

# 宁波陆源入海排污口优势菌群的数量、组成分析与研究

姜 南<sup>1</sup>, 李春丽<sup>1</sup>, 周 君<sup>1</sup>, 王中华<sup>1</sup>, 李太武<sup>2\*</sup>, 苏秀榕<sup>1</sup>

(1. 宁波大学 海洋学院, 浙江 宁波 315211; 2. 宁波城市职业技术学院, 浙江 宁波 315100)

**摘要:** 研究了宁波地区海域 2011 年 3 月、5 月、8 月、10 月的排污口污水水体中可培养细菌的数量、组成及其分布, 探讨了优势菌群与当地环境的相关关系。结果表明: 各地区细菌分布各月份性差异明显, 5 月份、8 月份细菌数量明显高于 3 月与 10 月, 其均值数量级能达到  $10^6$  cfu·mL<sup>-1</sup>; 象山、余姚地区排污口细菌数量高于奉化、宁海、北仑地区, 细菌数量最高均值为 8 月份象山地区排污口( $4.7 \times 10^6$  cfu·mL<sup>-1</sup>)。优势菌群分布具有季节性分布特征: 3 月份特有优势菌群为假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)与海单胞菌属(*Marinomonas* sp.); 5 月份为假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)、海单胞菌属(*Marinomonas* sp.)与弧菌属(*Vibrio* sp.); 8 月份为泛菌属(*Pantoea* sp.)、弧菌属(*Vibrio* sp.)、肠杆菌属(*Enterobacter* sp.); 10 月份为不动杆菌属(*Acinetobacter* sp.)、弧菌属(*Vibrio* sp.)、希瓦氏菌属(*Shewanella* sp.)。多维尺度分析表明: 临近海域类型与排污口类型为排污口细菌群落变化的两个关键因素。

**关键词:** 宁波地区海域; 陆源入海排污口; 优势菌群; 多维尺度分析

中图分类号: Q938.1

文献标志码: A

文章编号: 1001-5132 (2013) 02-0022-06

陆源入海排污口是指将生活、生产污水排入大海的出口, 且排污口的大小、形状各异。近年来, 随着社会生产力的不断发展及人民生活水平的不断提高, 陆源入海排污口及邻近海域的生态环境日益恶化。在我国实施《海洋环境保护法》和《环境保护法》多年以来, 污染物排放的状况仍然如此, 尤其是超标排放现象仍然十分突出, 说明我国对污染物排放的控制能力仍然较弱。2010 年, 全国陆源入海排污口监测结果显示, 84% 的入海排污口超标排放污染物, 陆源排海污水总量(含部分入海排污河径流)约 317 亿吨, 主要入海污染物约 1463 万吨。如此严重的污染必然对排污口及邻近海域的生态环境及微生物群落构成严重威胁。

宁波市位于我国海岸线中段, 海域面积 9760 km<sup>2</sup>, 主要海域包括杭州湾南岸、甬江口、象山港、三门湾及北仑至大榭附近海域。宁波海域分布 12 个主要排污口, 据 2010 年监测结果显示, 排污口废水超标排放现象依旧普遍存在, 主要超标排放

因子包括化学需氧量(COD)、氨氮、苯胺、多氯联苯(PCBs)、重金属等<sup>[1]</sup>。

笔者以宁波陆源入海排污口为研究典型, 分别于 2011 年 3 月、5 月、8 月、10 月对各排污口的可培养细菌数量分布、种类组成进行统计分析, 挑选出各月份的优势菌群, 探讨其生长规律与特征, 为排污口的科学治理与环境质量评价提供相关依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

样品分别于 2011 年 3 月、5 月、8 月、10 月份采集。每次航至设置象山墙头、北仑三山、宁海西店、奉化下陈、宁海颜公河、余姚黄家埠等 10 个位点。在 10 个排污口的出水口及离出水口 50 m 处采集水样<sup>[2]</sup>。每次采集 4 L 水样, 保存于 4℃(不超过 24 h)运回实验室后立即分离培养。10 处排污口相关信息详见表 1。

收稿日期: 2012-10-09.

