the winter of 2014, the surface sediments of 7 stations in the Xiangshan area of coastal Ningbo were collected respectively. The seasonal distribution characteristics of bacterial communities of coastal surface sediments were identified, using 16S rRNA gene amplicon MiSeq sequencing. The current study shows that bacterial community of sediments mainly consisted of Gammaproteobacteria, Deltaproteobacteria, Acidobacteria, Alphaproteobacteria, Chloroflexi and Bacteroidetes. The Phylogenetic diversity and Evenness of the bacterial communities in the summer were significantly lower than those in the winter. The bacterial distribution pattern was simultaneously influenced by geographic distance and season. In contrast, the effect of geographical distance on the bacterial biogeographic pattern in the winter was significantly greater than that in the summer. In addition, the spatial variability of the bacterial community of sediments was also correlated with water depth. In conclusion, the spatial distribution of bacterial communities in coastal surface sediments of Xiangshan area of coastal Ningbo was shaped by geographic distance, seasonality and environmental factors. Geographic distance was the major factor with a greater impact in the winter, compared with another two factors.

Key words: coastal sediment; bacterial community; biogeography; season

(责任编辑 史小丽)