于 皓,李建春,黄 力,等.纳污坑塘对古菌群落特征的影响 [J]. 中国环境科学, 2026,46(2):923-933.
Yu H, Li J C, Huang L, et al. Effects of sewage pond on the characteristics of archaeal community [J]. China Environmental Science, 2026,46(2):923-933.

纳污坑塘对古菌群落特征的影响

于 皓[1],李建春[1],黄 力[1],吴思瑶[1],王国洋[1],王媛媛[2*],金德才[3*] (1.辽宁工程技术大学环境科学与工程学院,辽宁 阜新 123000；2.生态环境部土壤与农业农村生态环境监管技术中心,北京 100012；3.中国科学院生态环境研究中心,北京 100085)

摘要：选取了 3 种(8 个)不同污染程度的纳污坑塘,采用高通量测序技术对水体和沉积物中的古菌群落进行分析.结果表明,不同污染程度的纳污坑塘水体和沉积物中的古菌群落的组成、多样性和结构存在显著差异.在纳污坑塘水体中,影响古菌群落的主要环境因子为 pH 值(19.3%)和 NH_3-N(11.5%),群落的组装过程以确定性过程为主.轻度污染的指示类群为奥丁古菌纲、Altiarchaeaceae 和甲烷八叠球菌属;中度污染的为甲烷微菌目和甲烷螺菌属;重度污染的为热球菌纲、甲烷硬脂菌科和亚硝化杆菌科.在纳污坑塘沉积物中,驱动古菌群落变化的环境因子主要包括 pH 值(7.9%)、Zn(7.3%)、Pb(7.3%)、Ni(7.1%)、Cu(6.8%)和 Cr(6.3%).沿污染梯度,古菌群落的组装逐渐由随机性转为确定性过程,甲烷杆菌科、亚硝化球菌纲、深古菌纲、热原菌纲和 Methanomethylophilaceae 是轻度污染的指示类群;微古菌目、洛基古菌纲分别是中度和重度污染的主要指示类群.

关键词：纳污坑塘；古菌群落；物种多样性；群落组装；指示类群
中图分类号：X172 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)02-0923-11

Effects of sewage pond on the characteristics of archaeal community. YU Hao[1], LI Jian-chun[1], HUANG Li[1], WU Si-yao[1], WANG Guo-yang[1], WANG Yuan-yuan[2*], JIN De-cai[3*] (1.College of Environmental Science and Engineering, Liaoning Technical University, Fuxin 123000, China；2.Technical Centre for Soil, Agriculture and Rural Ecology and Environment, Ministry of Ecology and Environment, Beijing 100012, China；3.Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China). *China Environmental Science*, 2026,46(2)：923~933

Abstract：Three types (8sites) of sewage ponds with different pollution levels were selected, and high-throughput sequencing technology was used to analyze the archaeal communities in the water and sediments. The results showed significant differences in the composition, diversity, and structure of archaeal communities within the water and sediments of ponds across the different pollution levels. In the pond water, the main environmental factors influencing the archaeal community were pH (19.3%) and NH_3-N (11.5%), and community assembly was primarily governed by deterministic processes. Indicator taxa for lightly polluted water were Odinarchaeia, Altiarchaeaceae, and *Methanosarcina*. Moderately polluted water was characterized by Methanomicrobiales and *Methanospirillum*. Heavily polluted water was indicated by Thermococci, Methanohalobiaceae, and Nitrosopumilaceae. In the pond sediments, key environmental drivers of archaeal community variation included pH (7.9%), Zn (7.3%), Pb (7.3%), Ni (7.1%), Cu (6.8%), and Cr (6.3%). Along the pollution gradient, the assembly process of archaeal communities gradually shifted from stochastic to deterministic. The indicator taxa for lightly polluted sediments were Methanobacteriaceae, Nitrososphaeria, Bathyarchaeia, Thermoplasmata, and Methanomethylophilaceae. Micrarchaeales was the main indicator for moderately polluted sediments, while Lokiarchaeia was the primary indicator for heavily polluted sediments.

Key words：sewage pond；archaeal community；species diversity；community assembly；indicator groups

坑塘作为静水生态系统的一种,具有广泛的分布.据估计,全球存在约 5 亿个坑塘和湖泊[1],有着十分重要的生态作用和社会服务功能.然而在农村地区,由于生产、生活过程中产生的废物随意排放以及缺乏相应的环保设施,导致坑塘受到不同程度的污染[2].尤其是禽畜养殖所产生的污染,已经成为除工业和生活污染以外的第三大污染源[3],同时也是我国农村地区水体污染的重要来源之一[4].禽畜养殖废水和粪便具有高浓度的有机物、氨氮和磷酸盐等物质,长期排放限制了坑塘中污染物的稀释、扩散和分解等过程,使得水体自净能力下降,最终呈现黑臭状态[5].这不仅会对浮游生物、鱼类和底栖生物产生

收稿日期：2025-07-16
基金项目：辽宁省高校基本科研项目(LJ212510147024);辽宁省应用基础研究计划项目(2022JH2/101300196)
* 责任作者：王媛媛, 工程师, wangyuanyuan518@126.com; 金德才, 副研究员, dcjin@rcees.ac.cn

毒性作用,造成水生生物大量死亡[6],还会严重危害人类健康,导致恶心、腹泻以及心脏病等症状[7].

微生物是水生生态系统中最重要的定殖者,在生物地球化学循环和维持生态系统功能方面发挥着关键作用[8],如参与水体和沉积物中有机物的降解以及氮、磷、硫等元素的循环[9].古菌作为其中不可或缺的原核微生物分类群之一,正逐渐成为微生物生态学深入研究的焦点[10].一方面,古菌能够利用多种有机和无机电子供体与受体,如通过氨氧化作用对水体中的氮循环产生显著贡献[11];其独特的碳循环机制可通过甲烷的厌氧氧化等过程产生或消耗甲烷[12];同时还能通过至少 3 种不同固定途径来同化 CO_2 等[13].通过这些代谢过程,古菌能够减少禽畜养殖废弃物污染所造成的负面环境影响,同时提供持续的可再生能源[14].另一方面,微生物群落多样性和结构的变化由多种水体或沉积物的物理化学性质所引发,包括 pH 值、盐度、金属浓度、营养物质等[15],这些变化通常用于识别与特定污染物或环境条件对应的指标或不同微生物物种.因此,监测特定环境压力下古菌群落的动态变化有助于识别相关古菌类群,并为评估和预测水质恶化提供帮助[16].然而迄今为止,关于水体和沉积物微生物的研究多数限于细菌和真菌,对于不同污染程度下古菌群落的研究则较为有限.

本研究以纳污坑塘为研究对象,对水体和沉积物的理化性质及古菌群落进行分析,通过研究古菌群落的多样性和组成、与环境因子间的相关性、组装机制以及指示类群,探讨不同污染程度纳污坑塘对古菌群落的影响,以期为纳污坑塘污染监测和治理提供参考.

1 材料与方法

1.1 采样点概况及样品采集

采样点位于河北省保定市某农村村落附近.研究区域地处暖温带半湿润大陆季风气候,年平均降水 529.7mm,其中夏季降雨较多.2018 年 6 月,对 8 个治理前的纳污坑塘采集了水体和沉积物样本,每个采样点(坑塘)设 3 个平行,共计 48 个样本,包括 24 个水体样本和 24 个沉积物样本.水体样品采集水面 30cm 以下的表层水,通过无菌采样袋采集.沉积物样品使用开口采泥器,于塘底表面 15cm 以下深度进行采集.样品采集后用冰袋储存,立即运输至实验室 4℃避光保存,并于 24h 内进行处理.