宁波大学学报(理工版)网址: <http://nbdxlg.paperopen.com/>

基金项目: 海洋公益性行业科研专项经费项目子任务 (201105007-4)。

第一作者: 姜 南 (1987—), 男, 山东烟台人, 在读硕士研究生, 主要研究方向: 海洋环境生态。E-mail: xiaonannan.1987@163.com

\*通信作者: 李太武 (1955—), 男, 辽宁大连人, 教授, 主要研究方向: 海洋生物技术。E-mail: litaiwu@nbu.edu.cn

表1 本次研究的10处取样排污口相关信息

| 编号  | 排污口名称          | 所属地区 | 邻近海域功能区类型 | 排污口类型 |
|-----|----------------|------|-----------|-------|
| 1号  | 象山东爵溪东塘闸排污口    | 象山   | 工业型       | 养殖区   |
| 2号  | 象山水桶岙垃圾场渗透液排污口 | 象山   | 市政型       | 养殖区   |
| 3号  | 象山石浦水产加工园区排污口  | 象山   | 工业型       | 港口区   |
| 4号  | 象山西周工业园区综合排污口  | 象山   | 排污河       | 养殖区   |
| 5号  | 象山墙头综合排污口      | 象山   | 工业型       | 养殖区   |
| 6号  | 北仑三山排污口        | 北仑   | 排污河       | 养殖区   |
| 7号  | 宁海西店崔家综合排污口    | 宁海   | 工业型       | 养殖区   |
| 8号  | 奉化市下陈排污口       | 奉化   | 排污河       | 养殖区   |
| 9号  | 宁海颜公河入海排污口     | 宁海   | 排污河       | 养殖区   |
| 10号 | 余姚黄家埠排污口       | 余姚   | 工业型       | 保留区   |

## 1.2 培养与计数

取100  $\mu\text{L}$  水样经10倍梯度稀释后涂布于牛肉膏蛋白胨培养平板上,于27  $^{\circ}\text{C}$ 下培养24~48 h;取1 mL水样涂布于3M Petrifilm(购于上海肯强贸易有限公司)上,培养48 h,计数。对典型菌落进行统计计数(表面缺刻、椭圆,颜色)。每个样品随机挑取(20~100)单克隆接种于24孔板中的1 mL液体培养基中,尽量按照每种类型的克隆子按比例挑取。利用16SrDNA序列分析方法对上述分离的菌株进行分型和鉴定。

## 1.3 分子鉴定

采用16SrDNA序列分析方法对分离的菌株进行分析与菌种鉴定。用10  $\mu\text{L}$  枪头吸取1  $\mu\text{L}$  菌液于19  $\mu\text{L}$  灭菌水中,放入100  $^{\circ}\text{C}$ 中进行煮沸破壁,破壁后补充PCR体系,利用细菌通用引物27F5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'、1492R 5'-CCGTCAATTCCTTTRAGTTT-3'进行PCR反应<sup>[3]</sup>,对扩增产物利用2%琼脂糖凝胶电泳检测,并将1500 bp处片段纯化进行16SrDNA测序。

## 2 结果与讨论

### 2.1 细菌数量分布及其变化

2011年3月、5月、8月、10月宁波各地区排污口细菌数量分布如图1所示。从图1可见,宁波地区陆源入海排污口细菌数量总体趋势在3月份处于较低状态,随季节变化细菌数量在5月份至8月份达到峰值,之后逐步下调。

3月份各地区细菌数量差异并不明显,均值均在 $5 \times 10^5 \text{ cfu} \cdot \text{mL}^{-1}$ 之下;随气候回暖,各地区细菌

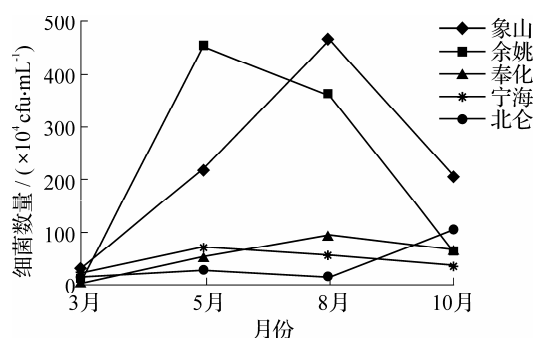


图1 2011年宁波各地区排污口3月、5月、8月、10月细菌数量分布

数量有着明显上升趋势,余姚与象山走势尤为突出,并分别在5月份和8月份达到峰值,峰值处于 $4.5 \times 10^6 \sim 5.0 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{mL}^{-1}$ 之间。分析其原因是当地排污口以工业型为主,于春节后各地工厂陆续开工,含无机氮、磷酸盐的工业废水超标排放,加之随季节变化水温升高,为细菌的生长与大量繁殖提供了有利条件。

