

浙江嵊泗贻贝养殖区海水中细菌与古菌群落的特征分析

毛宏跃¹, 赵卫红¹, 陈风帆¹, 钱冠磊², 罗韩燕¹, 张捷¹, 黄备^{1*}

¹浙江省海洋生态环境监测中心, 浙江 舟山

²舟山市嵊泗生态环境监测站, 浙江 舟山

收稿日期: 2026年7月21日; 录用日期: 2026年8月23日; 发布日期: 2026年8月28日

摘要

我国是贝类养殖大国, 浙江嵊泗海域是我国重要的贻贝产地。围绕嵊泗枸杞岛贻贝养殖区及其附近海域开展海洋生态环境综合调查, 以为海水养殖业的健康可持续发展提供技术支撑。应用Illumina HiSeq 16S rRNA高通量测序技术, 在研究海域中鉴定得到细菌33门271科425属; 古菌6门14科16属。从门水平上看, 变形菌门(Proteobacteria)在各站位均表现出明显优势, 其相对丰度占细菌总数的82.4%。其它较为丰富的门类包括放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia)。古菌中奇古菌门(Thaumarchaeota)在各站位均表现出明显优势, 其相对丰度占古菌总数的96.0%, 其它较为丰富的门类包括广古菌门(Euryarchaeota)、纳古菌门(Nanoarchaeota)、泉古菌门(Crenarchaeota)和Diapherotrites; 从科水平上看, 细菌中红细菌科(Rhodobacteraceae)是最主要的优势菌, 其它主要种类还有Burkholderiaceae、Actinomarinaceae、Alteromonadaceae、黄杆菌科(Flavobacteriaceae)、假单胞菌科(Pseudomonadaceae)、Cyanobiaceae等; 古菌中亚硝化脒菌科(Nitrosopumilaceae)是最主要的优势菌, 其它主要种类还有Haloferacaceae、Nitrososphaeraceae Methanomethylophilaceae等。各测点微生物种类特异性较强, G4测点的细菌和古菌与其它测点区别较大。无论细菌和古菌群落, 水温、悬浮物和pH是影响研究海域微生物群落分布最主要的因素。

关键词

高通量测序, 贻贝养殖区, 细菌和古菌, 群落结构

Characteristic Analysis of Bacterial and Archaea Communities in Seawater from Mussel Culture Area of Shengsi, Zhejiang Province

*通讯作者。

文章引用: 毛宏跃, 赵卫红, 陈风帆, 钱冠磊, 罗韩燕, 张捷, 黄备. 浙江嵊泗贻贝养殖区海水中细菌与古菌群落的特征分析[J]. 海洋科学前沿, 2026, 13(3): 203-214. DOI: 10.12677/ams.2026.133027

Hongyue Mao¹, Weihong Zhao¹, Fengfan Chen¹, Guanlei Qian², Hanyan Luo¹, Jie Zhang¹, Bei Huang^{1*}

¹Marine Ecological and Environmental Monitoring Center of Zhejiang Province, Zhoushan Zhejiang

²Shengsi Ecological Environmental Monitoring Station of Zhoushan City, Zhoushan Zhejiang

Received: July 21, 2026; accepted: August 23, 2026; published: August 28, 2026

Abstract

China is the largest producer of shellfish aquaculture, and the coastal waters around Shengsi serves as an important production area of mussels in China. A comprehensive marine ecological environment survey was carried out around Shengsi mussel farms in order to provide technical support for the sustainable development of marine aquaculture industry. In this study, metagenomic analysis based on the Illumina Hiseq 16S rRNA high throughput sequencing technology was applied. A total of 33 phyla, 271 families and 425 genera of Bacteria, and 6 phyla, 14 families and 16 genera of Archaea were detected from the sea water samples. At phylum level, Proteobacteria was the dominant group, comprising 82.4% of the total bacterial sequences, other abundant groups included the phylum Actinobacteria, Bacteroidetes, Cyanobacteria, and Verrucomicrobia; and Thaumarchaeota was the dominant archaeal group, comprising 96% of the total archaeal sequences, Other abundant archaea groups included the phylum Euryarchaeota, Nanoarchaeaeota, Crenarchaeota, and Diapherotrites. At family level, Rhodobacteraceae dominated the bacterial abundance, and other major compositions included Burkholderiaceae, Actinomarinaceae, Alteromonadaceae, Flavobacteriaceae, and Pseudomonadaceae; Nitrosopumilaceae was the main archaeal group, and other abundant taxa included Haloferacaceae, Nitrososphaeraceae, Methanomethylophilaceae. The compositions of microbes in stations showed greater specificity, and bacterial and archaeal compositions at G4 site were largely different from those at other sites. Water temperature, suspended matter and pH were the most influential factors shaping the microbial community, bacteria and archaea included.

Keywords

High Throughput Sequencing, Mussel Culture Area, Bacteria and Archaea, Community Structure

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

海洋渔业是全球人类膳食的重要动物蛋白来源，随着人们对海产品需求的增长以及海洋渔业资源的逐年下降，海水养殖业迅速发展。中国拥有丰富的海洋渔业资源，海水养殖业迅猛发展，不仅带动了沿海渔区经济社会的发展，满足了城乡居民膳食营养结构多元化需求，也为保障国家食品安全、促进沿海渔民增收等做出了突出贡献[1]。贝类养殖在海水养殖业中占有重要地位，从产量来看，全国海水贝类的占比约在 70% 以上[2]。FAO FishStatJ 数据表明，2017 年我国海水贝类产量为 1362.7 万 t，约占当年世界贝类总产量的 77%。贝类出口量为 21.9 万 t，占当年世界贝类出口总量的 23%，出口创汇达 13.9 亿美元。由此可知，我国既是世界上最大的贝类生产国，又是最大的出口国[3]。

