永乐环礁表层海水细菌群落多样性及功能预测

舒艾梅[1,2], 宫春光[1], 黄惠琴[2], 胡永华[2,3], 莫坤联[2*]

（1. 河北农业大学海洋学院，河北 秦皇岛 066003；
2. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所，海南 海口 571101；
3. 中国热带农业科学院 湛江实验站，广东 湛江 524013）

摘　要：为探究永乐环礁表层海水环境中细菌群落结构组成以及差异性，采集了 6 个岛礁的表层海水样品，利用高通量宏条形码测序技术分析了不同岛礁海水细菌的群落结构组成差异，并探索了环境因子对细菌群落结构的影响，同时对菌群功能基因进行了预测分析。共获得优化序列 891 892 条，聚类为 7 499 个操作分类单元（Operational Taxonomic Units, OTUs），隶属于 49 个门、144 个纲、392 个目、663 个科和 1 274 个属。优势细菌类群主要包括变形菌门（Proteobacteria）、蓝细菌门（Cyanobacteriota）、拟杆菌门（Bacteroidota）、放线菌门（Actinobacteriota）、髌骨细菌门（Patescibacteria）和厚壁菌门（Firmicutes）。通过冗余分析发现主要的环境影响因子为电导率、pH 值和温度。PICRUSt 功能预测结果显示不同岛礁中细菌主要涉及 6 个生物代谢通路及 46 个子功能，共得到 399 个三级通路相关功能基因，其中代谢途径和次生代谢产物等方面的功能基因较为丰富。本文初步揭示了永乐环礁 6 个岛屿表层海水微生物群落组成与基因功能预测，可为研究永乐群岛岛礁生态及环境保护提供一定的参考，并为后续进一步的微生物资源调查和开发利用提供基础研究数据。

关键词：永乐环礁；细菌多样性；环境因子；功能预测

中图分类号：Q938　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1671-6647（2024）04-0725-13

doi: 10.12362/j.issn.1671-6647.20230725001

引用格式： 舒艾梅, 宫春光, 黄惠琴, 等, 2024. 永乐环礁表层海水细菌群落多样性及功能预测[J]. 海洋科学进展, 42(4): 725-737. SHU A M, GONG C G, HUANG H Q, et al, 2024. Diversity and functional prediction of bacterial communities in surface seawater of Yongle atoll[J]. Advances in Marine Science, 42(4): 725-737.

西沙群岛是我国南海诸岛中数量最多、陆地面积最大的群岛，扼守着中国南海的东南门户，在国际上具有极其重要的地位。永乐环礁作为西沙群岛典型的大洋型珊瑚环礁（方周等, 2021），其蕴藏着丰富的微生物资源，不仅参与珊瑚礁生态系统的化学循环和物质转化，还与珊瑚礁生态系统中各种生物的健康息息相关（周进等, 2014）。微生物是海洋生物中数量最多、种类最为丰富的一类生物，而表层海水则是海洋中生命活动最活跃的区域之一。表层海水中的浮游细菌以其高物种多样性和高代谢活性等特性支撑起整个海洋表层生态系统，并在碳循环和光能转换以及食物链平衡中发挥着重要作用（洪居恳, 2020）。了解表层海水细菌的群落组成、结构和分布特征，揭示微生物的代谢特性，是深入了解海洋微生物生态功能的前提。目前，利用高通量测序技术对南海岛礁微生物的多样性研究主要集中在沉积物（张浩等, 2013; 刘瑞志等, 2019; 杨睿, 2019; Zhang et al, 2019; 苏洁等, 2020）

收稿日期：2023-07-25　　**网络首发日期：**2024-05-23
资助项目：海南省自然科学基金青年基金项目（323QN278）；农业农村部财政专项（NFZX2021）
作者简介：舒艾梅（1998—），女，硕士研究生，主要从事海洋生物多样性方面研究. E-mail: 18136523522@163.com
*** 通信作者：**莫坤联（1985—），女，工程师，硕士，主要从事海洋微生物方面研究. E-mail: mokunlian@163.com

（胡筱敏　编辑）

和生物体(赵金发等, 2023)，对表层海水中微生物群落组成以及功能基因多样性进行的相关研究却鲜有报道。

本文通过高通量测序技术，分析了永乐环礁 6 个岛礁表层海水样品的细菌物种组成、群落结构及多样性的变化规律，并对菌群功能进行预测，为进一步了解各岛礁中的细菌群落结构组成差异与生态环境之间的关联提供数据支持，也为南海微生物资源的进一步开发利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

