

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2026.09.011

城市湖泊沉积物细菌群落结构及对污染物的响应

侯晓辉¹, 曹昕熹^{2,3}, 李梦莹², 徐吉平¹, 崔康成¹, 李桂荣²,
杜景垚², 牛首业⁴, 贾胜勇²

(1. 河南省水利勘测设计研究有限公司, 河南 郑州 450016; 2. 郑州大学 生态与环境学院, 河南 郑州 450001; 3. 郑州大学 水利科学与工程学院, 河南 郑州 450001; 4. 河南华美生态环境科技股份有限公司, 河南 郑州 450016)

摘要: 为给城市湖泊沉积物污染治理和生态修复提供重要基础数据,以开封市龙亭湖沉积物为研究对象,分析了沉积物细菌物种多样性和群落丰度、细菌群落结构与物种相关性、细菌群落的主要环境影响因素。结果表明,随着沉积物深度的增加,碳氮磷的输入及沉积过程导致细菌物种多样性和群落丰度显著下降;不同采样点及不同深度沉积物的细菌菌属相对丰度存在显著差异,但优势菌属均为 *Paenisporosarcina*,其相对丰度最高可达 70.86%。同一采样点相邻深度沉积物细菌菌属相关性较高,而深度间隔较大的沉积物细菌菌属相关性显著降低;以各采样点最底层的沉积物为参照,细菌菌属相关性显著降低分别发生在 L1 的 100~110 cm、L2 的 80~90 cm、L3 的 70~80 cm 和 L6 的 50~60 cm 深度处,表明沿水流方向沉积物细菌菌属相关性降低现象出现的深度越来越浅,这意味着沿水流方向采样点沉积物形成过程受到外界干扰的时间越来越晚。此外,沉积物深度、有机碳和总磷含量是影响沉积物细菌菌属群落结构的主要因素。

关键词: 城市湖泊; 沉积物; 细菌; 环境因子; 群落结构

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2026)09-0073-06

Bacterial Community Structure in Urban Lake Sediments and Its Response to Pollutants

HOU Xiaohui¹, CAO Xinxi^{2,3}, LI Mengying², XU Jiping¹, CUI Kangcheng¹,
LI Guirong², DU Jingyao², NIU Shouye⁴, JIA Shengyong²

(1. Henan Water & Power Engineering Consulting Co. Ltd., Zhengzhou 450016, China;
2. School of Ecology and Environment, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China;
3. School of Hydraulic Science and Engineering, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; 4. Henan Huamei Ecological and Environment Technology Co. Ltd., Zhengzhou 450016, China)

Abstract: In order to provide important basic data for pollution control and ecological restoration of urban lake sediments, the sediments of Longting Lake in Kaifeng City was investigated. The analysis focused on bacterial species diversity and community abundance, bacterial community structure and species correlations, as well as the main environmental factors influencing the bacterial community. The

基金项目: 河南省重点研发与推广专项(科技攻关)(232102320104、212102310071、212102110112)

通信作者: 李桂荣 E-mail: 1102550354@qq.com

results showed that with increasing sediment depth, the input and deposition of carbon, nitrogen, and phosphorus led to a significant decline in bacterial species diversity and community abundance. The relative abundance of bacterial genera varied significantly in sediments with different sampling points and depths, but the dominant genus was consistently *Paenisporosarcina*, with its highest relative abundance reaching 70.86%. At the same sampling point, the correlation of bacterial genera was high in adjacent sediment depths, but significantly lower in sediments with large depth intervals. Compared with the deepest sediment layer at each sampling point, a significant decrease in bacterial genus correlation occurred at depths of 100–110 cm at L1, 80–90 cm at L2, 70–80 cm at L3, and 50–60 cm at L6. This indicated that the depth at which the significant decrease in correlation of bacterial genera became shallower along the direction of water flow, meaning that the time when sediment formation at sampling points was affected by external disturbances became progressively later along the flow direction. Furthermore, sediment depth, organic carbon content, and total phosphorus content were identified as the main factors influencing the structure of the dominant bacterial community in the sediments.