浙江嵊泗县海域水质肥沃、饵料丰富，有利于海洋生物的栖息繁殖，也为贻贝的养殖提供了良好的生

长环境，嵊泗县枸杞岛是我国重要的贻贝产地，被称为贻贝之乡。嵊泗贻贝是国家地理标志产品。2017 年嵊泗贻贝养殖面积超过 1333.3 hm²，年产量超过 8 万吨，年加工出口达 3000 吨，贻贝加工是当地的支柱产业。

微生物群落是地球生命的基础，通过催化驱动全球营养循环的生物地球化学反应以及生物群落直接相互作用，提供基本的生态系统服务[4]。海洋中存在着种类繁多的微生物，作为海洋生态系统的重要组成部分，这些微生物不仅是各种有机物的分解者和转化者，还是物质和能量的贮存者，在物质循环和能量流动中起到不可替代的作用[5]-[7]。养殖环境中的微生物随着养殖生物的生长过程，彼此相互作用、相互影响。随着养殖规模的扩大和养殖密度的提高，传统的养殖模式暴露出诸多问题，如海洋环境压力剧增，生态环境恶化和生态系统失衡[8]-[9]。

海洋环境中绝大多数微生物都是处于未可培养的状态，影响了对环境微生物的深入研究[10]。在众多的微生物中只有不到 1%的微生物能够通过培养的方法分离出来[11]。因此，需要结合现代生物技术方法才能更客观而全面地反映微生物群落结构的真实信息。随着近几年分子生物学技术的普及，从 DNA 水平研究微生物的多样性已成为当前研究最主要的技术手段，并推动了海洋微生物学的快速发展[12]。本文选择我国贝类养殖重要基地—嵊泗贻贝养殖区海域为研究对象，采用基于 Illumina 成熟的 HiSeq 高通量测序平台分别对海域细菌和古菌群落结构进行了全面深入的调查，并应用多种统计软件等常用群落分析工具，对海域微生物群落与环境因子的潜在联系进行了深入研究。分析贻贝养殖区海域微生物群落结构和空间分布特征、揭示养殖环境中海水水质因子与微生物的潜在联系，以期海洋养殖业的健康可持续发展提供一定的支撑。

2. 材料与方法

2.1. 样品采集

围绕浙江省舟山市嵊泗枸杞贻贝养殖区北、东、南侧周边海域设 4 个海域生态调查站位，站位经纬度见表 1。2021 年 7 月利用专业海洋调查船“浙海环监”号，开展海洋生态环境综合调查。其中微生物群落结构研究取表层海水于灭菌的 50 mL 冻存管中，-80℃液氮冷冻保存并带回实验室。

Table 1. Latitude and longitude of survey stations of Shengsi Gouqi mussel culture area
表 1. 嵊泗枸杞贻贝养殖区调查站位经纬度

站位	经度(°)	纬度(°)
G1	122.7130	30.7124
G2	122.7648	30.6979
G3	122.7790	30.7398
G4	122.7490	30.7470

2.2. 总 DNA 提取

各站位样品总 DNA 采用 MPbio DNA Kit 试剂盒(MPbio 公司，美国)提取，按说明书标准流程操作，并利用 Thermo NanoDrop One 检测所提取 DNA 的纯度和浓度。

2.3. 测序文库构建与测序

测序样品交由广东美格基因科技有限公司，按照 16SrRNA 高通量测序标准流程构建环境微生物 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区测序文库(引物序列：细菌 338F-ACTCCTACGGGAGGCAGCA，806R-GGACTAC-NNGGGTATCTAAT；古菌 519F-CAGCCGCCGCGGTAA，915R-GTGCTCCCCCGCCAATTCT)，并进行相应的质量控制，应用 Illumina Nova 6000 测序平台完成序列测定。

2.4. 测序数据分析

利用 fastp (v0.14.1)、cutadapt (v1.14)和 usearch (v10.0.240)等工具对原始测序数据进行剪切、过滤和拼接,获得有效序列。应用 usearch10 软件按 97%序列相似度划分 OTU (Operational Taxonomic Unit), 计算多样性指数。通过比对 Silva、Greengenes 等数据库进行物种注释。

对获取的 OTU 及种类组成数据,应用 R 语言 **vegan** 程序包进行主成分(PCA)分析,展示微生物群落的结构和空间差异;结合环境因子,进行冗余(RDA)分析,发掘其与环境的潜在联系。

2.5. 海域生态环境监测

海域生态环境监测内容包括:水温、盐度、pH、悬浮物、无机氮、活性磷酸盐、化学需氧量、石油类、砷、铜、镉、铅、浮游植物等。监测采样和分析方法按《海洋监测规范》(GB 17378-2007)和《海洋调查规范 第9部分:海洋生态调查指南》(GB/T 12763.9-2007)进行,并全程实施了质量控制。