1.2 水体及底泥理化性质测定

纳污坑塘水体的酸碱度(pH 值)采用玻璃电极法测定;总氮(TN)采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法测定;总磷(TP)采用钼酸铵分光光度法测定;化学需氧量(COD)采用重铬酸钾法测定;氨氮(NH_3-N)采用水杨酸分光光度法测定.沉积物的酸碱度(pH 值)采用玻璃电极法测定;总氮(TN)采用凯氏定氮法;总磷(TP)采用碱熔-钼锑抗分光光度法;有机质(OM)采用重铬酸钾氧化外加热法;氨氮(NH_3-N)采用氯化钾溶液提取-分光光度法;硼(B)、铬(Cr)、镍(Ni)、铜(Cu)、锌(Zn)、砷(As)、镉(Cd)、铅(Pb)、汞(Hg)含量采用离子质谱法测定.

1.3 DNA 提取、测序及数据处理

待水样杂质静置沉淀后,在无菌环境下,用真空抽滤装置以 0.22μm 微孔滤膜对上清液进行过滤.将滤膜用无菌剪刀剪碎后放入小离心管中,于-40℃下进行保存备用.用 MP Biomedical 试剂盒进行水样和沉积物样品微生物 DNA 的提取.使用上游引物 524F10ext(5'-TGYCAGCCGCCGCGGTAA-3') 和下游引物 Arch958Rmod(5'-YCCGGCGTTGAVT-CCAATT-3')对 16SrRNA 基因的 V4-V5 区进行 PCR 扩增,产物在 1%琼脂糖凝胶上可视化以评估扩增质量,使用 Omega Bio-tek 凝胶回收试剂盒对目的片段进行纯化.将样品送往广州美格生物技术有限公司使用 Illumina MiSeq 平台进行高通量测序.

通过 Galaxy 平台(http://mem.rcees.ac.cn:8080, Galaxy Version 1.0.0)对测序数据进行分析[17].首先,通过 barcode 序列将数据分类为不同的样本.随后使用 Trim Primer 进行正反向引物的去除,并通过 FLASH 工具进行原始序列的拼接.拼接后的序列在经过 Btrim 和 Trim N 等工具进行质量控制后,利用 UPARSE 生成了相似度阈值为 97%的 OTU 表.OTU 序列采用 RDP 数据库(RDP Classifier 2.14)进行物种分类学注释.为减少因测序深度差异引起的偏差,根据样本间最低序列计数进行重抽,后续分析基于重抽后的 OTU 表进行.

1.4 数据统计与分析

采用综合污染指数法,通过水体的理化性质计算了每个坑塘的综合污染指数(P),计算公式如下:

$$P=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}p_i \quad (1)$$

$$p_i=\frac{C_i}{S_i} \quad (2)$$

式中:P 为综合污染指数;p_i 为第 i 项污染物的污染指数;n 为污染物的种类;C_i 为第 i 项污染物的实测浓度,mg/L 或个/L;S_i 为第 i 项污染物的评价标准值,mg/L 或个/L.

根据 Tai 等[18]的分类标准,将坑塘分为 3 个污染梯度.其中 $0<P\leqslant30$ 时为轻度污染,$30<P\leqslant60$ 时为中度污染,$P>60$ 时为重度污染(表 1).通过单因素方差分析和 Duncan 事后多重比较方法[19],检验了不同污染程度下,水体和沉积物理化性质和物种相对丰度的差异.计算了香农指数和丰富度指数,以评估古菌群落的 α 多样性.通过 Wilcoxon 秩和检验,比较了不同组别间的 α 多样性差异[20].基于 Bray−Curtis 距离,使用非度量多维尺度分析(NMDS)对群落 β 多样性进行评估[21].同时经多响应置换过程分析(MRPP)和多元方差分析(ADONIS),对 β 多样性差异进行显著性检验[22].冗余分析(RDA)用于评估环境因子和古菌群落间的关系,并识别对群落组成具有重要作用的环境因子[23].采用 Mantel 检验对门水平物种与环境因子间的相关性进行分析[24].通过基于零模型的标准化随机性比率(NST)群落构建模型对古菌群落的组装机制进行分析,对确定性和随机性过程进行量化,其中标准化随机性比率大于 0.5,代表群落组装由随机性过程主导,反之由确定性过程主导[25].用线性判别分析(LEfSe)进行差异丰度分析,寻找不同污染程度下的指示类群[26].

2　结果与讨论

2.1　纳污坑塘水体和沉积物的理化性质

表 1　不同污染程度水体的理化性质

Table 1　Physicochemical properties of water bodies with different pollution levels

理化性质	轻度污染	中度污染	重度污染	标准限值
pH 值	7.10±0.06b	8.16±0.19a	7.69±0.22ab	6~9
氨氮(mg/L)	3.39±0.86c	41.79±8.45b	451.33±33.71a	2.0
总磷(mg/L)	9.64±2.67c	38.63±7.81b	72.23±9.32a	0.4
化学需氧量(mg/L)	634.78±280.56a	422.25±75.80a	1186.67±558.24a	40
总氮(mg/L)	76.04±36.02b	97.11±13.64b	687.67±174.58a	2.0
综合污染指数	11.63~24.87	33.00~37.95	156.12	–

注:数据为均值加减标准误差,不同字母代表不同显著性水平.标准限值为地表水环境质量标准(GB 3838−2002)[V]类水质标准.

表 2　不同污染程度沉积物的理化性质

Table 2　Physicochemical properties of sediments with different pollution levels

理化性质	轻度污染	中度污染	重度污染	标准限值
硼(mg/kg)	35.84±4.15a	29.32±2.15a	34.87±1.92a	–
铬(mg/kg)	27.35±2.01ab	21.00±1.43b	30.80±0.74a	500
镍(mg/kg)	22.31±1.80ab	18.66±1.31b	25.93±1.12a	100
铜(mg/kg)	29.47±4.13a	96.75±26.26a	70.82±8.54a	500
锌(mg/kg)	86.79±7.94b	204.81±27.11a	213.70±20.36a	1200
砷(mg/kg)	7.04±0.69a	6.65±1.07a	9.39±1.24a	30
镉(mg/kg)	0.37±0.06a	0.31±0.03a	0.24±0.03a	3
铅(mg/kg)	19.62±1.08a	27.91±8.34a	33.77±14.97a	300
汞(mg/kg)	2.74±1.43a	0.83±0.17a	0.82±0.12a	33
pH 值	7.10±0.06b	8.16±0.19a	7.69±0.22ab	5.5~8.5
总磷(g/kg)	0.81±0.03a	0.96±0.07a	0.75±0.09a	–
总氮(g/kg)	1.88±0.08ab	2.16±0.20a	1.42±0.11b	–
氨氮(mg/kg)	93.52±4.39a	100.30±7.60a	80.59±3.44a	–
有机物(g/kg)	7.52±0.64ab	13.95±2.18a	6.27±0.49b	≥20 %

注:数据为均值加减标准误差,不同字母代表不同显著性水平.标准限值为农用污泥污染物控制标准(GB4284−2018)A级标准.