奉化、宁海、北仑地区细菌数量走势与象山、余姚地区相比走势较平缓,宁海、奉化地区峰值出现在8月,北仑地区峰值出现在10月,细菌数量维持在 $1.0 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{mL}^{-1}$ 之下,说明此3个地区排污口水质明显好于象山、余姚,推测主要原因为其排污口类型以排污河为主,无机氮、磷酸盐等工业废弃物与工业型排污口相比含量减少,COD含量较高,对好氧性型细菌的生长繁殖起到一定的抑制作用。

由上述分析可见,陆源入海排污口的细菌数量是由水源中各种有机因子、无机因子、水体温度等因素共同作用的结果,工业型排污口的细菌数量较其他类型波动更为明显。

## 2.2 细菌种类组成及其变化

对宁波 5 个地区 10 处排污口挑取出来的菌株进行 16SrDNA 扩增并将扩增产物纯化回收, 送测序公司进行测序. 将测序结果进行比对分析, 并将代表菌株微生物学信息总结(表 2~表 5). Drancourt 等人<sup>[4-5]</sup>在研究环境与临床病原菌过程中, 提出 16SrDNA 同源序列超过 99% 的细菌为同一个种, 16SrDNA 序列同源性在 97%~99% 之间的细菌为同一个属, 16SrDNA 序列同源性小于 97% 的则为新种类. 因此, 我们根据这个规则来确定菌株的种属.

研究中, 我们发现 3 月份宁波地区排污口主要分布着 *Pseudomonas anguilliseptica*、*Marinomonas*

*pontica*、*Colwellia aestuarii*、*Vibrio splendidus*、*Arcobacter nitrofigilis*、*Shewanella baltica* 等 11 种菌的类似种, 优势菌群为假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.) 与海单胞菌属(*Marinomonas* sp.), 分别占所挑克隆子的 30% 和 22%. 5 月份宁波地区排污口主要分布着 *Acinetobacter johnsonii*、*Arcobacter defluvi*、*Enterobacter cloacae*、*Kurthia gibsonii*、*Klebsiella pneumoniae*、*Pantoea agglomerans*、*Pseudoalteromonas whanghaensis*、*Shewanella putrefaciens*、*Tenacibaculum litoreum*、*Vibrio pacinii*、*Zobellella taiwanensis* 等 34 种菌的类似种, 优势菌群为假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)、海单胞菌属(*Marinomonas* sp.) 与弧

表 2 代表性克隆子 16SrDNA 序列分析结果(2011 年 3 月)

| 代表性克隆子编号     | 相近序列登录号     | 相近种株系                                           | 相似性/% |
|--------------|-------------|-------------------------------------------------|-------|
| YSXR-1103001 | FJ161260.1  | <i>Pseudomonas anguilliseptica</i> strain D4029 | 99    |
| YSXR-1103002 | JQ336981.1  | <i>Pseudomonas veronii</i> strain MML1963       | 99    |
| YSXR-1103003 | FJ161291.1  | <i>Pseudoalteromonas marina</i> strain D5053    | 99    |
| YSXR-1103004 | HQ538767.1  | <i>Pseudoalteromonas tetraodonis</i> strain ZS2 | 99    |
| YSXR-1103005 | HM584022.1  | <i>Shewanella baltica</i> strain CAIM 865       | 97    |
| YSXR-1103006 | JQ045841.1  | <i>Marinomonas pontica</i> strain SDT1S22       | 99    |
| YSXR-1103007 | NR_043509.1 | <i>Colwellia aestuarii</i> strain SMK-10        | 99    |
| YSXR-1103008 | GQ455009.1  | <i>Vibrio splendidus</i> strain Mj33            | 99    |
| YSXR-1103009 | JQ271810.1  | <i>Citrobacter freundii</i> strain 5N09         | 99    |
| YSXR-1103010 | EU106662.1  | <i>Arcobacter nitrofigilis</i> strain F2176     | 97    |
| YSXR-1103011 | HQ284802.1  | <i>Erwinia persicinus</i> strain 5NS3           | 97    |