结合岛礁分布和开放区划情况，在晋卿岛(JQ)、石屿(SY)、银屿(YY)、鸭公岛(YG)、甘泉岛(GQ)和羚羊礁(LY)六个岛礁各选择 3 个采样位点(图 1)，于 2019 年 9 月 24 日至 9 月 30 日随中国热带农业科学院热带生物技术研究所科考船在每个位点分别采集 3 份表层海水样品，除石屿样品为上午采集外，其余样品均在下午采集。现场使用水质检测仪(AZ86031)测量各采样点的电导率(Electrical Conductivity, EC)、温度(t)和 pH 值。每份水样取 0.5 m 深海水样品 15 L，使用 3 μm 微孔滤膜去除大颗粒杂质后，再经 0.22 μm 和 0.1 μm 微孔滤膜分别进行真空抽滤。将抽滤完毕的 0.22 μm 和 0.1 μm 滤膜合并后放置于 2 mL 无菌离心管中，于−20 ℃ 冰箱中保存并带回实验室。各水样的氨氮(NH_3-N)、总磷(Total Phosphorus, TP)和总氮(Total Nitrogen, TN)的质量浓度使用多参数水质测定仪(JH-TD403)在实验室完成测定。

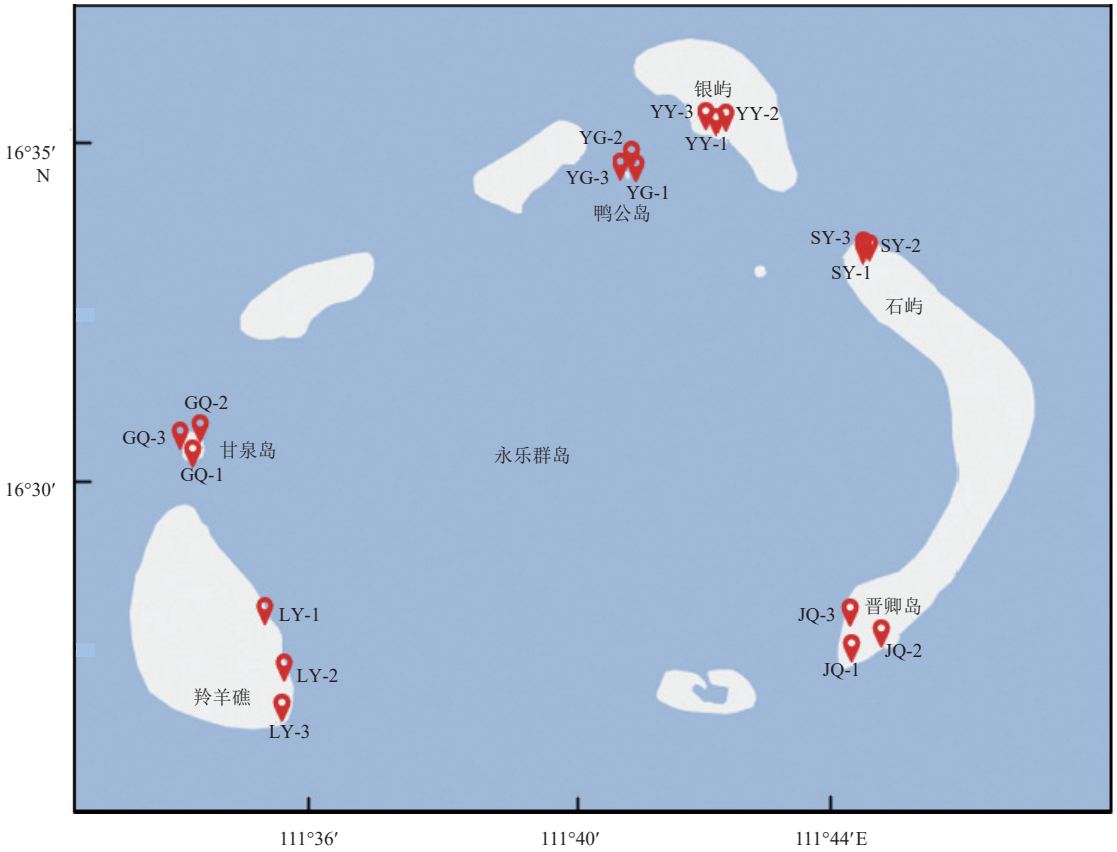


图 1 采样位点分布

Fig. 1 The geographic location of sampling sites

1.2　总 DNA 提取及 16S rRNA 基因序列扩增

细菌总 DNA 的提取和 PCR 扩增以及序列测定均在上海美吉生物医药科技有限公司完成。细菌总 DNA 提取的主要流程为：第一，使用 FastDNA® Spin Kit for Soil 试剂盒（MP Biomedicals, USA）抽提滤膜样品总 DNA；第二，检测 DNA 浓度和纯度后使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取的质量。PCR 扩增及序列测定的主要操作流程为：首先，采用引物 338F（5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′）和 806R（5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′）对样品 16S rRNA 基因的 V3～V4 区进行扩增；其次，将同一样本的 PCR 扩增产物混合，利用 2% 琼脂糖凝胶回收；再对回收产物定量检测，使用 NEXTFLEX®Rapid DNA-Seq Kit 进行建库；最后，在 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序。

1.3　生物信息学分析

测序数据经长度过滤、去除嵌合体得到优化序列，根据 97% 的相似度对序列进行 OTU（Operational Taxonomic Units）聚类。将 OTU 代表序列对照 Silva 数据库（silva138/16s_bacteria）分类比对，获得注释后的代表性 OTU。去除比对到叶绿体和线粒体的 OTU 再进行抽平，将获得优化后的 OTU 用于后续的分析。