由于纳污时间和污染物排放量等不同,使得 8 个坑塘的污染程度有所差异,本文将其分为了轻度、

中度和重度污染 3 个梯度,污染程度及分类情况见课题组前期的研究成果[18].如表 1 所示,纳污坑塘水质指标除 pH 值外,其余均超过标准限值.随着污染程度的增加,水体 NH_3-N、TP 和 TN 含量显著提高(P<0.05).在沉积物样品中,所有金属元素含量均未超标(表 2),表明纳污坑塘未受到重金属污染,其中 Zn 和 Pb 的含量随着污染程度的增加而逐渐增加,重度污染的 Cr、Ni 含量显著高于(P<0.05)中度污染.

2.2 古菌群落多样性、组成及结构

通过质量控制和重采样,最终每个样品得到了 10044 条 OTU.物种注释后,在 48 个水体和沉积物样品中,共检测到了来自 12 个古菌门的古菌(图 1(a)、(c)).其中优势菌门(相对丰度>1%)包括纳古菌门(Nanoarchaeota,47.61%~54.58%)、泉古菌门(Crenarchaeota,12.85%~23.12%)、热原体门(Thermoplasmatota,3.38%~7.02%)、微古菌门(Micrarchaeota,1.85%~5.03%)、阿斯加德古菌门(Asgardarchaeota,2.08%~8.13%)和广古菌门(Euryarchaeota,1.15%~4.25%).不同污染程度的物种相对丰度存在差异(图 1(b)、(d)).水体中,随着污染程度的增加,盐古菌门(Halobacterota)的相对丰度显著降低(P<0.05).沉积物中,阿斯加德古菌门的相对丰度随着污染程度的增加而显著增加(P<0.05),而泉古菌门丰度随着污染程度的增加显著降低(P<0.05).

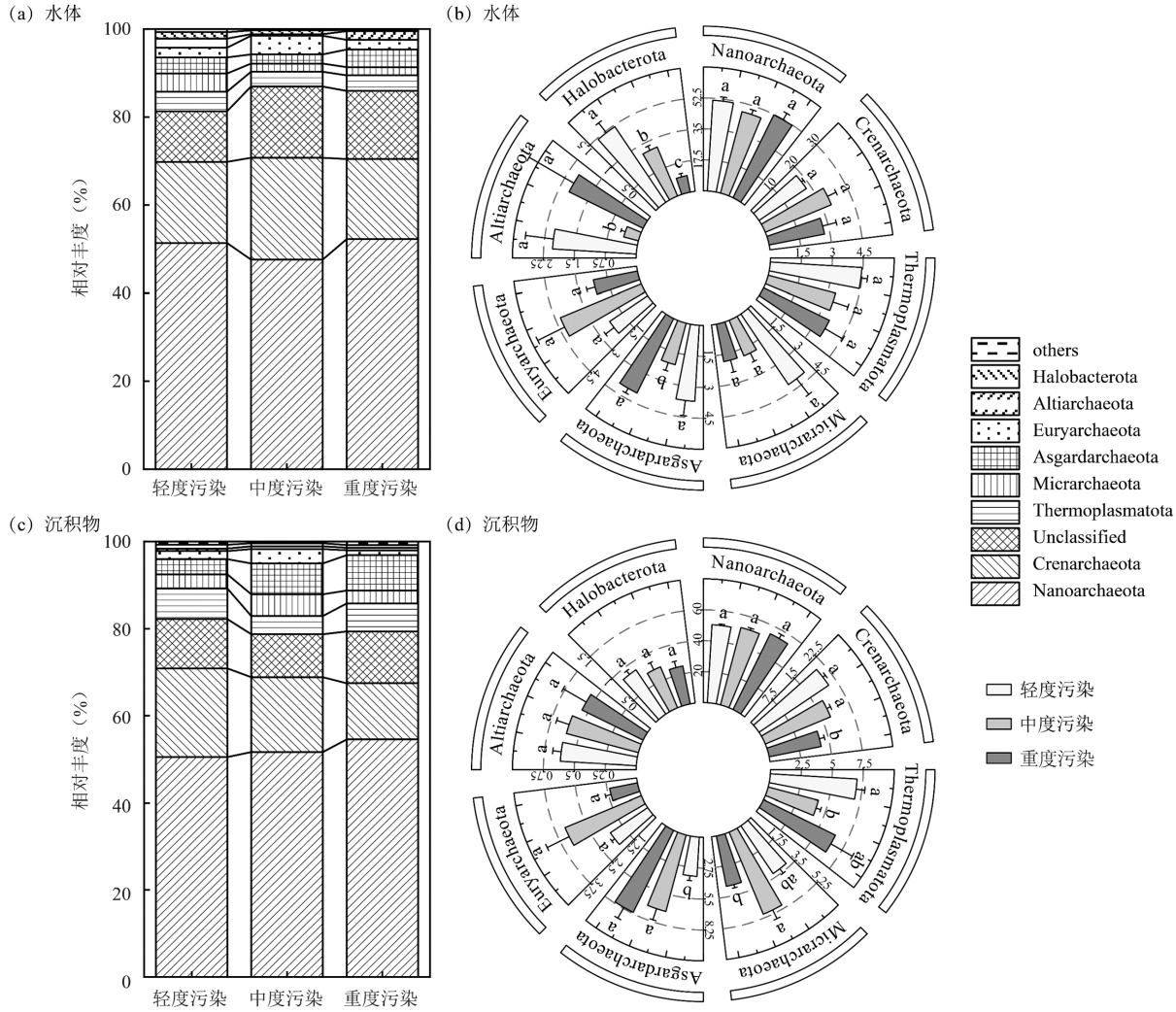


图 1 门水平物种组成及差异分析

Fig.1 Phylum level species composition and difference analysis

通过香农指数和丰富度指数来评估古菌群落的 α 多样性,结果表明(图 2)在水体中,轻度污染组的 α 多样性显著高于(P<0.05)中度和重度污染.重度污染和中度污染水体古菌群落的 α 多样性均没有显著差异.在沉积物中,随着污染程度的增加,群落的 α 多样性指数逐渐降低,且轻度与中度污染的古菌群落丰富度指数

间有显著差异(P<0.05),轻度污染的香农和丰富度指数均显著高于(P<0.05)重度污染.NMDS 分析结果表明(图 3),3 种不同污染程度的水体样品明显分开,这表明它们的古菌群落结构存在较大的差异.组间不相似检验的结果也显示它们之间的差异比较显著(P<0.05)(表 3).和水体样品相似,不同污染程度的沉积物样品中的古菌群落结构也存在较大的差异,除中度和重度污染古菌群落差异不显著外(P<0.1),其余两组样品之间均有显著差异(P<0.05).这些结果表明,污染明显改变了坑塘中古菌群落的组成和多样性.