Keywords: urban lake; sediment; bacteria; environmental factor; community structure

沉积物是湖泊的重要组成部分,是细菌和多种物质转化的重要场所^[1]。沉积物细菌群落结构与沉积物的物质组成及浓度、水深、季节、所处位置密切相关^[2]。同时,沉积物细菌群落多样性随富营养化水平升高而下降,重度和中度富营养化水平下细菌群落结构存在显著差异^[3]。银川市阅海湖、鸣翠湖和犀牛湖的表层沉积物细菌群落多样性及丰富程度无显著差异,重金属种类和含量是引起湖泊沉积物细菌群落结构变化的重要因子^[4];内蒙古岱海湖沉积物(深度为0~5 cm)与水体的细菌群落结构呈现显著差异,盐度是影响湖泊中细菌多样性的主要因素^[5];山西运城盐湖不同采样点的沉积物细菌多样性和群落组成存在明显差异,总溶解固体、总氮(TN)、总碳(TC)和硫酸根含量对沉积物细菌多样性影响最大^[6];西洞庭湖表层(0~20 cm)、次表层(20~50 cm)和深层(50~100 cm)沉积物微生物群落结构存在显著差异,有机质的分布变化是导致这种差异的主要原因^[7]。然而,湖泊沉积物具有显著的纵向深度,不同深度沉积物细菌群落结构与其形成时期的环境密切相关,已有研究的微生物大多取自湖泊表层沉积物,湖泊沿纵向分层沉积物的细菌群落结构及其对污染物的响应尚未进行深入分析。

本文以开封市龙亭湖沉积物为研究对象,沿湖泊水流方向以10 cm的分层精度从水/沉积物交界面至湖泊原状黄土采集沉积物,采用16S rRNA高通量基因测序技术分析各层沉积物细菌物种的多样性、

群落丰度和属水平群落结构,通过典范对应分析解析沉积物细菌群落结构对湖泊主要环境因素的响应关系,旨在为城市湖泊沉积物污染治理和生态修复提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域与样本采集

龙亭湖位于开封老城区,连接西北湖、铁塔湖和包公湖,自西向东包括西湖、杨家湖和潘家湖三个小型湖泊。龙亭湖总水域面积为41.87 km²,周长为3.5 km,水量为72.57×10⁴ m³。本研究沿龙亭湖水流方向共设置6个采样点(如图1所示),L1、L2、L3、L4、L5和L6采样点上覆水体深度分别为200、240、240、240、70和150 cm。

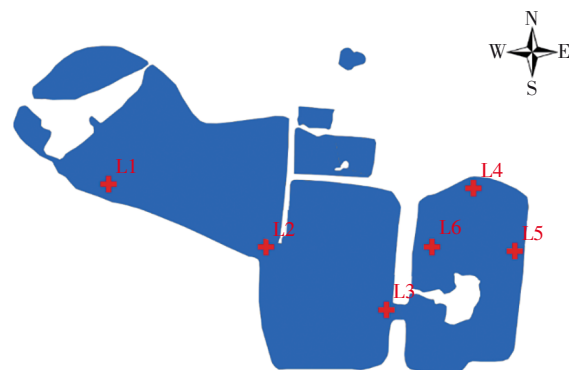


图1 龙亭湖沉积物采样点分布示意

Fig.1 Distribution of sediment sampling points in Longting Lake

采集所得柱状沉积物在现场切割为10 cm厚的

沉积物饼层,在切割过程中保持沉积物饼层形态完整,密封分装并冷冻保存。将沉积物饼层存储于 -80°C 冰箱中用于细菌群落结构检测,风干样在剔除石块、动植物残体及垃圾等杂质后研磨过100目尼龙筛,存储于洁净自封袋中待用。

1.2 分析项目及方法

采用高温燃烧法测定沉积物总碳和有机碳(OC),分别采用凯氏定氮法和碱熔-钼锑抗分光光度法测定沉积物TN和总磷(TP)^[3]。使用16S rRNA高通量基因测序技术分析沉积物细菌物种多样性、群落丰度和属水平群落结构。首先,使用E. Z. N. A.土壤DNA试剂盒从沉积物中提取DNA,使用引物341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和805R(GAC-TACHVGGGTATCTAATCC)在V3-V4区域进行PCR扩增,然后在Illumina MiSeq™/HiSeq™平台进行基因测序。使用QIIME软件分析获得的高通量测序数据,同时对序列进行降噪处理。按97%的序列相似度进行OTU划分和归并,细菌物种多样性使用Mothur软件进行分析。采用CANOCO 5.0分析沉积物细菌群落结构与主要环境因素的关系。