数据分析在美吉生信云分析平台（https://cloud.majorbio.com/）上进行，包括对 6 个岛礁样本的 OTU 注释、Alpha 多样性分析、Beta 多样性分析、不同组间的差异物种组成以及 PICRUSt2 功能预测等。

2　结果与分析

2.1　采样点环境特点

6 个岛礁 18 个采样位点的各生态因子和营养盐数据见表 1，其样本名称以所在位点名命名。由表 1 可见，该批次样品采集时海水温度多在 30 ℃ 左右，pH 值偏碱。不同岛礁样品的电导率除晋卿岛较低外，其余岛礁变化较小，均在 50 μS/cm 左右。在所有营养盐数据中，氨氮质量浓度在甘泉岛样品中较高，而在其他岛礁中相对稳定；总磷质量浓度在羚羊礁海水样品中较高；总氮的质量浓度在羚羊礁和鸭公岛较高。

表 1　各采样点环境因子检测结果

Table 1　The environment factors of each sampling station

样品名称	t/℃	pH	EC/(μS·cm^{-1})	NH_3-N 质量浓度/(mg·L^{-1})	TP 质量浓度/(mg·L^{-1})	TN 质量浓度/(mg·L^{-1})
GQ-1	33.7	8.25	49.6	1.132	0.083	19.99
GQ-2	31.2	8.24	49.8	1.269	0.051	20.68
GQ-3	31.7	8.35	49.2	1.779	0.042	20.28
JQ-1	30.4	8.47	29.5	0.531	0.019	23.59
JQ-2	30.3	8.49	29.8	0.543	0.021	23.42
JQ-3	30.4	8.53	29.4	0.537	0.024	23.63
LY-1	27.7	8.22	49.6	0.346	0.357	34.37
LY-2	27.7	8.28	50.6	0.307	0.409	34.79
LY-3	27.6	8.06	50.9	0.200	0.371	33.09
SY-1	21.6	8.25	49.9	0.418	0.056	19.04
SY-2	21.8	8.29	50.1	0.426	0.052	19.06
SY-3	21.4	8.24	50.2	0.436	0.054	19.30

续表

样品名称	t/℃	pH	EC/(μS·cm^{-1})	NH_3-N 质量浓度/(mg·L^{-1})	TP 质量浓度/(mg·L^{-1})	TN 质量浓度/(mg·L^{-1})
YG-1	28.2	8.32	51.2	0.433	0.055	32.48
YG-2	28.0	8.27	51.2	0.445	0.052	32.46
YG-3	28.0	8.24	51.3	0.447	0.062	32.37
YY-1	28.1	8.30	49.1	0.336	0.069	20.80
YY-2	28.1	8.28	50.6	0.245	0.062	19.43
YY-3	28.0	8.31	51.1	0.387	0.058	23.12

2.2 物种注释与评估

2.2.1 OTU 分析

对 18 份 16S rDNA 文库进行测序，共获得有效拼接序列 552 366 条。对所有序列按照 97% 相似水平进行物种注释，共产生 7 364 个 OTU，隶属于 43 个门、138 个纲、383 个目、652 个科、1 264 个属和 2 280 个种。