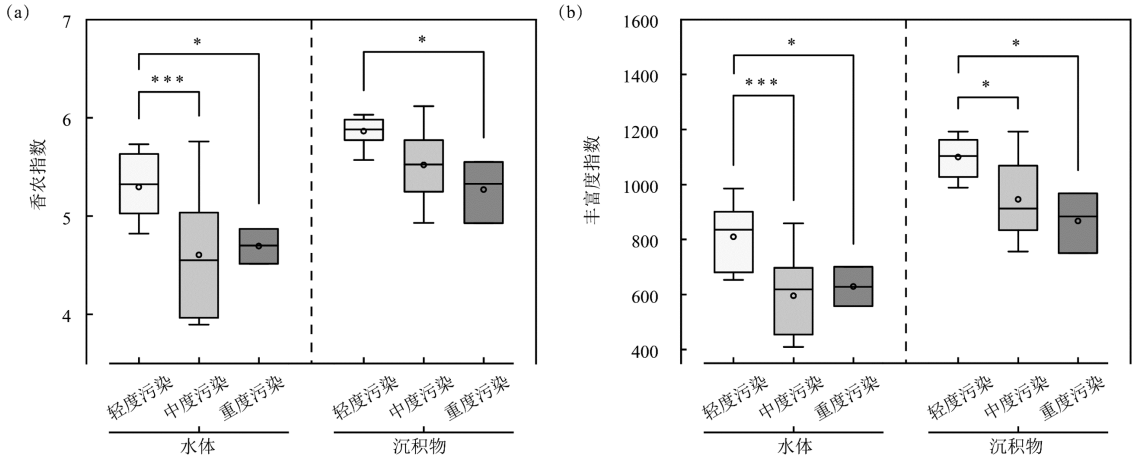


图 2　古菌群落的 α 多样性分析

Fig.2　α diversity analysis of archaeal community

*代表两组之间显著性差异水平 P<0.05,***代表两组之间显著性差异水平 P<0.001

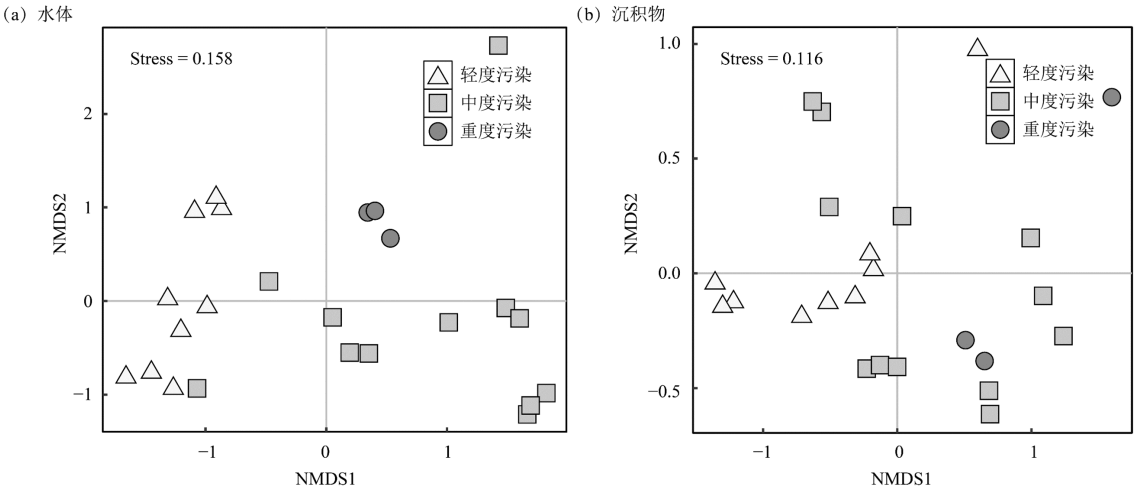


图 3　古菌群落的 NMDS 分析

Fig.3　NMDS analysis of archaeal community

表 3　基于 Bray Curtis 距离的样品组间显著性差异检验

Table 3　Significant difference test between three groups based on Bray Curtis distance

分组	水体				沉积物			
	MRPP		ADONIS		MRPP		ADONIS	
	δ	P	F	P	δ	P	F	P
轻度污染 vs 中度污染	0.7917	**0.001**	3.3890	**0.001**	0.7390	**0.001**	3.0096	**0.001**
轻度污染 vs 重度污染	0.6924	**0.012**	3.8667	**0.001**	0.7068	**0.011**	2.8835	**0.010**
中度污染 vs 重度污染	0.7409	**0.010**	3.0468	**0.008**	0.7343	0.063	1.6701	0.078

注:粗体代表两组之间有显著性差异,即P<0.05.

2.3　古菌群落和环境因子的相关性

基于OTU水平,通过RDA分析了环境因素和古

菌群落结构的相关性.结果表明(图 4),前两轴分别解释了水体样品中 31.43%的差异,以及沉积物样品中 32.01%的差异.在水体样品中,pH 值(19.3%)和 NH_3–N(11.5%)是影响古菌群落结构的主要因素.沉积物中,对群落结构有显著影响的环境因子分别为 pH 值(7.9%)、Zn(7.3%)、Pb(7.3%)、Ni(7.1%)、Cu(6.8%)和 Cr(6.3%).这种差异主要来源于水体和沉积物环境介质本身理化性质的显著不同,污染物在其中的迁移转化有所差异.水体的流动性使得一些易溶解的因子成为主导,而沉积物由于相对稳定,成为重金属等污染物的“汇”.这产生了古菌所处生境的异质性,同时也反映了古菌群落对其所处特定环境介质中主导环境压力的响应.Mantel 检验进一步分析了不同菌门古菌与环境因子的相关性(图 5).