2 结果与讨论

2.1 沉积物细菌物种多样性和群落丰度分析

细菌是城市湖泊沉积物的重要组成部分,细菌物种多样性对湖泊生态系统生产力、功能稳定性以及养分循环和生态系统可持续性具有重要作用^[8]。高通量测序结果表明,随着沉积物深度的增加,污染物的输入和沉积过程会导致细菌物种多样性和群落丰度显著下降。不同采样点位、不同深度沉积物细菌的OTU数量存在差异,采样点L1、L2、L3和L6上层沉积物OTU值大于下层沉积物。Shannon指数越大,细菌物种多样性越高,L1、L4和L5的表层沉积物(深度为20~30 cm)细菌物种多样性明显高于其他深度,且细菌物种多样性随沉积物深度的增加而下降;L3和L6中上层沉积物细菌物种多样性显著高于其他深度,然而,L2底层沉积物细菌物种多样性高于其他深度。Chao1指数可以用来衡量细菌群落丰度,Chao1指数越大则细菌群落丰度越高。本研究中,各采样点最大细菌群落丰度集中在20~60 cm深度范围内,其中,L6在50~60 cm深度处沉积物细菌群落丰度达到2 209.11。湖泊沉积物是一个高度动态变化的系统,细菌群落的分类组成呈现重

要的空间差异,本研究中不同采样点和深度沉积物细菌的物种多样性及群落丰度的差异主要与所处湖泊位置、水流运动、上覆水体深度、沉积物污染水平密切相关。

2.2 细菌群落结构与物种相关性分析

细菌群落结构分析表明,龙亭湖沉积物细菌的优势菌门主要为Firmicutes、Proteobacteria、Chloroflexi、Actinobacteria、Planctomycetes、Bacteroidetes、Acidobacteria和Aminicenantes。在属水平上,6个采样点50个沉积物饼层中共含有480个菌属,L1、L2、L3、L4、L5和L6采样点沉积物分别有402、443、425、364、324和408个菌属,不同采样点菌属数量的显著差异可能与沉积物的形成过程、碳氮磷物质含量和水文条件密切相关^[9]。菌属数量最高的L2位于西湖和杨家湖交界处,沉积过程更易受人为活动和水流的影响。L4和L5更靠近岸边,所取沉积物深度较浅,故其所含细菌菌属数量相比其他点位更少。

本研究统计分析了每个采样点沉积物饼层中相对丰度前10的细菌菌属,结果表明,不同点位和深度的沉积物细菌菌属相对丰度存在显著差异,这与富营养化湖泊或河流如丹江口水库和黄河有很大不同^[8-9]。表层沉积物(20~30 cm)的细菌菌属主要为*Paenisporosarcina*、*Thiobacillus*和unclassified_Bacteria;浅层沉积物(30~70 cm)的细菌菌属主要为*Paenisporosarcina*、*Acinetobacter*和*Clostridium_sensu_stricto*;中层沉积物(70~110 cm)的细菌菌属主要为*Paenisporosarcina*、unclassified_Bacteria和*Bacillus*;深层沉积物(110~150 cm)的细菌菌属主要包括*Paenisporosarcina*、*Bacillus*和unclassified_Bacteria。不同点位和不同深度沉积物的细菌相对丰度最高的菌属均为*Paenisporosarcina*(相对丰度最高为70.86%),属于Firmicutes门、Planococcaceae科。据报道,Planococcaceae科的细菌可以通过分解聚合物和难降解的有机物促进水环境中营养循环^[10],*Paenisporosarcina*菌属具有嗜冷特性且具备反硝化、降解有机碳和总氮的功能,其相对丰度与沉积物中总氮和有机质含量成反比^[11]。优势菌属*Thiobacillus*与硝酸盐还原过程密切相关^[12],优势菌属*Bacillus*能将稳定态磷酸盐转化为溶解态磷,这一过程导致沉积物中的磷酸盐只是改变了形态而无法被有效去除。

污染物输入会对沉积物细菌组成产生显著影

响,推动沉积物细菌生长模式从有氧、缓慢、寡营养生长转变为厌氧、快速和共营养生长^[13]。沉积物菌属 *Brevundimonas* 和 *Lysobacter* 主要参与了沉积物中常见污染物壬基酚的降解。已有研究发现,即使存在其他碳源和细菌物种, *Arthrobacter* 菌属也能够利用工业废物(例如萘-2-磺酸、五氯酚、木质素)作为其唯一的碳源和能量来源^[14]。在大量有机碳存在的情况下, *Rhizobium* 菌属参与了沉积物矿化和生物地球化学变化^[15],而 *Planomicrobium* 菌属是虾池沉积物中的主要物种,表明该菌属与磷的相态转化和生物降解有关^[16]。