2.2.2 Alpha 多样性分析

利用 ACE、Shannon、Simpson 和 Chao1 指数以及 Coverage（覆盖率）等 Alpha 多样性指数表征物质的丰富度和多样性，如表 2 所示，样品分析覆盖率均达到 97% 以上，表明各岛礁的样本覆盖率较为全面，测序数据真实可信。Chao1 和 ACE 指数能反映细菌群落的丰富度，其数值越大代表样本细菌群落丰富度越高。甘泉岛样本的 Chao1 和 ACE 丰富度指数最高，羚羊礁最低，表明甘泉岛样本的细菌群落丰富度最高、羚羊礁最低。Shannon 和 Simpson 指数反映的是微生物群落的多样性，分析结果表明羚羊礁和甘泉岛的物种多样性较高，而鸭公岛样品的物种多样性最低。

表 2 不同岛礁的细菌 Alpha 多样性指数

Table 2 Alphadiversity index ofbacteria in different islands and reefs

岛 礁	OTU 数	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率/%
GQ	1 260	3 018	3 525	4.950	0.034	97.2
JQ	842	2 540	3 296	4.251	0.043	97.6
LY	1 042	1 231	1 255	5.073	0.026	99.3
SY	781	2 020	2 709	4.172	0.059	98.1
YG	973	2 485	2 908	3.572	0.160	97.6
YY	959	1 523	1 915	4.290	0.083	99.0

2.3 物种组成分析

2.3.1 样本与物种关系

分析物种与样本关系发现，所有样品的优势菌门为变形菌门（Proteobacteria）、蓝细菌门（Cyanobacteriota）、拟杆菌门（Bacteroidota）、放线菌门（Actinobacteriota）、髌骨细菌门（Patescibacteria）和厚壁菌门（Firmicutes）（图 2）。变形菌门在各个岛礁样本中的相对丰度均为 50.0% 以上，其中银屿最高，占 75.0%；蓝细菌门在石屿样本中的相对丰度最高，为 26.0%，在晋卿岛样本中的相对丰度最低，为 0.6%；拟杆菌门、放线菌门和疣微菌门（Verrucomicrobiota）在晋卿岛样本中相对丰度较高，分别是 23.0%、8.1% 和 2.7%；髌骨细菌门和蛭弧菌门（Bdellovibrionota）在甘泉岛相对丰度最高，分别占 4.6% 和 1.8%；而厚壁菌门在羚羊礁相对丰度较高，为 3.9%。