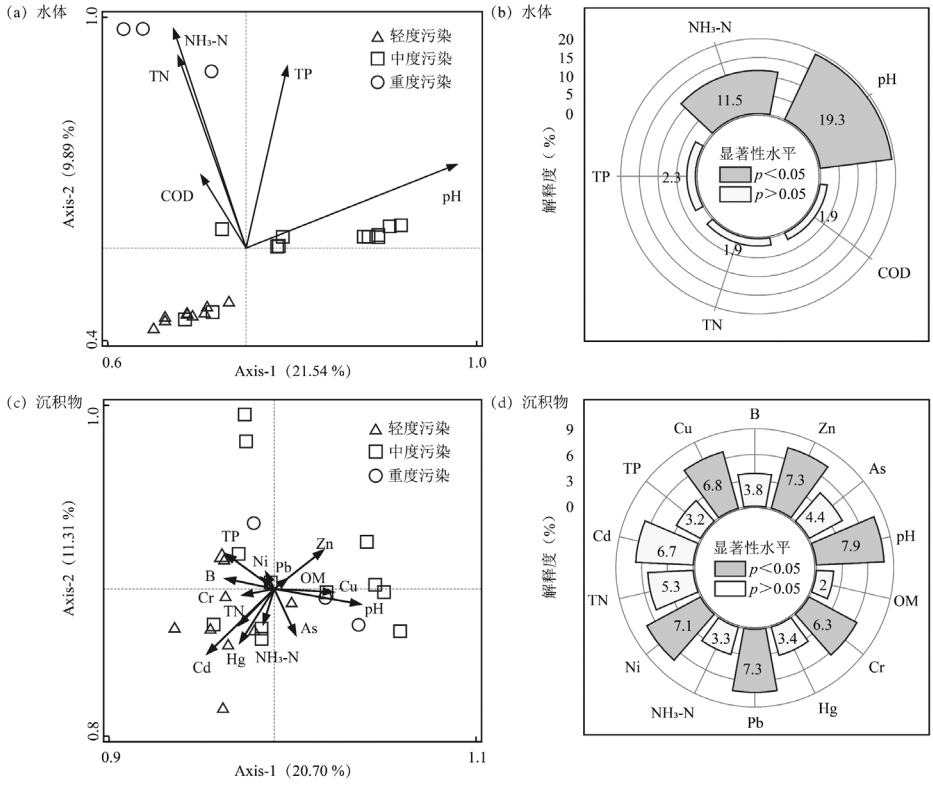


图 4 古菌群落和环境因子的 RDA 分析

Fig.4 RDA analysis of archaeal community and environmental factors

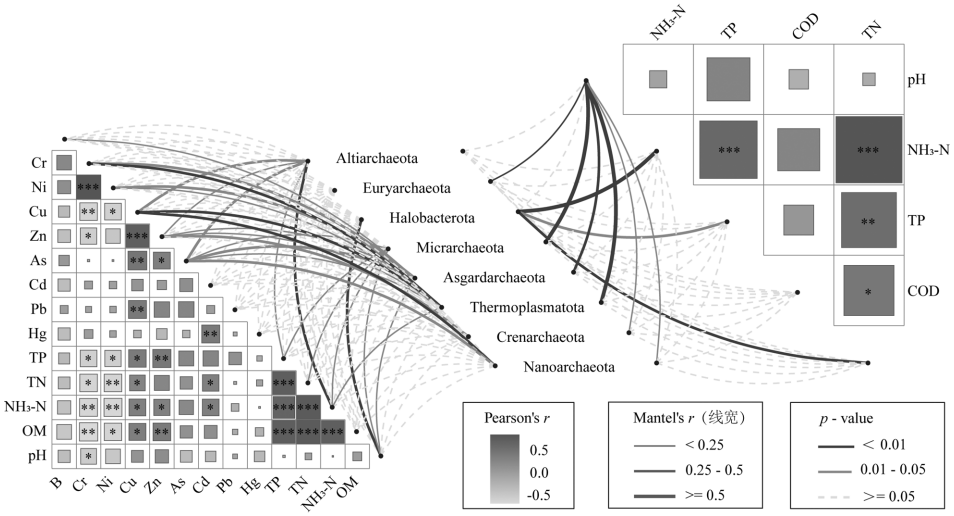


图 5 不同门水平物种与环境因子的 Mantel 检验

Fig.5 Mantel test of species and environmental factors at different phylum levels

*代表两因子间显著性相关水平 P<0.05,**代表两因子间显著性相关水平 P<0.01,***代表两因子间显著性相关水平 P<0.001;左下:沉积物;右上:水体

无论在水样还是沉积物中,氮、磷和有机物之间存在显著正相关(P<0.01),这与污染来源有关.在水体中,除 Altiarchaeota 和盐古菌门外,其余门水平物种与 pH 值存在显著相关性(P<0.05).盐古菌门与水体氮、磷含量显著相关(P<0.05).沉积物中,Zn、Cu、As、NH_3–N 等多种环境因子与 Altiarchaeota、微古菌门、阿斯加德古菌门和热原体门之间存在相关性.这些结果表明在沉积物中,古菌群落的组成受多种环境因子的复合影响.

2.4　古菌群落组装机制

通过基于零模型的标准化随机性比率,定量评估了古菌群落构建过程中的随机性和确定性(图 6).在水体中,三个污染程度的 NST 值都小于 0.5,表明古菌群落组装过程均以确定性为主.沉积物中,NST 值由轻度污染的0.52、中度污染的0.49,到重度污染的0.37,表明随着污染程度的增加,群落的组装机制逐渐由随机性转变为确定性过程.这说明可能是因为污染带来的确定性环境因子影响了古菌群落的构建过程.

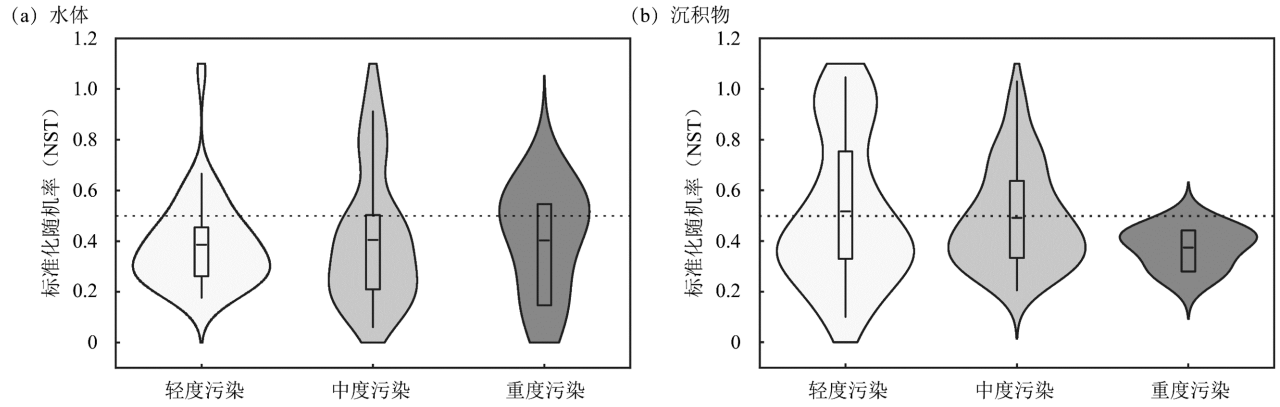


图 6　NST 群落组装机制分析

Fig.6　Analysis of NST community assembly mechanism

2.5　不同污染程度指示类群分析

选取 2.5 为 LEfSe 的阈值,对水体和沉积物的古菌指示类群进行分析.结果表明(图 7),在水体中,轻度污染的指示类群有奥丁古菌纲(Odinarchaeia)、Altiarchaeaceae、甲烷八叠球菌属(*Methanosarcina*);中度污染指示类群有甲烷微菌目(Methanomicrobiales)、甲烷螺菌属(*Methanomassiliicoccus*);重度污染指示类群有热球菌纲(Thermococci)、甲烷硬脂菌科(Methanofastidiosaceae)、亚硝化杆菌科(Nitrosotaleaceae).沉积物中,轻度污染的指示类群有甲烷杆菌科(Methanobacteriaceae)、亚硝化球菌纲(Nitrososphaeria)、深古菌纲(Bathyarchaeia)、热原菌纲(Thermoplasmata)、Methanomethylophilaceae;中度污染指示类群有微古菌目(Micrarchaeales)等;重度污染指示类群有洛基古菌纲(Lokiarchaeia)等.

2.6　讨论

禽畜养殖粪便和废水的排放不仅影响了纳污坑塘细菌群落的特征[18],本文研究发现它们也改变了古菌群落的多样性、组成和结构.养猪废弃物等污染的排放使得坑塘水体富营养化,这改变了水体的养分结构、溶解氧水平和有机质组成[27-28].沉积物作为微生物群落的储库,会吸收和沉积水体和周围环境的微生物和养分,与水体相比,显著增加了微生物群落的多样性[29-30],这一点也在本研究的古菌中有所体现.随着污染程度的加剧,富营养化所造成的环境压力进一步破坏了原有的生态平衡,影响了微生物的代谢活动和异生物质降解能力,也淘汰了依赖稳定寡营养等对环境有严格要求的古菌类群,导致古菌群落 α 多样性减少[31],同时也显著改变了群落组成.