3. 结果与讨论

3.1. 海域环境因子

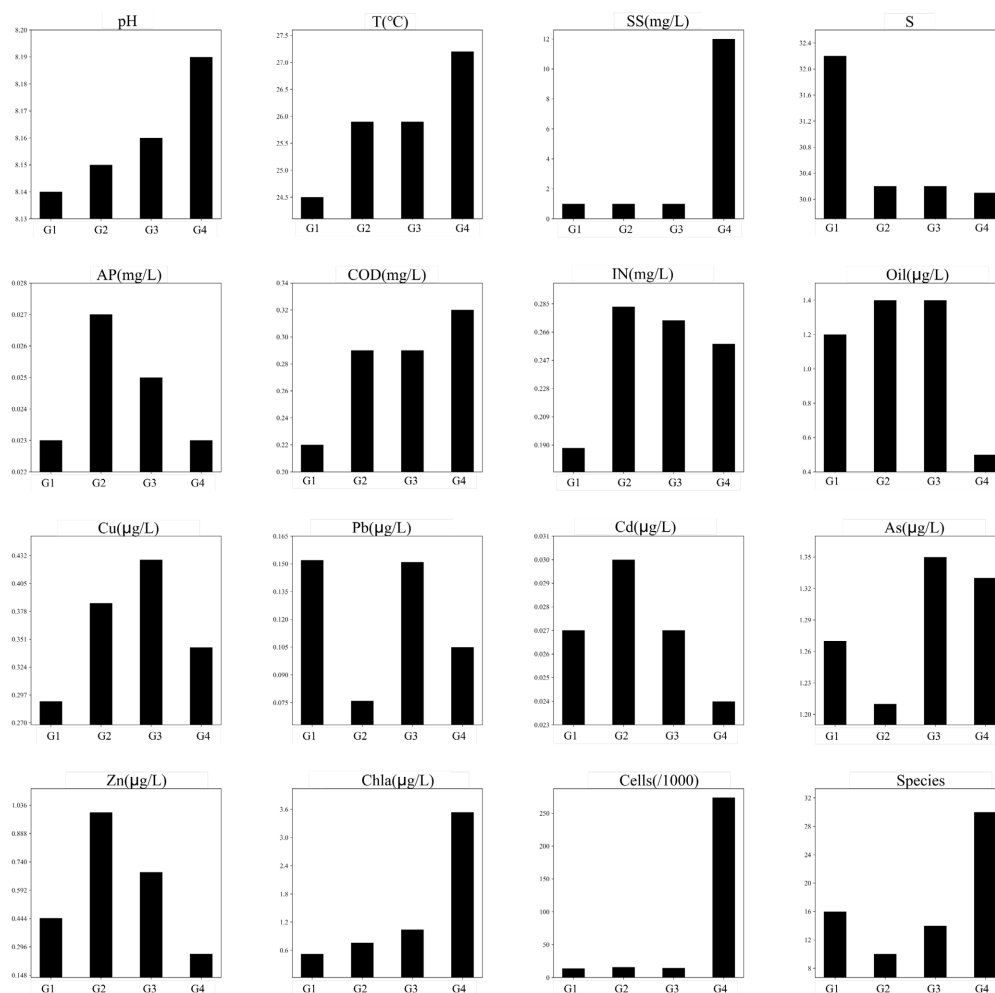


Figure 1. Distribution of main environmental factors in study area
图 1. 研究海域各测点主要环境因子

按 1.5 描述的方法开展海域环境调查,研究海域海水水质总体优良,营养盐、重金属等各项指标都符合国家《海水水质标准(GB 3097-1997)》二类标准限值。海域主要环境因子和浮游植物监测结果如图 1。各测点间水质因子存在着差异,其中 G4 测点与其它测点差异较大。G4 测站的悬浮物(SS)、水温(T)、叶绿素(Chla)高于其它三个测站,而石油类(Oil)和重金属锌(Zn)、重金属镉(Cd)又明显低于其它三测点。同样的情况, G4 测点浮游植物种类数为 30 种,明显高于其余三个测点(分别为 16、10 和 14 种), G4 测点的浮游植物细胞密度为 2.7×10^5 个/升,其余三个测点为 $(1.4、1.6 \text{ 和 } 1.4) \times 10^4$ 个/升。

3.2. 海域微生物群落

3.2.1. 序列统计

本研究对获得的海域表层海水的微生物原始序列经质量控制和序列优化,筛选出高质量序列,按 97% 序列相似度进行划分得到 OTU, 各测点细菌和古菌序列详细信息见表 2。

Table 2. Summary of sequence information of marine microbes
表 2. 海域微生物序列信息统计

	站位	原始序列	有效序列	优化序列	可操作分类单位 OTUs
细菌	G1	99466	98885	92282	356
	G2	108064	107457	100057	379
	G3	127096	124104	102766	419
	G4	88657	88208	82125	436
古菌	G1	84087	83181	74108	56
	G2	84693	84065	77740	26
	G3	91798	91096	83920	37
	G4	90944	89990	80746	44

3.2.2. 微生物种类组成

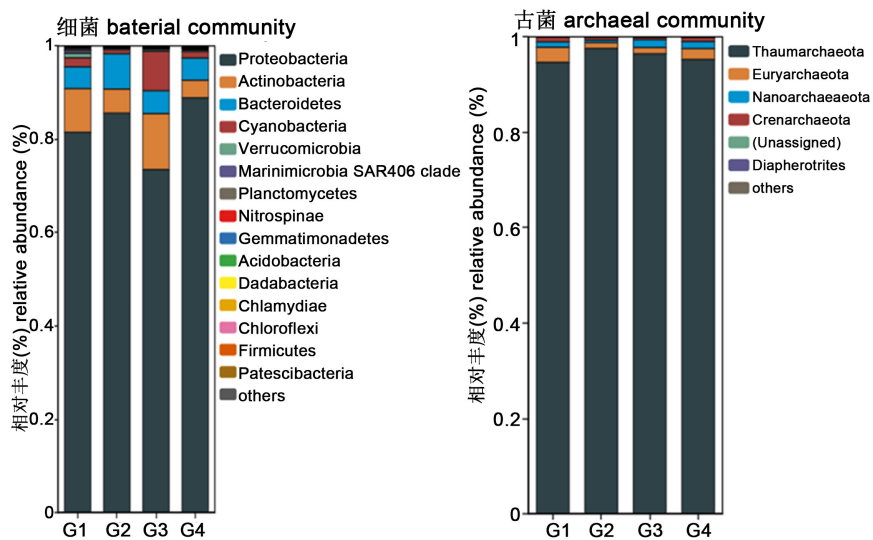


Figure 2. Species composition of bacteria and archaea (phylum level)
图 2. 海域细菌和古菌种类组成(门水平)