图2为沉积物细菌菌属相关性水平 Corrplot 图。1_1~1_13 分别表示采样点 L1 在深度 20~150 cm 每间隔 10 cm 的沉积物,例如 1_1 表示 L1 在深度 20~30 cm 的沉积物;2_1~2_10 分别表示采样点 L2 在深度 20~120 cm 每间隔 10 cm 的沉积物;3_1~3_12 分别表示采样点 L3 在深度 20~140 cm 每间隔 10 cm 的沉积物;4_1~4_3 分别表示采样点 L4 在深度 20~50 cm 每间隔 10 cm 的沉积物;5_1 和 5_2 分别表示采样点 L5 在深度 20~30 和 30~40 cm 的沉积物;6_1~6_10 分别表示采样点 L6 在深度 20~120 cm 每间隔 10 cm 的沉积物。椭圆代表相关性系数绝对值的大小,椭圆越小则相关性绝对值越大,左斜为正相关,图中仅显示 $p < 0.05$ 和相关性绝对值 > 0.8 的结果。

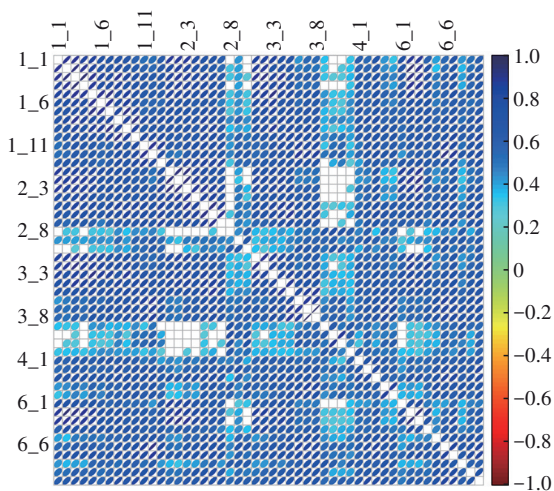


图2 沉积物细菌菌属相关性水平 Corrplot 图

Fig.2 Correlation of correlation in bacterial genera

从图2可以看出,相同点位相邻深度的沉积物细菌菌属相关性较高,不同点位、深度间隔较大的沉积物细菌菌属相关性显著降低。L1、L2、L3 和 L6 浅层沉积物细菌菌属相关性较高,这表明沿龙亭湖

水流方向不同采样点表层沉积物形成过程中受到的外界差异性影响较小。然而,以各采样点最底层的沉积物为参照(此深度处沉积物形成时间最早),L1 细菌菌属相关性在 100~110 cm 深度处显著降低,相同的现象分别发生在 L2、L3 和 L6 的 80~90、70~80 和 50~60 cm 深度处,表明沿龙亭湖水流方向,相较于各取样点最底层沉积物,沉积物细菌菌属相关性降低现象出现的深度越来越浅,这意味着沿水流方向龙亭湖沉积物形成过程受到外界干扰(水流、船舶、游客)影响的时间越来越晚。