表 3 代表性克隆子 16SrDNA 序列分析结果(2011 年 5 月)

| 代表性克隆子编号     | 相近序列登录号     | 相近种株系                                                    | 相似性/% |
|--------------|-------------|----------------------------------------------------------|-------|
| YSXR-1105001 | JQ039983.1  | <i>Acinetobacter johnsonii</i> strain YNB71              | 97    |
| YSXR-1105004 | HQ860316.1  | <i>Acinetobacter seohaensis</i> strain TN1               | 99    |
| YSXR-1105007 | JN646768.1  | <i>Enterobacter cloacae</i> strain CICRPKSB8             | 99    |
| YSXR-1105010 | NR_043301.1 | <i>Lutibacter litoralis</i> strain CL-TF09               | 98    |
| YSXR-1105013 | JQ073811.1  | <i>Marinomonas ostreistagni</i> strain SDT4S19           | 98    |
| YSXR-1105014 | AB680865.1  | <i>Oceanobacter kriegii</i> strain NBRC 15467            | 99    |
| YSXR-1105019 | AB681916.1  | <i>Pseudoalteromonas nigrifaciens</i> strain NBRC 103036 | 98    |
| YSXR-1105023 | AB495138.1  | <i>Pseudomonas rhodesiae</i> strain LB-Z2                | 99    |
| YSXR-1105024 | AB438959.1  | <i>Psychrobacter fulvigens</i> strain KC65               | 99    |
| YSXR-1105027 | AB205572.1  | <i>Shewanella putrefaciens</i> strain T214               | 99    |
| YSXR-1105029 | JF711015.1  | <i>Stenotrophomonas rhizophila</i> strain PCA_13         | 97    |
| YSXR-1105030 | EF492004.1  | <i>Tenacibaculum litoreum</i> strain PKK                 | 99    |
| YSXR-1105031 | FJ824134.1  | <i>Vibrio pacinii</i> strain R81484                      | 99    |
| YSXR-1105032 | AB681962.1  | <i>Vibrio metschnikovii</i> strain NBRC103153            | 99    |
| YSXR-1105033 | NR_042806.1 | <i>Vibrio hispanicus</i> strain LMG13240                 | 99    |

表 4 代表性克隆子 16SrDNA 序列分析结果(2011 年 8 月)

| 代表性克隆子编号     | 相近序列登录号     | 相近种株系                                             | 相似性/% |
|--------------|-------------|---------------------------------------------------|-------|
| YSXR-1108001 | HQ180189.1  | <i>Acinetobacter tandoii</i> strain CCM 7199      | 99    |
| YSXR-1108004 | NR_025721.1 | <i>Aestuariibacter halophilus</i> strain JC2043   | 99    |
| YSXR-1108007 | JQ308343.1  | <i>Bacillus cereus</i> strain MH1                 | 99    |
| YSXR-1108008 | NR_025376.1 | <i>Comamonas nitrativorans</i> strain 23310       | 98    |
| YSXR-1108010 | JN646768.1  | <i>Enterobacter cloacae</i> strain CICRPKSB8      | 97    |
| YSXR-1108011 | JN969312.1  | <i>Enterobacter hormaechei</i> strain ac111-1     | 99    |
| YSXR-1108013 | AB681776.1  | <i>Escherichia vulneris</i> strain NBRC 102420    | 99    |
| YSXR-1108015 | JQ280388.1  | <i>Klebsiella pneumoniae</i> strain TNCSEF 1Y     | 99    |
| YSXR-1108017 | HE661627.1  | <i>Pantoea agglomerans</i> strain WP-5            | 100   |
| YSXR-1108018 | HM584041.1  | <i>Pseudoalteromonas spongiae</i> strain CAIM 941 | 99    |
| YSXR-1108020 | NR_043074.1 | <i>Shewanella aquimarina</i> strain ATCC 39565    | 99    |
| YSXR-1108022 | JF711015.1  | <i>Stenotrophomonas rhizophila</i> strain PCA_13  | 99    |
| YSXR-1108026 | JQ265819.1  | <i>Vibrio natriegens</i> strain MB20NIOT          | 99    |
| YSXR-1108029 | AF426824.1  | <i>Vibrio campbellii</i> ATCC 25920               | 98    |
| YSXR-1108030 | AB680395.1  | <i>Vibrio proteolyticus</i> strain NBRC 13287     | 97    |
| YSXR-1108031 | JQ336960.1  | <i>Vibrio harveyi</i> strain MML1920              | 98    |