研究海域中鉴定得到细菌 33 门 71 纲 169 目 271 科 425 属；古菌 6 门 9 纲 12 目 14 科 16 属。从门水平上看，细菌中变形菌门(Proteobacteria)在各站位均表现出明显优势，其相对丰度占总数的 82.4%，其它较为丰富的门类包括放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia)；古菌中奇古菌门(Thaumarchaeota)在各站位均表现出明显优势，其相对丰度占总数的 96.0%，其它较为丰富的门类包括广古菌门(Euryarchaeota)、纳古菌门(Nanoarchaeota)、泉古菌门(Crenarchaeota)和 Diapherotrites。各站位细菌和古菌的门类组成详见图 2。从科水平上看，细菌中红细菌科(Rhodobacteraceae)是最主要的优势菌，其相对丰度占总数的 25.6%，其它主要种类还有 Burkholderiaceae、Actinomarinaceae、Alteromonadaceae、黄杆菌科(Flavobacteriaceae)、假单胞菌科(Pseudomonadaceae)、Cyanobiaceae 等；古菌中亚硝化侏儒菌科(Nitrosopumilaceae)是最主要的优势菌，其相对丰度占总数的 95.8%，其它主要种类还有 Haloferacaceae、Nitrososphaeraceae、Methanomethylophilaceae 等(图 3)。

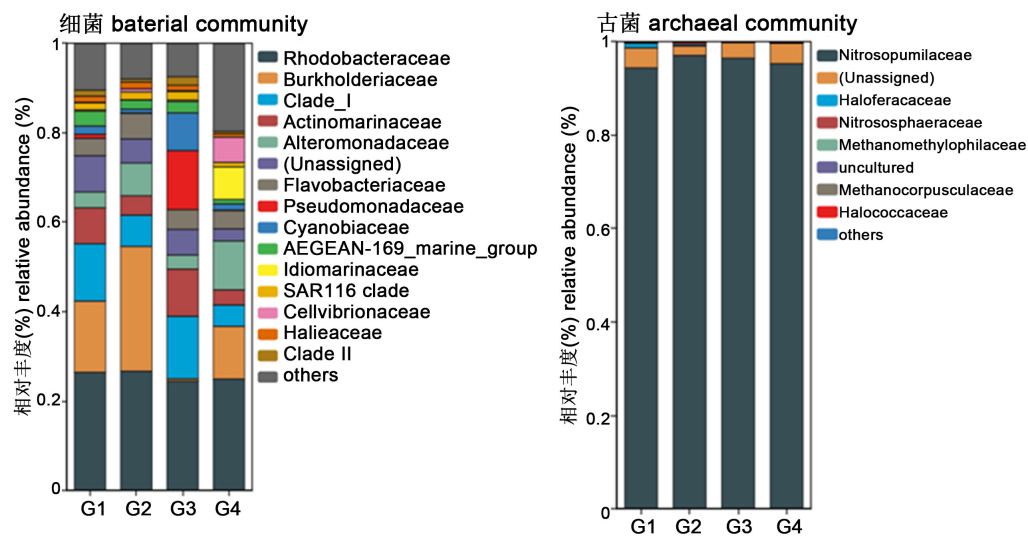


Figure 3. Species composition of bacteria and archaea (family level)
图 3. 海域细菌和古菌种类组成(科水平)

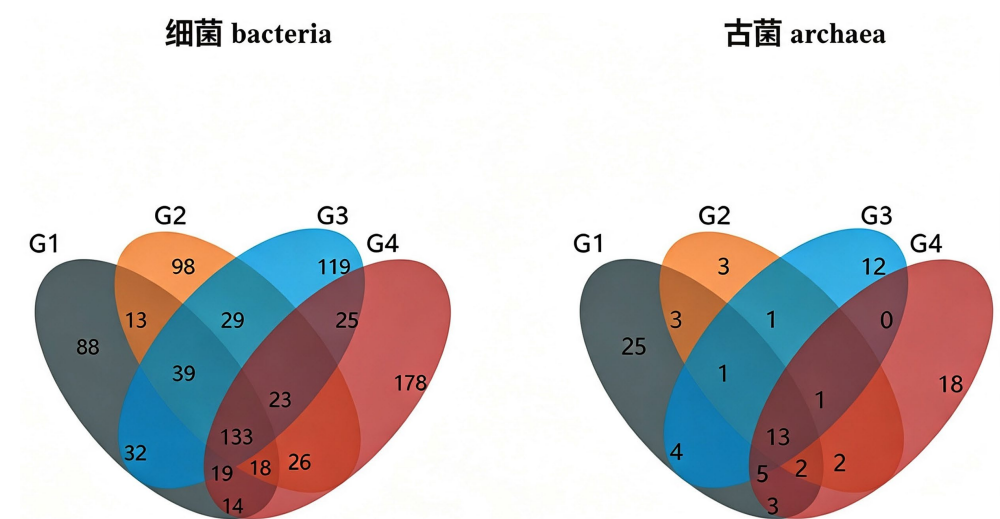


Figure 4. Differential analysis on bacterial and archaeal community community
图 4. 各测点细菌群落差异分析图

采用 OTU 水平上的 Venn-Diagram 图分析各测点微生物群落的差异如图 4 所示。总体上研究海域各测点微生物种类特异性较强，测点的特有种多于共有物种，特别是 G4 和 G1 测点。研究海域 OTU 水平上细菌共有 133 个共有物种，G4 测点却有 178 个特有种。同样，古菌只有 13 个共有物种，G4 和 G1 测点却分别有 18 和 25 个特有种。

3.2.3. 微生物多样性

按 97%序列相似水平计算 chao1、richness、shannon 和 simpson 多样性指数(表 3)。结果发现，总体细菌的物种多样性明显高于古菌。细菌中物种丰富度指数 chao1 指数和 richness 较高，均值分别为 397.6 和 397.5，远高于古菌的 44.2 和 40.8。反映物种均匀性和多样性的 shannon 指数和 simpson 指数，细菌的 shannon 指数平均为 5.20，古菌仅为 1.21；而 simpson 指数细菌平均为 0.068，古菌有 0.594，都显示出研究海域细菌物种多样性较高，古菌的多样性相对较低。