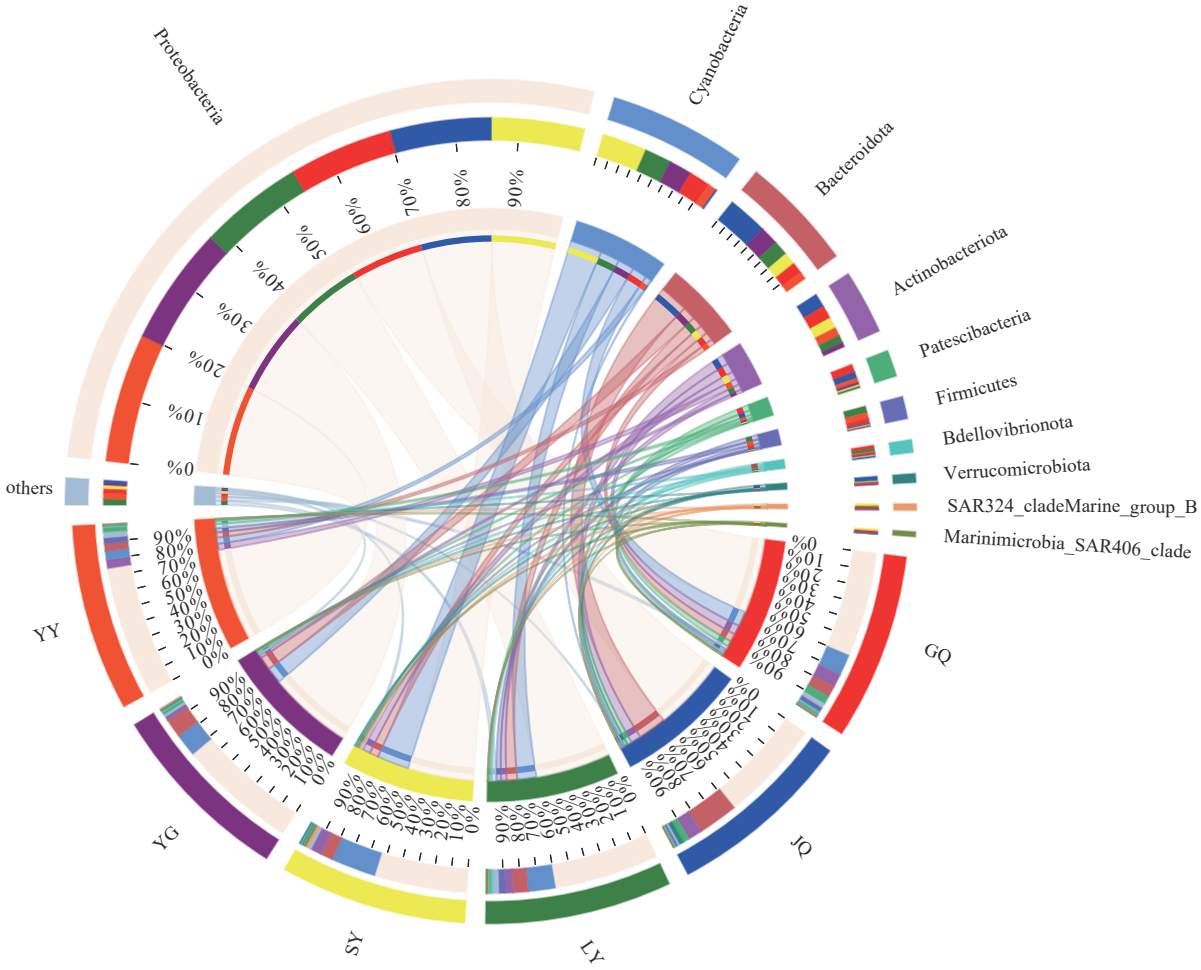


图 2　门水平的物种分布比例圈图

Fig. 2　Distribution of microbial communities at phylum level by circus plot

2.3.2　群落组成分析

为更直观展现各岛礁优势细菌的丰度变化以及相似性，利用相对丰度排名前 20 纲水平细菌绘制群落热图，如图 3 所示，变形菌门的 α-变形菌纲和 γ-变形菌纲是所有样品中的优势类群。除鸭公岛样品中 γ-变形菌纲相对丰度最高外，其他岛礁中均以 α-变形菌纲为主。拟杆菌纲、放线菌纲和疣微菌纲在晋卿岛海水中相对丰度较高。蓝细菌纲在石屿样品中相对丰度最高，但在晋卿岛样品中其相对丰度非常低。

基于属分类水平的 6 个岛礁的细菌群落结构如图 4 所示，除去未分类的菌株，各岛礁样本的细菌构成和占比差异较为明显。细菌群落主要包括：交替单胞菌属（*Alteromonas*）、赤杆菌属（*Erythrobacter*）、原绿球藻属（*Prochlorococcus*）、聚球藻属（*Synechococcus*）以及短波单胞菌属（*Brevundimonas*）等。鸭公岛的优势菌为交替单胞菌属，其相对丰度为 33.0%；银屿的优势菌为赤杆菌属，其相对丰度为 19.0%；石屿和甘泉岛的优势菌为原绿球藻属，其相对丰度分别为 19.0% 和 9.1%；羚羊礁的优势菌为聚球藻属，其相对丰度为 8.7%；晋卿岛的优势菌为短波单胞菌属，其相对丰度为 11.0%。