表 5 代表性克隆子 16SrDNA 序列分析结果(2011 年 10 月)

| 代表性克隆子编号     | 相近序列登录号     | 相近种株系                                                  | 相似性/% |
|--------------|-------------|--------------------------------------------------------|-------|
| YSXR-1110001 | AB681769.1  | <i>Acinetobacter radioresistens</i> strain NBRC 102413 | 99    |
| YSXR-1110003 | FM999734.1  | <i>Achromobacter marplatensis</i> strain CCM3427T      | 99    |
| YSXR-1110005 | FM999731.1  | <i>Achromobacter piechaudii</i> strain CCM2986T        | 99    |
| YSXR-1110006 | HQ234379.1  | <i>Aeromonas popoffii</i> strain 53A                   | 97    |
| YSXR-1110007 | EU817037.1  | <i>Alcaligenes faecalis</i> strain NIOB 856            | 97    |
| YSXR-1110009 | AB680592.1  | <i>Brevundimonas diminuta</i> strain NBRC 14213        | 99    |
| YSXR-1110010 | JQ308343.1  | <i>Bacillus cereus</i> strain MH1                      | 99    |
| YSXR-1110012 | NR_042823.1 | <i>Collimonas pratensis</i> strain CTO 91              | 97    |
| YSXR-1110013 | JN646768.1  | <i>Enterobacter cloacae</i> strain CICRPKSB8           | 99    |
| YSXR-1110015 | AB680715.1  | <i>Flavobacterium johnsoniae</i> strain NBRC 14942     | 99    |
| YSXR-1110018 | NR_041567.1 | <i>Neptunomonas japonica</i> strain JAMM 0745          | 98    |
| YSXR-1110019 | JQ282833.1  | <i>Pseudomonas oleovorans</i> strain RKHC-25           | 99    |
| YSXR-1110020 | JQ315928.1  | <i>Pseudomonas aeruginosa</i> strain Inspire92         | 99    |
| YSXR-1110021 | AB205572.1  | <i>Shewanella putrefaciens</i> strain T214             | 98    |
| YSXR-1110023 | HM584039.1  | <i>Shewanella xiamenensis</i> strain CAIM 923          | 99    |
| YSXR-1110025 | AB681313.1  | <i>Shewanella hafniensis</i> strain NBRC 100977        | 99    |
| YSXR-1110029 | JQ336960.1  | <i>Vibrio harveyi</i> strain MML1920                   | 97    |
| YSXR-1110030 | GQ352641.1  | <i>Vibrio sp.</i> MSSRF60                              | 97    |

菌属(*Vibrio* sp.), 分别占到当月所挑克隆子的 13%、16%和 14%; 8 月份宁波排污口主要分布着 *Acinetobacter radioresistens*、*Aeromonas salmonicida*、*Alteromonas alvinellae*、*Bacillus cereus*、*Coma-*

*monas nitrativorans*、*Enterobacter hormaechei*、*Klebsiella pneumoniae*、*Pseudoalteromonas spongiae*、*Shewanella aquimarina*、*Vibrio rotiferianus*、*Vibrio harveyi*、*Vibrio natriegens* 等 32 株菌的类似种, 优

势菌群为泛菌属(*Pantoea* sp.)、弧菌属(*Vibrio* sp.)、肠杆菌属(*Enterobacter* sp.)，分别占到当月所挑克隆子的 27%、24%和 17%；10 月份宁波排污口主要分布着 *Acinetobacter radioresistens*、*Achromobacter marplatensis*、*Aeromonas popoffii*、*Brevundimonas naejangsensis*、*Bacillus cereus*、*Citrobacter youngae*、*Enterobacter ludwigii*、*Flavobacterium johnsoniae*、*Pseudomonas oleovorans*、*Shewanella putrefaciens*、*Shewanella baltica*、*Vibrio harveyi* 等 30 株菌的类似种，优势菌群为不动杆菌属(*Acinetobacter* sp.)、弧菌属(*Vibrio* sp.)、希瓦氏菌属(*Shewanella* sp.)，分别占当月所挑克隆子个数的 22%、18%和 20%。