相关性分析结果表明,在水体中,pH 值和 NH_3–N 含量是驱动古菌群落变化的关键环境因素,这与 Dai 等[9]的研究结果相一致.pH 值作为最主要的环境因子,与大部分门水平物种之间存在显著相关性.盐古菌门与 TN、TP 和 NH_3–N 呈显著负相关关系,这是由于充足的营养元素会促进微生物的生长,但氮、磷过量则会对微生物产生不利影响[32].沉积物中,古菌群落分布主要受 pH 值和 Zn、Pb、Ni、Cu、Cr 的影响.Shen 等[33]研究表明,在沉积物中重金

属对古菌群落分布的影响高于其他理化因子,这与本研究的结果相一致.排放到水环境中的重金属通常会在沉积物中富集[34],产生破坏微生物细胞结构、干扰酶活性和改变微生物群落遗传多样性等的毒性效应[35],或诱导微生物抗性机制[36],通过将细胞内的重金属螯合或外排等过程来影响微生物群落的结构和功能.如已有研究表明,Pb 会抑制河口沉积物中氨氧化古菌的丰度[37].

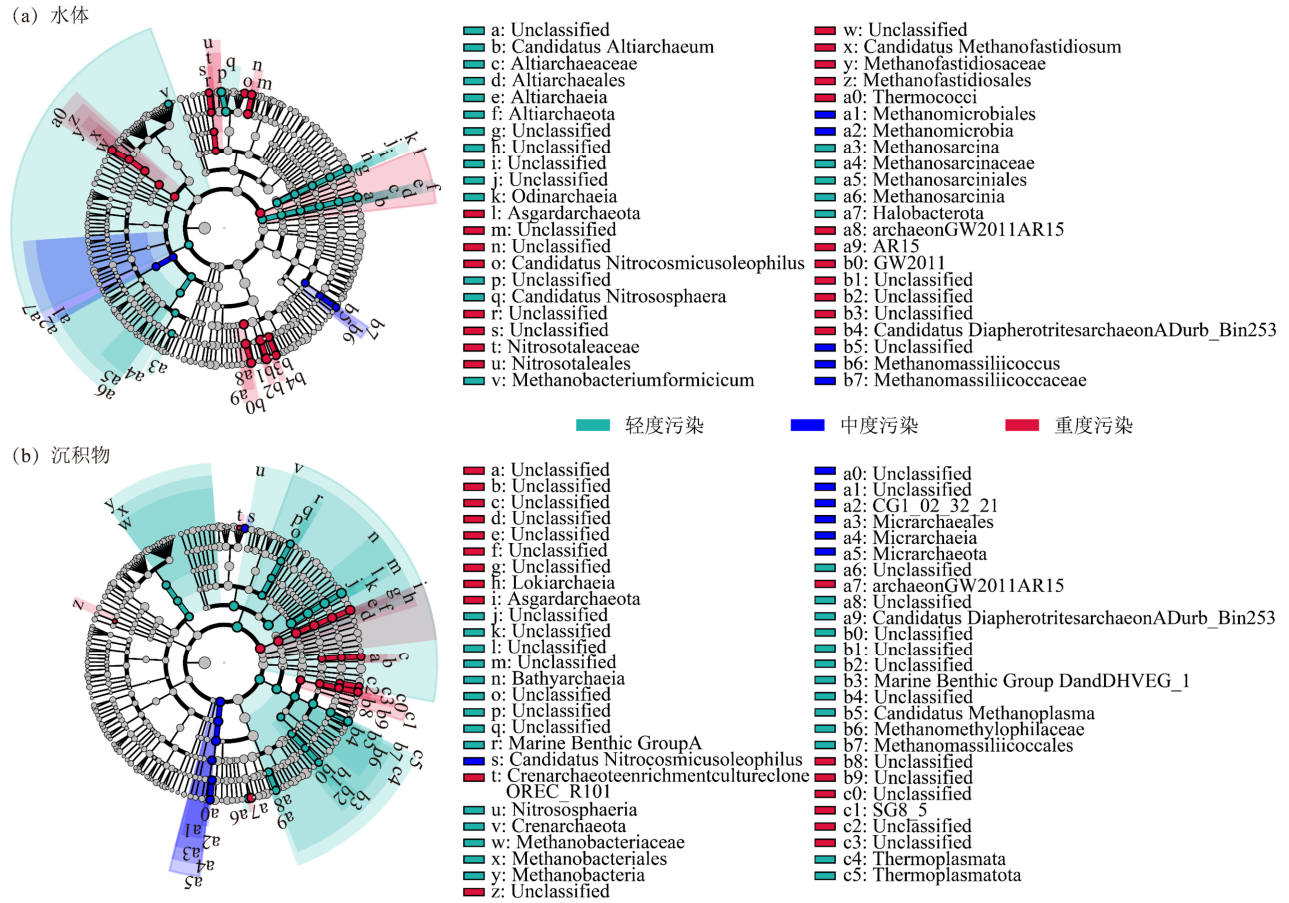


图 7 LEfSe 指示类群分析

Fig.7 LEfSe indicator group analysis

不同污染梯度下,水体古菌群落的生态组装过程是确定性和随机性的动态平衡.与河流、湖泊不同,坑塘水体体量小且相对独立,污染物扩散快且均匀,环境因子的相对空间变化较小[7].在富营养化等环境压力的胁迫下,选择作用使得群落的组装始终以确定性过程为主.而在沉积物中,由于其较低的扩散性以及采样较深(塘底 15cm 以下),导致轻度污染所产生的环境选择压力较低,确定性和随机性过程在古菌群落组装中有着相当的重要性.随着污染排放次数的增加,污染物在沉积物中累积、迁移并转化[38].如 Zn、Pb、Cr 和 Ni 作为影响群落结构的关键环境因子,浓度随污染加剧而升高,这些污染物在低扩散性的沉积物中难以消散,形成了长期、稳定且高强度的胁迫源.同时,pH 值对金属形态转化的影响也参与了这一过程[39],这使得群落构建逐渐由随机性转为确定性过程.尽管如此,随机过程在古菌群落形成中仍不可或缺,研究表明在污染等外界环境压力下,随机性过程主导着稀有类群和特化种的组装,而这促进了微生物多样性的增加[40-41].

微生物是外界环境变化的敏感指示者,通过对水体和沉积物在不同污染程度下的指示类群的研究,能够从古菌群落层面为评估以及修复纳污坑塘提供帮助.在水体中,Altiarchaeaceae 可以利用 CO_2、CO、甲酸或乙酸进行自养代谢[42],甲烷八叠球菌属可通过乙酸裂解、甲基还原等多种途径进行产甲烷代谢[43],这表明在轻度污染环境中,古菌群落仍具备

一定的底物选择灵活性.在中度污染程度下,甲烷微菌目和甲烷螺菌属这样的产甲烷菌起到了重要作用[44-45],即随着污染的增加,产甲烷作用可能得到了增强.作为水体重度污染的指示物种,热球菌纲的物种主要生活在一些极端环境中,利用甲酸盐和氢气进行产甲烷;甲烷硬脂菌科是厌氧消化体系中最丰富的产甲烷菌群[46],它的出现表明水体氧气含量严重不足;亚硝化杆菌科作为氨氧化古菌[47],在高负荷水体氨氧化过程中起重要作用.在轻度污染的沉积物中,甲烷杆菌科(氢营养产甲烷菌群)、亚硝化球菌纲(氨氧化古菌)、深古菌纲(能够利用多种 C1 化合物)和热原菌纲(甲基营养型产甲烷菌群)共存[48-51],表明现阶段沉积物中具有多种处理污染物的潜力.随着污染的加剧,中度污染的主要指示物种为微古菌目,也是产甲烷类群[52].作为重度污染的标志物,洛基古菌纲不仅能够依靠铁氧还蛋白来氧化有机物,还能通过不同的途径参与甲烷代谢过程[53],这些指示类群体现了环境变化对古菌的选择作用以及古菌对环境变化的适应策略,同时也可作为水体污染程度评价的参考指标.