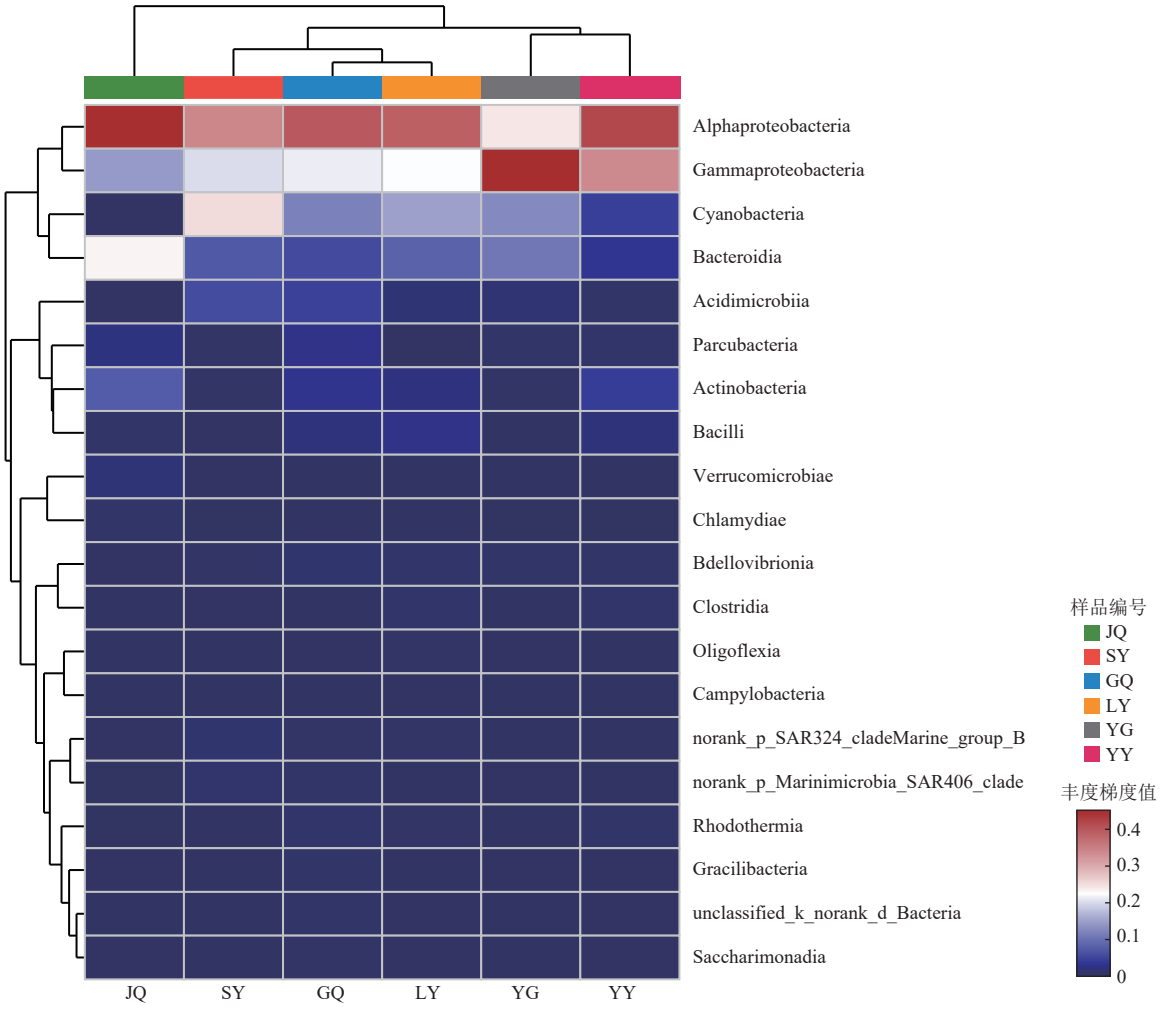


图 3 纲水平细菌相对丰度热图

Fig. 3 Heatmap of bacterial relative abundances at class level

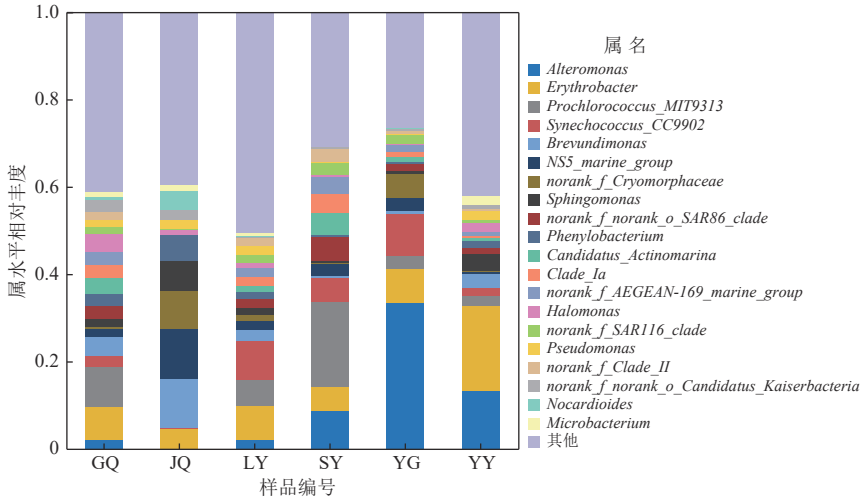


图 4 属水平的群落柱状图

Fig. 4 Barplot of bacterial communities at genus level

2.4　样本比较分析

Beta 多样性可反映不同样本微生物群落之间物种组成的差异。基于不同分组对各个样本进行非度量多维尺度（Non-metric Multidimensional Scaling, NMDS）分析，不同样品在不同分类水平上的细菌群落组成的相似性以及基于进化关系或数量距离矩阵对比样本之间的差异如图 5 所示。与其他岛礁相比，晋卿岛与其他岛礁样本的细菌群落组成存在明显的距离，而鸭公岛、甘泉岛、羚羊礁和银屿样本之间距离相对较近，表明这几个样本的细菌群落组成差异较小。从组内比较来看，鸭公岛和甘泉岛的样本距离相对分散，表明这两个岛礁样本组内的细菌群落结构差异较大。