2.3 沉积物细菌群落主要环境影响因素分析

沉积物细菌对水生态环境的变化非常敏感,细菌物种多样性和群落结构特征与环境变化密切相关^[17]。本研究选取沉积物深度、含水量,以及沉积物总碳、有机碳、总氮、总磷和 C/N 作为环境因子,采用典型相关分析探明沉积物细菌主要菌属与环境因子之间的潜在关系,结果如图3所示。1~13 分别表示采样点 L1 在深度 20~150 cm 每间隔 10 cm 的沉积物,14~23 分别表示采样点 L2 在深度 20~120 cm 每间隔 10 cm 的沉积物,24~35 分别表示采样点 L3 在深度 20~140 cm 每间隔 10 cm 的沉积物,36~38 分别表示采样点 L4 在深度 20~50 cm 每间隔 10 cm 的沉积物,39 和 40 分别表示采样点 L5 在深度 20~30 和 30~40 cm 的沉积物,41~50 分别表示采样点 L6 在深度 20~120 cm 每间隔 10 cm 的沉积物。箭头长度表示环境因子对细菌群落结构的影响强度,箭头越长则相关性越强,箭头连线之间的锐角表示正相关,钝角表示负相关^[2]。可以看出,沉积物深度与菌属 *Thiobacillus* (*Thiobac*)、*Brevundimonas* (*Brevundim*)、*Arthrobacter* (*Arthrobac*)、*Rhizobium* (*Rhizobiu*) 和 *Lysobacter* (*Lysobact*) 的相对丰度呈正相关,与菌属 *Paenisporosarcina* (*Paenispr*)、*Bacillus* (*Bacillu*) 和 *Acinetobacter* (*Acinetob*) 的相对丰度呈负相关。同时,沉积物总碳、有机碳和总氮与优势菌属 *Paenisporosarcina* 和 *Bacillus* 的相对丰度呈正相关,与其他主要菌属相对丰度呈负相关。菌属点到环境因子箭头投影点的位置次序可以代表该菌属在该环境因子最适值的排序,在总碳、总氮和有机碳方向上, *Paenisporosarcina* 菌属的最适值均高于其他主要菌属,表明该菌属较其他主要菌属更适合高碳氮含量的沉积物环境。此外,菌属点与采样点之间的距离可以表示它们之间的关系,主要菌属 *Paenisporosarcina* 在沉积物饼层 3 和 44 的相对丰度

最高且相当,其在沉积物饼层26的相对丰度最小。本研究结果表明,沉积物深度、有机碳和总磷含量是影响细菌菌属群落结构的主要因素。

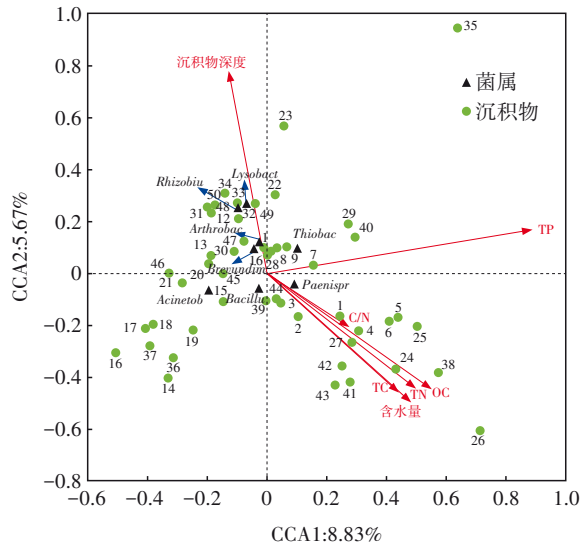


图3 沉积物细菌主要菌属与环境因子的CCA分析结果

Fig.3 CCA analysis results of main bacterial genera and environmental factors in sediments

3 结论

① 随着湖泊沉积物深度的增加,污染物的输入和沉积过程会导致沉积物细菌物种多样性和群落丰度显著下降。

② 不同采样点和不同深度的沉积物细菌菌属相对丰度存在显著差异,但相对丰度占绝对优势的菌属均为 *Paenisporosarcina*,其相对丰度最高可达70.86%。

③ 同一采样点相邻深度沉积物细菌菌属相关性较高,深度间隔较大的沉积物细菌菌属相关性显著降低;细菌菌属相关性显著降低分别发生在采样点 L1、L2、L3 和 L6 的 100~110、80~90、70~80 和 50~60 cm 深度处,表明沿水流方向沉积物细菌菌属相关性降低现象出现的深度越来越浅,这意味着沿水流方向采样点沉积物形成过程受到外界干扰的时间越来越晚。

④ 典型相关性分析表明,沉积物深度、有机碳和总磷含量是影响沉积物细菌菌属群落结构的主要因素。

参考文献:

[1] 曹洋,孙鹤铭,刘利,等. 冬季衡水湖沉积物微生物

群落结构特征及影响因素[J]. 环境工程技术学报, 2023, 13(1): 154-163.

CAO Y, SUN H M, LIU L, et al. Microbial community structure characteristics and influencing factors in sediments of Hengshui Lake in winter [J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2023, 13(1): 154-163 (in Chinese).

[2] 李鹏洋,安启睿,王新皓,等. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析[J]. 环境科学, 2022, 43(5): 2586-2594.

LI P Y, AN Q R, WANG X H, et al. Analysis on diversity and structure of microbial community in river sediment of Siping section of Liaohe River [J]. Environmental Science, 2022, 43(5): 2586-2594 (in Chinese).