通过研究调查发现，弧菌属(*Vibrio* sp.)细菌在全年 4 次取样中均被检测到，并且在 5 月、8 月、10 月属优势菌群，8 月份尤为突出，占到总菌数的 24%。可见弧菌的爆发有着明显季节性特征，水温偏高时(30℃)有利于弧菌生长，这与陈明霞等人<sup>[6]</sup>的研究结果相似。

*Vibrio alginolyticus* 是我国近海海域广泛存在菌种，根据韩善桥等人<sup>[7]</sup>、吴玲等人<sup>[8]</sup>、赖福才等人<sup>[9]</sup>的研究，从不同海域分离出的细菌虽然种类与数量上有差别，但 *Vibrio alginolyticus* 均为优势菌。本次研究中 *Vibrio alginolyticus* 出现在 8 月份，是弧菌属中的优势菌，象山地区排污口数量居多，分析可能与当地海域水文特征相关。

*V. natriegens*<sup>[10]</sup>、*V. furnissii*<sup>[11]</sup>、*V. harveyi*<sup>[12]</sup>、*V. sinaloensis*<sup>[13]</sup>、*V. campbellii*<sup>[14]</sup>等均为水产养殖业中及人们生活中常见致病菌，本次研究中我们在不同地区也检测到了上述菌种及其类似种，并在临近海域为养殖区的排污口处较为集中，随养殖物的不同致病菌种也随之变化。

### 2.3 多维尺度(MDS)分析

采用多维尺度(MDS)分析宁波陆源入海排污口的细菌群落差异。图 2 的 MDS 图显示，第一维方向中，水样 1 号、4 号、5 号、6 号、7 号、8 号、9 号分布在负侧，水样 10 号分布在正侧靠近中轴线处，水样 3 号分布着正侧远离中轴线处；水样 1 号、4~9 号临近海域为养殖区，水样 10 号临近海域为保留区，3 号临近海域为港口区，由此可看出养殖区排污口与港口区排污口细菌群落差异较明显，

保留区为二者过渡类型。第二维方向中，水样 1、3、5、7、10 号分布在正侧，水样 4、6、8、9 号分布在负侧靠近中轴线处，水样 2 号分布在负侧偏离中轴；水样 1、3、5、7、10 号排污口类型为工业型，水样 4、6、8、9 号排污口类型为排污河，水样 2 号排污口类型为市政型。由此可见，工业型排污口与市政型排污口差异较明显，排污河型更偏向于工业型。从整体分析图表来看，水样可以明显地分为 5 个区域。由此可推断临近海域类型与排污口类型为排污口细菌群落变化的两个关键因素。

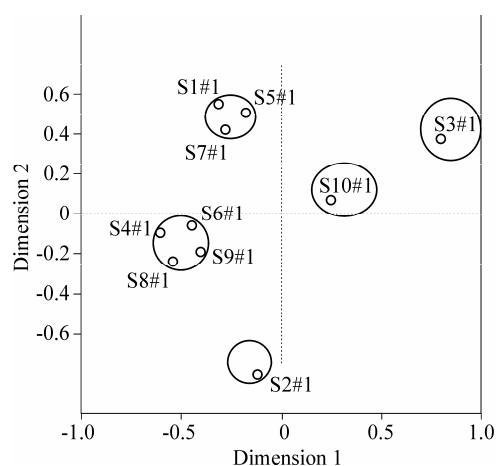


图 2 排污口细菌群落的多维尺度分析

### 3 结论

(1) 宁波地区陆源入海排污口细菌数量有着明显季节性特征，春夏季节为细菌数量高峰期，工业型排污口细菌数量要高于其他类型排污口。

(2) 细菌组成也具有季节性：3 月份优势菌群为假单胞菌属与海单胞菌属；5 月份为假单胞菌属、海单胞菌属与弧菌属；8 月份为泛菌属、弧菌属、肠杆菌属；10 月份为不动杆菌属、弧菌属、希瓦氏菌属。

(3) MDS 结果表明，近海域类型与排污口类型对排污口细菌群落的变化影响显著。

(4) 弧菌为重要致病菌，弧菌在全年研究监测中均被检测到，并随排污口类型、排污口临近海域的不同数量种类变化较大，应引起相关预防部门和预警部门的重视。

### 参考文献:

[1] 宁波市海洋与渔业局. 宁波市海洋公报概述[N]. 2011.