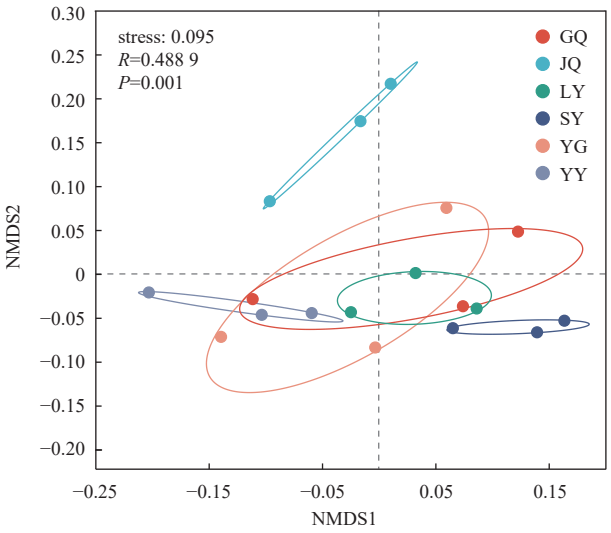


图 5　基于门水平分组的 NMDS 分析

Fig. 5　NMDS analysis based on the grouping at phylum level

2.5　细菌群落组成与环境因子的相关性

在门水平上，构建了细菌群落与各环境因子之间的 RDA/CCA（RedundancyAnalysis/Canonical Correspondence Analysis）分析图，如图 6 所示，对海水细菌群落影响最大的水质因子为电导率、pH 值和温度，而总磷、总氮和氨氮对各岛礁物种的影响相对较小。RDA 分析结果显示第一轴可以解释 37.09% 的环境因子总变异，第二轴解释 25.19% 总变异。与第一轴呈正相关的环境因子是电导率、总磷和氨氮，说明细菌丰富度随着这 3 个环境因子值的增加而增加。此外，电导率对石屿样本群落分布相对影响较大。