[3] 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 Y, WANG Y Y, FANG D X, 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).

[4] 蒙俊杰,刘双羽,邱小琮,等. 银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系[J]. 环境科学, 2024, 45(5): 2727-2740.

MENG J J, LIU S Y, QIU X C, et al. Bacterial community structure of typical lake sediments in Yinchuan City and its response to heavy metals [J]. Environmental Science, 2024, 45(5): 2727-2740 (in Chinese).

[5] 徐超群,薛俊增,王琮,等. 内蒙古岱海湖的细菌多样性分析[J]. 海洋湖沼通报, 2023, 45(6): 75-82.

XU C Q, XUE J Z, WANG Q, et al. Study on microbial diversity in Daihai Lake, Inner Mongolia [J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2023, 45(6): 75-82 (in Chinese).

[6] 郭浩然,王帆,田连祥,等. 山西运城盐湖土壤沉积物细菌多样性及影响因素分析[J]. 微生物学报, 2024, 64(6): 1891-1905.

GUO H R, WANG F, TIAN L X, et al. Bacterial diversity and influencing factors in soil sediments of Yuncheng Salt Lake, Shanxi [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(6): 1891-1905 (in Chinese).

[7] 曾奥琪,聂小东,廖文飞,等. 湖泊沉积物有机质分布变化对微生物群落结构的影响[J]. 土壤学报,

- 2025,62(1):246–260.
- ZENG A Q, NIE X D, LIAO W F, et al. Effects of changes in organic matter distribution in lake sediments on microbial community structure [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2025,62(1):246–260(in Chinese).
- [8] GAO J K, LIU G L, LI X W, et al. Organic carbon quantity and composition jointly modulate the differentiation of nitrate reduction pathways in sediments of the Chinese eutrophic lake, Lake Chaohu [J]. *Water Research*, 2022, 220: 118720.
- [9] DANG C Y, WANG J W, HE Y F, et al. Rare biosphere regulates the planktonic and sedimentary bacteria by disparate ecological processes in a large source water reservoir [J]. *Water Research*, 2022, 216: 118296.
- [10] WU T, LI X B, XU J, et al. Diversity and functional characteristics of endophytic bacteria from two grass species growing on an oil-contaminated site in the Yellow River Delta, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 767: 144340.
- [11] LI C, CHEN H Q, GAO P, et al. Distribution and drivers of antibiotic resistance genes in brackish water aquaculture sediment [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 860: 160475.
- [12] WANG Z, JIMENEZ-FERNANDEZ O, OSENBRUCK K, et al. Streambed microbial communities in the transition zone between groundwater and a first-order stream as impacted by bidirectional water exchange [J]. *Water Research*, 2022, 217:118334.
- [13] LIN G M, LIN X B. Bait input altered microbial community structure and increased greenhouse gases production in coastal wetland sediment [J]. *Water Research*, 2022, 218: 118520.
- [14] SONG Z, EDWARDS S R, BURNS R G. Treatment of naphthalene-2-sulfonic acid from tannery wastewater by a granular activated carbon fixed bed inoculated with bacterial isolates *Arthrobacter globiformis* and *Comamonas testosteroni* [J]. *Water Research*, 2006, 40 (3): 495–506.
- [15] MOHAPATRA B, SAHA A, CHOWDHURY A N, et al. Geochemical, metagenomic, and physiological characterization of the multifaceted interaction between microbiome of an arsenic contaminated groundwater and aquifer sediment [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 412: 125099.
- [16] KHANTHONG K, PURNOMO C W, DAOSUD W. Microbial diversity of marine shrimp pond sediment and its variability due to the effect of immobilized media in biohydrogen and biohythane production [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2021, 9 (5) : 106166.
- [17] 薛翌, 王兰, 孟华旦尚, 等. 色林错表层水体真核微生物多样性和群落分布格局[J]. *冰川冻土*, 2023, 45 (5): 1652–1666.
- XUE Z, WANG L, MENG H D S, et al. Diversity and community distribution pattern of eukaryotic microbes in surface water of Selin Co [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2023, 45(5):1652–1666(in Chinese).
-
- 作者简介:侯晓辉(1985—),男,河南杞县人,硕士,高级工程师,主要从事水环境治理与水生态修复工作。
- E-mail:312350123@qq.com
- 收稿日期:2024-12-19
- 修回日期:2025-03-06

(编辑:任莹莹)