Table 3. Biodiversity of microbes
表 3. 海域微生物多样性指数

		chao1 指数	richness 指数	shannon 指数	simpson 指数
细菌	G1	356.2	356	5.26	0.0616
	G2	379.2	379	4.72	0.109
	G3	419.1	419	5.20	0.0592
	G4	436.1	436	5.63	0.0432
	平均	397.6	397.5	5.20	0.068
古菌	G1	59.1	56	1.36	0.559
	G2	27.4	26	1.11	0.59
	G3	38.4	37	1.12	0.627
	G4	52	44	1.26	0.599
	平均	44.2	40.8	1.21	0.594

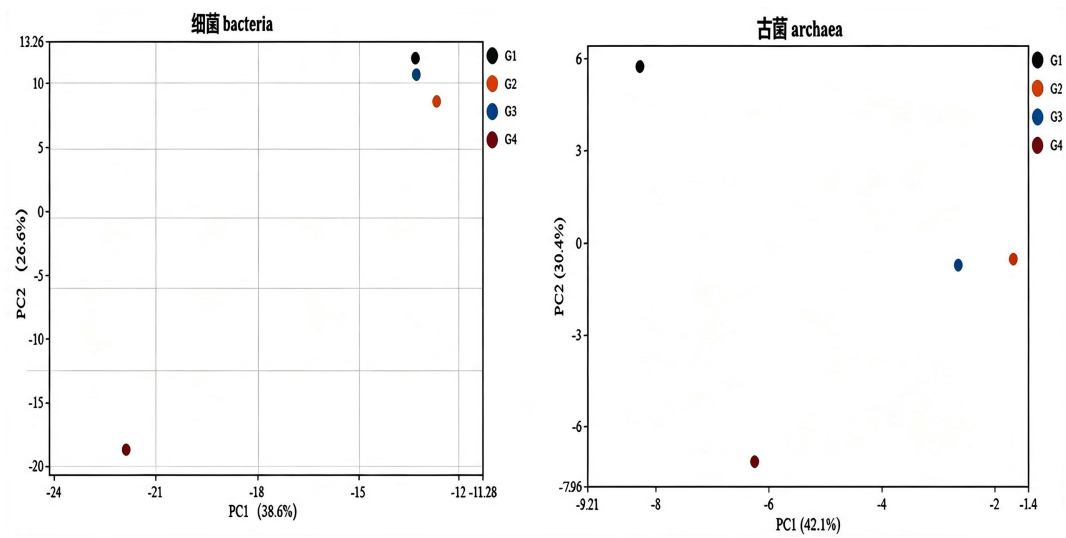


Figure 5. Principal Component Analysis of bacterial and archaeal community
图 5. 海域细菌和古菌群落 PCA 图

PCA 分析(Principal Component Analysis), 即主成分分析, 通过分析不同样品 OTU (97%相似性)组成可以反映样品间的差异和距离。图 5 显示 4 个测点微生物群落存在着一定的差异, 其中 G4 测点的细菌与其它测点距离较远, 其余三个测点则比较接近, 说明 G4 测点细菌群落与其余测点的差异较大; 古菌 G1 和 G4 测点距离较远, G2 和 G3 相对接近, 总体上研究海域的微生物群落结构存在着比较明显的差异。

3.3. 对环境因子的响应

为了直观反映微生物与环境因子之间的相关关系, 首先应用 R 软件对 OTU 及环境因子数据进行去趋势对应分析, 即 DCA (Detrended correspondence analysis)分析, 根据结果确定采用基于线性模型的冗余分析(Redundancy analysis RDA)进行排序。研究海域细菌和古菌科水平群落与主要环境因子的 RDA 排序。细菌和古菌的 RDA 分析第一轴和第二轴分别解释了总变异的 95.7%和 99.5% (图 6、图 7), 这表明主要环境因子在很大程度上解释了微生物群落的变异。图中蓝色圆点代表微生物门类, 射线代表环境因子。环境因子的射线越长, 表明该因子对研究对象的影响程度越大。而微生物到环境因子垂直距离的长短决定了两者之间的相关性大小, 距离越短相关性越大, 距离越长相关性越小。从图 6 和图 7 可知, 悬浮物、pH 和水温对微生物科水平的群落分布影响较大, 细菌中的交替菌科(Alteromonadaceae)、Idiomarinaceae 科和 Cellvibrionaceae 科与这三环境因子存在一定的相关性, 古菌中亚硝化侏儒菌科(Nitrosopumilaceae)与水温有较大的正相关。

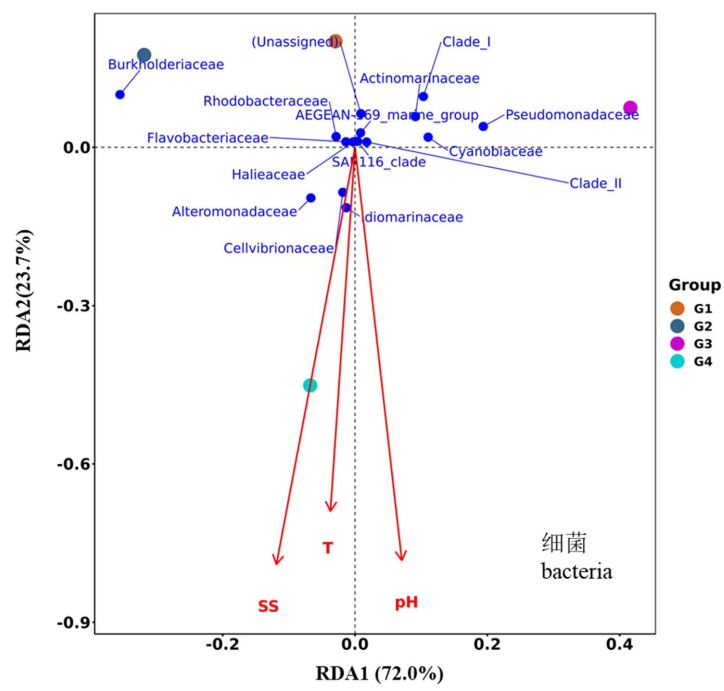


Figure 6. RDA ordination of bacterial composition and environmental factors (family level)
图 6. 细菌组成与环境因子 RDA 排序(科水平)