- [2] 国家海洋局. 海洋调查规范[M]. 北京: 海洋出版社, 1975.
- [3] 刘兵, 李太武, 苏秀榕, 等. 宁波北仑港冬季浮游细菌多样性研究[J]. 台湾海峡, 2009, 28(2):217-221.
- [4] Drancourt M, Bollet C, Carlioz A, et al. 16S ribosomal DNA sequence analysis of a large collection of environmental and clinical unidentifiable bacterial isolates[J]. J Clin Microbiol, 2000, 38(10):3623-3630.
- [5] Drancourt M, Berger P, Raoult D. Systematic 16SrRNA gene sequencing of atypical clinical isolates identified 27 new bacterial species associated with humans[J]. J Clin Microbiol, 2004, 42(5):2197-2202.
- [6] 陈明霞, 李和阳, 李刚, 等. 深圳海域弧菌种类组成、数量分布及其与环境因子的关系研究[J]. 海洋学报, 2010, 32(5):117-126.
- [7] 韩善桥, 虞积耀, 姜涛, 等. 东南沿海海域海水细菌的分布[J]. 解放军预防医学杂志, 2008, 26(1):18-21.
- [8] 吴玲, 张景隆, 倪语星, 等. 我国沿海五省市致病性弧菌的分布调查及病原学研究[J]. 中华流行病学杂志, 1998, 19(5):301-303.
- [9] 赖福才, 王前, 周一平, 等. 南海西沙海域海水细菌学调查及药敏检测[J]. 第一军医大学学报, 2004, 24(3):347-348.
- [10] 王斌, 李华, 何幽峰. 引起中国对虾红腿病的两种新病原菌的研究[J]. 大连水产学院学报, 1993, 23(8):43-48.
- [11] 闫茂仓, 陈少波, 单乐州, 等. 海水养殖动物致病弧菌的研究进展[J]. 水产科学, 2009, 28(8):475-481.
- [12] Manuela D L, Michiel S, Marcelo E, et al. Complete sequence of virulence plasmid pJM1 from the marine fish pathogen *Vibrio anguillarum* strain 775[J]. J Bacteriol, 2003, 185(19):5822-5830.
- [13] Obertsen B, Rorstad G. Enhancement of non-2 specific disease resistance in Atlantic salmon, *Salmo salar* L., by a glucan from *Saccharomyces cerevisiae* cell walls[J]. J Fish Dis, 1990, 13(5):391-400.
- [14] Alsina M, Blanch A R. A set of keys for biochemical identification of environmental vibrio species[J]. Journal of Applied Bacteriology, 1994, 76:79-85.

## Diversity and Distribution of Dominant Bacteria nearby Ningbo Land-based Drainage Discharge Outlets

JIANG Nan<sup>1</sup>, LI Chun-li<sup>1</sup>, ZHOU Jun<sup>1</sup>, WANG Zhong-hua<sup>1</sup>, LI Tai-wu<sup>2\*</sup>, SU Xiu-rong<sup>1</sup>

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

2.Ningbo City College of Vocational Technology, Ningbo 315100, China )

**Abstract:** The diversity and distribution of culturable bacteria nearby Ningbo land-based drainage discharge outlets are studied, and the relationship between the local environment and bacterial quantity was investigated. The result shows that the seasonal variation of culturable bacteria around drainage outlet is notable. The number of bacteria in May and August is higher than that in March and October, with an average value of  $10^6$  cfu/mL. In terms of area, the number of bacteria in Xiangshan and Yuyao is higher than that in Fenghua, Ninghai and Beilun, with the highest value of  $4.7 \times 10^6$  cfu·mL<sup>-1</sup>. The seasonal variations of dominant microflora close to the drainage outlets indicate that *Pseudomonas* sp. and *Marinomonas* sp. prevail in March, *Pseudomonas* sp., *Marinomonas* sp. and *Vibrio* sp. are found to be prevailing in May, *Pantoea* sp., *Vibrio* sp., *Enterobacter* sp. are dominant in August and *Acinetobacter* sp., and *Vibrio* sp., and *Shewanella* sp. are most active in October. MDS analysis shows that the types of adjacent sea areas and drainage outlets are the key factors to determine the group structure of bacteria.

**Key words:** sea areas of Ningbo; drainage outlets; dominant bacteria; multidimensional scaling

(责任编辑 章践立)