3　结论

3.1　不同污染程度的纳污坑塘水体和沉积物中古菌群落的多样性、组成和结构均存在显著差异.pH 值(19.3%)和 NH_3−N(11.5%)是影响纳污坑塘水体古菌群落结构的关键环境因子,而沉积物中古菌群落的结构主要受 pH 值(7.9%)以及 Zn(7.3%)、Pb(7.3%)、Ni(7.1%)、Cu(6.8%)和 Cr(6.3%)等重金属影响.

3.2　纳污坑塘水体古菌群落的组装过程均以确定性过程为主(NST 值<0.5).随着污染程度的增加,坑塘沉积物中古菌群落的组装过程逐渐由随机性过程转变为确定性过程.

3.3　纳污坑塘水体中,轻度污染的指示类群为奥丁古菌纲、Altiarchaeaceae 和甲烷八叠球菌属;中度污染为甲烷微菌目和甲烷螺菌属;重度污染为热球菌纲、甲烷硬脂菌科和亚硝化杆菌科.纳污坑塘沉积物中,轻度污染的指示类群为甲烷杆菌科、亚硝化球菌纲、深古菌纲、热原菌纲和 Methanomethylophilaceae;中度污染指示类群为微古菌目;重度污染的主要指示类为洛基古菌纲.

参考文献：

[1] Holgerson M A, Raymond P A. Large contribution to inland water CO_2 and CH_4 emissions from very small ponds [J]. Nature Geoscience, 2016,9(3):222−226.

[2] 赵永志,高　严,何文丽,等.农村坑塘污染分析及治理建议 [J]. 有色冶金节能, 2022,38(6):63−68.
Zhao Y Z, Gao Y, He W L, et al. Analysis of rural pond pollution and recommended countermeasures [J]. Sustainable Mining and Metallurgy, 2022,38(6):63−68.

[3] Liu C C, Wang Q S, Xu D D, et al. Study on nitrification characteristics of livestock wastewater treated with SBR [J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2018,170(3): 032071.

[4] Xiao H, Yang P, Peng H, et al. Nitrogen removal from livestock and poultry breeding wastewaters using a novel sequencing batch biofilm reactor [J]. Water Science and Technology, 2010,62(11):2599−2606.

[5] Zhang W L, Lei M T, Li Y, et al. Determination of vertical and horizontal assemblage drivers of bacterial community in a heavily polluted urban river [J]. Water Research, 2019,161:98−107.

[6] Liu Y E, Luo X J, Huang C C, et al. Legacy and alternative plasticizers in surface sediment of black−odorous urban rivers across China: Occurrence, spatial distribution, and ecological risk assessment [J]. Chemosphere, 2021,283:131206.

[7] 太　欣.纳污坑塘水体和沉积物细菌群落特征及其指示作用研究 [D]. 阜新:辽宁工程技术大学, 2020.
Tai X. Study on the characteristics and indicative effects of bacterial community on water and sediment in polluted ponds [D]. Fuxin: Liaoning Technical University, 2020.

[8] Oikonomou A, Filker S, Breiner H W, et al. Protistan diversity in a permanently stratified meromictic lake (Lake Alatsee, SW Germany) [J]. Environmental Microbiology, 2015,17(6):2144−2157.

[9] Dai L L, Liu C Q, Peng L, et al. Different distribution patterns of microorganisms between aquaculture pond sediment and water [J]. Journal of Microbiology, 2021,59(4):1−13.

[10] Silveira R, Silva M R S S, de Roure Bandeira de Mello T, et al. Bacteria and archaea communities in cerrado natural pond sediments [J]. Microbial Ecology, 2021,81(3):563−578.

[11] Könneke M, Bernhard A E, de La Torre J R, et al. Isolation of an autotrophic ammonia−oxidizing marine archaeon [J]. Nature, 2005,437(7058):543−546.

[12] Orphan V J, House H C, Hinrichs K U, et al. Methane−consuming archaea revealed by directly coupled isotopic and phylogenetic analysis [J]. Science, 2001,293(5529):484−487.

[13] Berg I A, Kockelkorn D, Ramos−Vera W H, et al. Autotrophic carbon fixation in archaea [J]. Nature Reviews Microbiology, 2010,8(6): 447−460.

[14] Alsouleman K, Linke B, Klang J, et al. Reorganisation of a mesophilic biogas microbiome as response to a stepwise increase of ammonium nitrogen induced by poultry manure supply [J]. Bioresource Technology, 2016,208:200−204.

[15] Li Y, Wu H N, Shen Y, et al. Statistical determination of crucial taxa indicative of pollution gradients in sediments of Lake Taihu, China [J]. Environmental Pollution, 2019,246:753−762.

[16] Fortunato C S, Eiler A, Herfort L, et al. Determining indicator taxa across spatial and seasonal gradients in the Columbia River coastal margin [J]. The ISME journal, 2013,7(10):1899−1911.

[17] Feng K, Zhang Z J, Cai W W, et al. Biodiversity and species competition regulate the resilience of microbial biofilm community [J]. Molecular Ecology, 2017,26(21):6170−6182.

[18] Tai X, Li R, Zhang B, et al. Pollution gradients altered the bacterial community composition and stochastic process of rural polluted ponds [J]. Microorganisms, 2020,8(2):311.

[19] Yu Y, Liu L, Zhao J N, et al. The diversity of soil bacteria and fungi under altered nitrogen and rainfall patterns in a temperate steppe [J]. Frontiers in Microbiology, 2022,13:906818.

[20] 王丹丹,谢燕琴,黄跃飞,等.青藏高原东部不同盐度湖泊藻类群落特征及其驱动因素 [J]. 中国环境科学, 2025,45(11):6320−6330.
Wang D D, Xie Y Q, Huang Y F, et al. Characteristics and driving factors of algal communities in lakes with different salinities in the eastern Qinghai Tibet Plateau [J]. China Environmental Science, 2025, 45(11):6320−6330.

[21] Yang L Y, Ning D L, Yang Y F, et al. Precipitation balances deterministic and stochastic processes of bacterial community assembly in grassland soils [J]. Soil Biology Biochemistry, 2022,168: 108635.

[22] Li B J, Shen C C, Wu H Y, et al. Environmental selection dominates over dispersal limitation in shaping bacterial biogeographical patterns across different soil horizons of the Qinghai−Tibet Plateau [J]. Science of the Total Environment, 2022,838:156177.