4. 讨论

海洋微生物是海洋生态系统的重要组成部分, 在海洋碳、氮、磷和硫等生源要素的矿化和循环中具有关键作用[13]。养殖水体中微生物多样性十分丰富, 养殖动物及养殖水体环境微生物种类和数量是养殖

动物能否健康成长的关键因素[14]，同时养殖活动可影响海水中微生物多样性以及微生物群落的组成和分布，进而扰乱相应水域微生物的生态功能[15]。考虑到古菌在海洋生物圈中起着极其重要的作用，具有独特代谢功能，影响着海洋生态系统碳、氮、硫和铁等元素的循环[16]。本研究针对我国重要的贻贝养殖基地浙江省舟山市嵊泗海域，基于 16SrRNA 序列分析，分别对养殖海水中细菌和古菌群落结构及环境因子的响应进行了分析研究。结果发现，嵊泗贻贝养殖区海水细菌中变形菌门是最主要的优势菌，在各站位均表现出明显优势；其它较为丰富的门类包括放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门和疣微菌门等；古菌中奇古菌门是最主要的优势菌，其它较为丰富的门类包括广古菌门、纳古菌门、泉古菌门和 Diapherotrites 等。各测点微生物种类特异性较强，各测点的特有种远多于海区共有物种。悬浮物、pH 和水温是对微生物群落影响较大的三个环境因子。

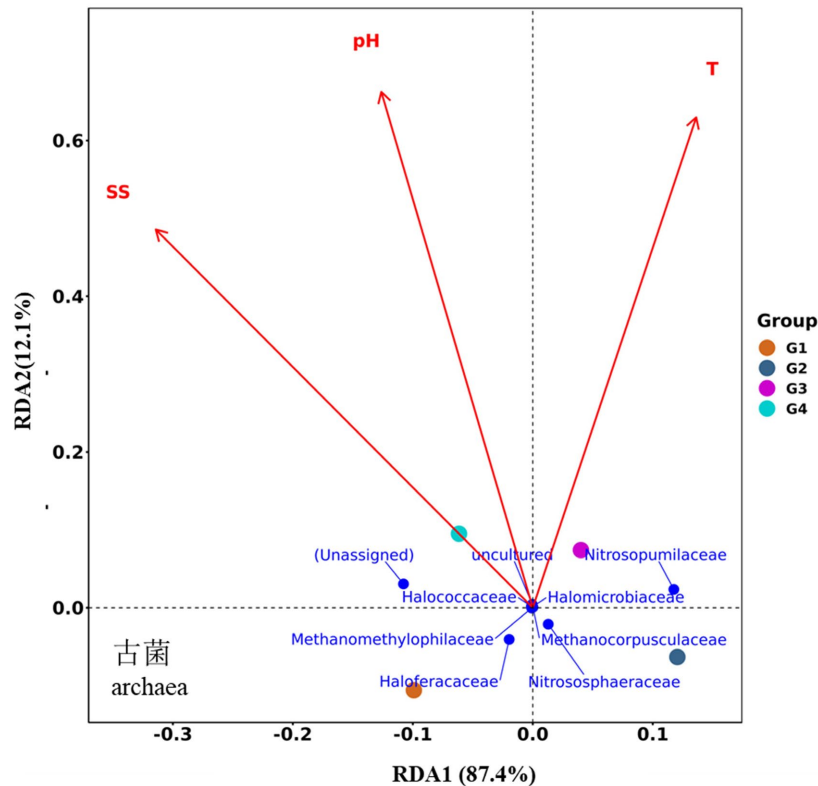


Figure 7. RDA ordination of archaeal composition and environmental factors (family level)
图 7. 古菌组成与环境因子 RDA 排序(科水平)

总体上，目前针对海洋贝类养殖环境微生物生态的报道尚比较匮乏。李斯远等对浙江省舟山市的东极和嵊泗贻贝养殖海域的微生物群落开展了研究，结果发现变形菌门、拟杆菌门、广古菌门、放线菌门等是研究海域主要海水微生物门类，变形菌门是最大优势门类[17]。马景雪等对山东省黄岛贝类养殖区细菌群落结构及环境因子进行了调查分析，同样发现变形菌门、放线菌门、Mactinobacteria、拟杆菌门、厚壁菌门、绿弯菌门、疣微菌门等[18]。另外，刘强等分析了舟山群岛不同功能区划海域细菌群落结构，丰度较高的细菌门类依次是：变形菌门、拟杆菌门、蓝藻门、放线菌门等[19]，尹冰玉等在嵊泗枸杞岛海藻养殖场调查中也得到类似结果[20]。上述报道与本文的结果非常一致，从门水平上看，本次调查中变形菌门都是最主要的优势菌，放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门和疣微菌门等主要细菌也是这一海域研究报道的主要细菌门类。从科水平上看，红细菌科是本次调查最主要的优势菌，付新华等调查山东海洋保护区

表层海水微生物多样性时发现, 红细菌科是渤海海洋保护区表层海水的第一优势菌[21]。

古菌生活于极端环境(如高盐、高温、低 pH 和缺氧)中, 与细菌域和真核生物域并列列为生物的三大域[22], 在海洋生态系统的物与能量循环中扮演着重要角色[23]。本次调查发现奇古菌门是古菌中最主要的优势菌。Brochier-Armanet 等 2008 年建议将中温环境来源的古菌划分为一个新门, 作为古菌域的第三个主要类群——Thaumarchaeota (奇古菌门), 这一划分系统提出后迅速得到各方面研究证据的支持, 近来的研究结果展示了奇古菌在氨氧化和固碳方面的特殊能力[24]。蔡小龙等对珠三角养殖水体的微生物群落结构研究中发现, 奇古菌是最主要的优势菌[25]。另外在珠江口和辽河口沉积物的古菌和细菌群落结构调查结果, 发现奇古菌是古菌的第一优势菌门(72.73%), 并且在属水平上亚硝化侏儒菌科的某些属(*Candidatus Nitrosopumilus*)是最主要的优势菌群[26][27], 这些与本文结果非常一致。但本文结果与李斯远、刘强等人的结果有所不同, 这可能与历次调查研究的实验方法差异有关。李斯远、刘强等的调查均使用细菌通用引物进行扩增, 而本文及张慧珍、蔡小龙的研究中选择专用引物针对古菌进行扩增。

结合图 2 可以发现, G4 测点海水的 pH、悬浮物、水温、石油类等环境因子与其它测点差异较大, 并且 G4 的浮游植物数量、种类和叶绿素浓度与其它三测点有很大的差异。主成分分析(图 6)发现无论细菌还是古菌群落, 本研究四个测点中 G4 测点与其余测点差异较大。已有研究表明, 微生物群落结构与环境变量之间有着密切的联系, 不同的环境因子导致了细菌群落构成的多样性。不同的海区具有独特环境条件, 促进微生物生长分布的主要环境因子也各不相同。众多学者已证实影响海洋微生物分布的主要环境因素有: 水温、盐度、pH [28][29]、悬浮物[30]和无机营养盐等[31], 并且环境因子是导致养殖区域古菌群落结构区别于非养殖区域的主要因素[32]。江沛霖使用高通量测序方法对我国东南沿海水产养殖海域中海洋微塑料颗粒附着细菌群落进行了研究, 结果发现: 科水平上红细菌科是水体和塑料颗粒中最主要的细菌, 环境因子相关性分析显示温度是影响这类细菌丰度的主要原因[33]。与此类似, 本研究通过 RDA 排序分析微生物多样性(科水平)与环境因子的相关性(图 7), 结果发现在贝类养殖区海域无论细菌和古菌群落, 水温、悬浮物和 pH 是影响研究海域微生物群落分布最主要的因素, 同时发现红细菌科是贻贝养殖区最主要的细菌。调查海域处于长江口和杭州湾交汇处, 潮汐强盛、水文条件复杂, 长江、钱塘江等入海河流对调查海域环境影响较大, 本研究的结果验证了江沛霖的研究成果。综上所述, 悬浮物、水温、盐度和 pH 是影响嵊泗贻贝养殖区细菌和古菌群落结构最主要的环境因素。

由于时间、经费等条件的限制, 本文仅在研究养殖区周边设置 4 个点位于夏季开展了一次调查, 无论从调查的空间范围和时间频率都存在着不足。下一步应从空间上在养殖区内部设置调查点位; 从时间上调查期间应包含苗种投放、贻贝生长、贻贝收割等养殖活动关键时期。通过深入研究, 完整掌握养殖区海域微生物群落时空分布及对环境因子的响应机制。

5. 结论

(1) 应用 Illumina HiSeq16SrRNA 高通量测序技术, 在贻贝养殖基地附近海域中鉴定得到细菌 33 门 71 纲 169 目 271 科 425 属; 古菌 6 门 9 纲 12 目 14 科 16 属。从门水平上看, 细菌中变形菌门为第一优势菌, 其它较为丰富的门类包括放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门和疣微菌门; 古菌中奇古菌门是第一优势菌, 其它较为丰富的门类包括广古菌门、纳古菌门、泉古菌门和 *Diapherotrites*。海域细菌物种多样性较高, 古菌的多样性相对较低。

(2) 研究海域各测点微生物种类特异性较强, 特有种多于共有物种, 测点间微生物群落有差异。其中 G4 测点的细菌和古菌与其它测点区别较大。

(3) RDA 排序分析微生物多样性(科水平)与环境因子的相关性(图 7), 结果发现在贝类养殖区海域无论细菌和古菌群落, 水温、悬浮物和 pH 是影响研究海域微生物群落分布最主要的因素。