[23] Huang L B, Bai J H, Wen X J, et al. Microbial resistance and resilience in response to environmental changes under the higher intensity of human activities than global average level [J]. Global Change Biology, 2020,26(4):2377−2389.

[24] Zhang B, Xue K, Zhou S T, et al. Environmental selection overturns the decay relationship of soil prokaryotic community over geographic distance across grassland biotas [J]. Elife, 2022,11:e70164.

[25] Ning D L, Deng Y, M T J, et al. A general framework for quantitatively assessing ecological stochasticity [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2019,116(34): 16892−16898.

[26] Segata N, Izard J, Waldron L, et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. Genome Biology, 2011,12(6):R60.

[27] Wu H N, Li Y, Zhang W L, et al. Bacterial community composition and function shift with the aggravation of water quality in a heavily polluted river [J]. Journal of Environmental Management, 2019,237: 433−441.

[28] Wang Y, Guo M L, Li X L, et al. Shifts in microbial communities in shallow lakes depending on trophic states: Feasibility as an evaluation index for eutrophication [J]. Ecological Indicators, 2022,136:108691.

[29] Crump B C, Amaral−Zettler L A, Kling G W. Microbial diversity in arctic freshwaters is structured by inoculation of microbes from soils [J]. The ISME journal, 2012,6(9):1629−1639.

[30] Zhang L, Bai J H, Zhang K G, et al. Characteristics of bacterial community structure and diversity in overlying water and sediments with Lotus in the Baiyangdian Lake, China [J]. Ecohydrology & Hydrobiology, 2024,24(4):893−900.

[31] Mishra S, Kumari N, Häder D P, et al. Cyanobacterial blooms and their implications in the changing environment [J]. Advances in Environmental and Engineering Research, 2022,3(1):1−41.

[32] Liu H, Li S S, Qiang R W, et al. Response of soil microbial community structure to phosphate fertilizer reduction and combinations of microbial fertilizer [J]. Frontiers in Environmental Science, 2022,10:899727.

[33] Shen C, Zhao J Q, Xie G W, et al. Identifying microbial distribution drivers of archaeal community in sediments from a black−odorous urban river — a case study of the Zhang River Basin [J]. Water, 2021,13(11):1545.

[34] Zhu J Y, Zhang J X, Li Q, et al. Phylogenetic analysis of bacterial community composition in sediment contaminated with multiple heavy metals from the Xiangjiang River in China [J]. Marine Pollution Bulletin, 2013,70(1/2):134−139.

[35] Shukla P K, Misra P, Maurice N, et al. Heavy metal toxicity and possible functional aspects of microbial diversity in heavy metal−contaminated sites [M]. Microbial Genomics in Sustainable Agroecosystems: Volume 2. Singapore: Springer Singapore, 2019: 255−317.

[36] Vats P, Kaur U J, Rishi P. Heavy metal‐induced selection and proliferation of antibiotic resistance: a review [J]. Journal of Applied Microbiology, 2022,132(6):4058−4076.

[37] Mosier A C, Francis C A. Relative abundance and diversity of ammonia−oxidizing archaea and bacteria in the San Francisco Bay estuary [J]. Environmental Microbiology, 2008,10(11):3002−3016.

[38] Xiao H, Shahab A, Xi B D, et al. Heavy metal pollution, ecological risk, spatial distribution, and source identification in sediments of the Lijiang River, China [J]. Environmental Pollution, 2021,269:116189.

[39] 张 峰,陈 佳,范萍萍,等.侵蚀—沉积对土壤重金属形态、浓度及富集影响的研究进展 [J]. 水土保持通报, 2024,44(6):222−236.
Zhang F, Chen J, Fan P P, et al. Research progress on effects of soil erosion and sedimentation on form, concentration and enrichment of heavy metals [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2024,44(6): 222−236.

[40] Riddley M, Hepp S, Hardeep F N U, et al. Differential roles of deterministic and stochastic processes in structuring soil bacterial ecotypes across terrestrial ecosystems [J]. Nature Communications, 2025,16(1):2337.

[41] Xiong F, Yao C J, Zhai D D, et al. Heavy metal contamination and eutrophication effects on bacterial communities in the Han River basin [J]. Ecological Indicators, 2025,170:113108.

[42] Probst A J, Weinmaier T, Raymann K, et al. Biology of a widespread uncultivated archaeon that contributes to carbon fixation in the subsurface [J]. Nature Communications, 2014,5(1):5497.

[43] Xie Z, Li W, Yang K, et al. Bacterial and archaeal communities in Erhai lake sediments: abundance and metabolic insight into a plateau lake at the edge of eutrophication [J]. Microorganisms, 2024,12(8): 1617.

[44] Zhang C J, Pan J, Liu Y, et al. Genomic and transcriptomic insights into methanogenesis potential of novel methanogens from mangrove sediments [J]. Microbiome, 2020,8(1):94.

[45] Li L Y, Tian X P, Wang X M, et al. Extracellular electron transfer

based methylotrophic methanogenesis in paddy soil and the prevalent Methanomassiliicoccus [J]. Communications Earth & Environment, 2025,6(1):297.

[46] Kieft B, Finke N, McLaughlin R J, et al. Genome‐resolved correlation mapping links microbial community structure to metabolic interactions driving methane production from wastewater [J]. Nature Communications, 2023,14(1):5380.

[47] 桂泽威,吴壮惠,赵　博,等.黄河小浪底库区旱季上游和下游原核生物群落与固碳功能微生物群的环境驱动因素 [J]. 微生物学报, 2024,64(12):4607‐4623.
Gui Z W, Wu Z H, Zhao B, et al. Environmental drivers of prokaryotic microbial communities and carbon‐fixing microbial groups in the upper and lower reaches of the Xiaolangdi Reservoir of the Yellow River during the dry season [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024,64 (12):4607‐4623.

[48] Granada C E, Hasan C, Marder M, et al. Biogas from slaughterhouse wastewater anaerobic digestion is driven by the archaeal family Methanobacteriaceae and bacterial families Porphyromonadaceae and Tissierellaceae [J]. Renewable Energy, 2018,118:840‐846.

[49] Zou D Y, Qi Y L, Zhou J J, et al. Unveiling the life of archaea in sediments: diversity, metabolic potentials, and ecological roles [J]. iMetaOmics, 2025,2(1):e56.

[50] Hou J L, Wang Y Z, Zhu P F, et al. Taxonomic and carbon metabolic diversification of Bathyarchaeia during its coevolution history with early Earth surface environment [J]. Science Advances, 2023,9(27): eadf5069.

[51] Poulsen M, Schwab C, Borg Jensen B, et al. Methylotrophic methanogenic Thermoplasmata implicated in reduced methane emissions from bovine rumen [J]. Nature Communications, 2013,4(1): 1428.

[52] Chang C J, Chang C W, Lu H P, et al. Bioenergetically constrained dynamical microbial interactions govern the performance and stability of methane‐producing bioreactors [J]. npj Biofilms and Microbiomes, 2025,11(1):31.

[53] Qu Y, Zhao Y X, Yao X W, et al. Salinity causes differences in stratigraphic methane sources and sinks [J]. Environmental Science and Ecotechnology, 2024,19:100334.

作者简介：于　皓(1976‐),男,辽宁阜新人,副教授,博士,主要从事环境微生物和土壤生态修复研究.发表论文 40 余篇.micro_yh@126.com.