基金项目

浙江省生态环境行业领域科技计划项目(2026HJB0903), 舟山市应用技术研究项目(2023C31075 和 2026C31079)。

参考文献

- [1] 韩杨. 1949 年以来中国海洋渔业资源治理与政策调整[J]. 中国农村经济, 2018(9): 14-28.
- [2] 廖凯, 杨正勇. 中国海水养殖业比较优势分析[J]. 中国渔业经济, 2019, 37(5): 22-29.
- [3] 徐岩, 朱玉贵. 山东省海水贝类养殖产业变化特征分析[J]. 现代农业科技, 2020(12): 215-220.
- [4] Bodelier, P.L.E. (2011) Toward Understanding, Managing, and Protecting Microbial Ecosystems. *Frontiers in Microbiology*, **2**, Article 80. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2011.00080>
- [5] Madoni, P. and Braghiroli, S. (2007) Changes in the Ciliate Assemblage along a Fluvial System Related to Physical, Chemical and Geomorphological Characteristics. *European Journal of Protistology*, **43**, 67-75. <https://doi.org/10.1016/j.ejop.2006.09.004>
- [6] Kato, S., Ikehata, K., Shibuya, T., Urabe, T., Ohkuma, M. and Yamagishi, A. (2014) Potential for Biogeochemical Cycling of Sulfur, Iron and Carbon within Massive Sulfide Deposits Below the Seafloor. *Environmental Microbiology*, **17**, 1817-1835. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12648>
- [7] 修玉娜, 陈松泽, 李雪英, 姜亚洲, 等. 象山港典型生境沉积物反硝化细菌群落丰度与结构多样性[J]. 生态学杂志, 2021, 40(1): 84-92.
- [8] 郭超. 象山港贝类养殖区海洋细菌多样性及季节变化特征[D]: [硕士学位论文]. 青岛: 中国海洋大学, 2011.
- [9] 谢玲, 李海燕, 徐华兵, 钟名其, 陈伟洲, 杜虹. 深澳湾海水养殖生态系统健康评估[J]. 生态学杂志, 2014, 33(5): 1233-1242.
- [10] Arakaki, A., Shibusawa, M., Hosokawa, M. and Matsunaga, T. (2010) Preparation of Genomic DNA from a Single Species of Uncultured Magnetotactic Bacterium by Multiple-Displacement Amplification. *Applied and Environmental Microbiology*, **76**, 1480-1485. <https://doi.org/10.1128/aem.02124-09>
- [11] Gans, J., Wolinsky, M. and Dunbar, J. (2005) Computational Improvements Reveal Great Bacterial Diversity and High Metal Toxicity in Soil. *Science*, **309**, 1387-1390. <https://doi.org/10.1126/science.1112665>
- [12] Venter, J.C., Remington, K., Heidelberg, J.F., Halpern, A.L., Rusch, D., Eisen, J.A., *et al.* (2004) Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea. *Science*, **304**, 66-74. <https://doi.org/10.1126/science.1093857>
- [13] Kinghorn, A.D., Chin, Y.W. and Swanson, S.M. (2009) Discovery of Natural Product Anticancer Agents from Biodiverse Organisms. *Current Opinion in Drug Discovery & Development*, **12**, 189-196.
- [14] 胡东. 凡纳滨对虾养殖水体中亚硝酸盐转化的微生物特征与细菌菌群动态变化[D]: [硕士学位论文]. 厦门: 厦门大学, 2017.
- [15] 胡常巨, 熊金波, 陈和平, 王凯, 叶然, 崔永平, 朱建林, 张德民. 象山港网箱养殖区与非养殖区的细菌群落分布[J]. 生态学报, 2015, 35(24): 8053-8061.
- [16] Beman, J.M. (2014) Activity, Abundance, and Diversity of Nitrifying Archaea and Denitrifying Bacteria in Sediments of a Subtropical Estuary: Bahía Del Tóbari, Mexico. *Estuaries and Coasts*, **37**, 1343-1352. <https://doi.org/10.1007/s12237-013-9716-y>
- [17] 李斯远, 何治江, 吕泓玥, 汤秋晗, 等. 厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)养殖海域与天然生长海域的微生物群落比较研究[J]. 海洋与湖沼, 2021, 52(1): 196-205.
- [18] 马景雪, 张培玉, 王宗兴, 郑明刚, 高萍, 曲凌云, 郑风荣. 黄岛近海岸贝类养殖区细菌群落结构多样性及环境因子响应[J]. 水产学报, 2022, 46(6): 984-994.
- [19] 刘强, 赵本宣, 李汝伟, 吴冬梅, 徐大鹏, 程传东, 赵淑江. 舟山群岛不同功能区划海域细菌群落结构分析[J]. 微生物学报, 2018, 58(2): 247-263.
- [20] 尹冰玉, 章守宇. 枸杞岛海藻场沉积物细菌群落组成的初步研究[J]. 上海海洋大学学报, 2011, 20(1): 126-130.
- [21] 付新华, 刘国宁, 何健龙, 马元庆, 宋秀凯, 孟丽, 贾青妹. 山东省渤海海洋保护区典型海域表层海水微生物群落多样性分析[J]. 海洋科学, 2017, 41(1): 39-47.
- [22] Woese, C.R. and Fox, G.E. (1977) Phylogenetic Structure of the Prokaryotic Domain: The Primary Kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **74**, 5088-5090. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.11.5088>

-
- [23] 任立成, 李美英, 鲍时翔. 海洋古菌多样性研究进展[J]. 生命科学研究, 2006, 10(S1): 67-70.
- [24] 张丽梅, 贺纪正. 一个新的古菌类群-奇古菌门(Thaumarchaeota) [J]. 微生物学报, 2012, 52(4): 411-421.
- [25] 蔡小龙, 罗剑飞, 林伟铁, 田国梁. 珠三角养殖水体中参与氮循环的微生物群落结构[J]. 微生物学报, 2012, 52(5): 645-653.
- [26] 陈烨, 张玉, 甄毓, 米铁柱, 贺惠, 王勋功. 南海东北部珠江口盆地沉积物中古菌群落垂向分布研究[J]. 海洋环境科学, 2017, 36(5): 735-740.
- [27] 张慧珍, 常永凯, 陈泉睿, 明红霞, 苏洁, 石岩, 殷旭旺, 樊景凤. 辽河口沉积物中古菌和细菌群落结构分析[J]. 海洋学报, 2018, 40(6): 113-130.
- [28] 杨季芳, 王海丽, 陈福生, 屠霄霞, 陈吉刚, 冯辉强. 象山港海域细菌的分布特征及其环境影响因素[J]. 生态学报, 2011, 31(14): 4007-4018.
- [29] 陈梦齐, 刘紫丹, 戴文芳, 叶仙森, 梁新友, 熊金波. 象山港电厂温排水增温对浮游细菌群落空间分布的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(20): 6574-6582.
- [30] 夏耘, 邱立疆, 郁二蒙, 谢骏, 王广军, 余德光, 吉红. 生物絮团培养过程中养殖水体水质因子及原核与真核微生物的动态变化[J]. 中国水产科学, 2014, 21(1): 75-83.
- [31] Bacelar-Nicolau, P., Nicolau, L.B., Marques, J.C., Morgado, F., Pastorinho, R. and Azeiteiro, U.M. (2003) Bacterioplankton Dynamics in the Mondego Estuary (Portugal). *Acta Oecologica*, **24**, S67-S75.
[https://doi.org/10.1016/s1146-609x\(03\)00016-x](https://doi.org/10.1016/s1146-609x(03)00016-x)
- [32] 陈明明, 王少璞, 韦梦, 何佳颖, 郑邦旭, 裘琼芬. 象山港网箱养殖区沉积物的古菌空间分布[J]. 生态学报, 2014, 34(14): 4099-4106.
- [33] 江沛霖. 中国东南沿海部分区域微塑料附着微生物研究[D]: [硕士学位论文]. 上海: 华东师范大学, 2018.