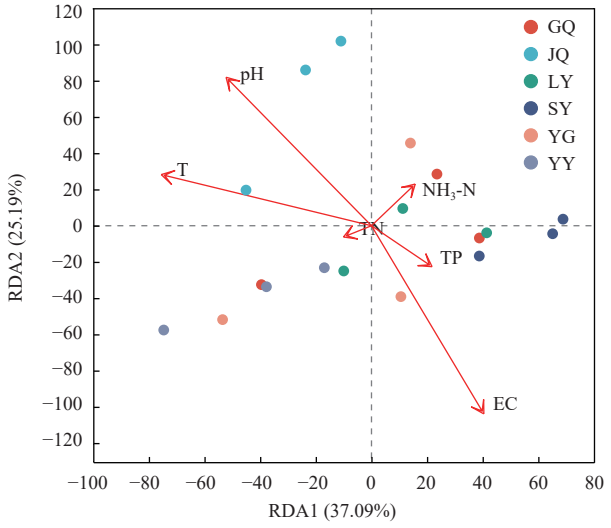
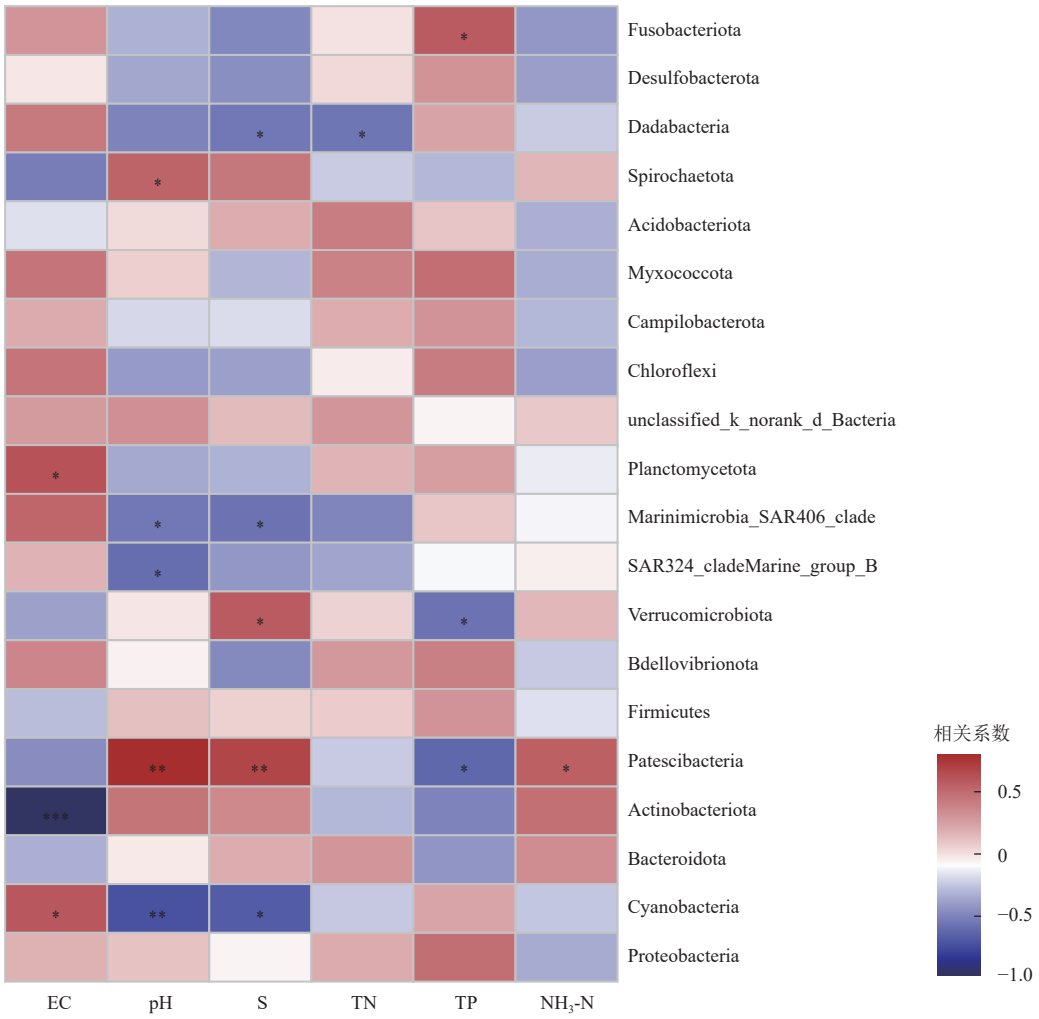


图 6　门水平细菌群落组成和环境因子的 RDA 分析

Fig. 6　The RDA analysis with microbial community and environmental factor on phylum level

通过对门水平的前 20 位优势细菌类群与环境因子的相关性绘制热图，发现浮霉菌门（Planctomycetota）与电导率显著正相关；蓝细菌门与电导率显著正相关，与温度和 pH 值极显著负相关；髌骨菌门与氨氮、温度和 pH 正相关，但与总磷负相关；在晋卿岛相对丰度较高的放线菌门、疣微菌门和拟杆菌门菌群与电导率负相关，且放线菌门与电导率为极显著负相关（图 7）。



注：*X* 轴和 *Y* 轴分别为环境因子和物种，通过计算获得相关性 *R* 值和 *P* 值；*R* 值在图中以不同颜色展示，红色代表正相关，蓝色代表负相关，白色代表无相关性；*代表 $P<0.05$，**代表 $P<0.01$，*** 代表 $P<0.001$。

图 7 门水平优势细菌类群与环境因子的相关性热图

Fig. 7 Heatmap of correlation between dominant microbial group and environmental factors at phylum level

2.6 海水中细菌相关功能基因预测分析

基于 16S rRNA 基因，通过 PICRUSt2 软件研究各个岛礁的细菌相关功能潜力，得到 KEGG 途径中 3 个级别水平的功能基因相对丰度：一级通路按相对丰度由高到低顺序为代谢（76.56%～78.24%）、遗传信息处理（6.34%～7.34%）、环境信息处理（4.63%～5.49%）、人类疾病（4.05%～4.87%）、细胞过程（3.84%～4.81%）和生物体系统（1.89%～2.00%）；二级通路共得到海水细菌相关功能基因 46 个，相对丰度由高到低为全局和概述地图、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、辅助因子和维生素的代谢、翻译、信号转导、膜运输、复制和修复，相对丰度最低的是信号分子和相互作用以及感觉系统；三级通路共得到海水细菌相关功能基因 399 个，图 8 为 KEGG 数据库比对到的 50 个相对丰度较高的三级功能层级热图，不同样本功能基因丰度差异不明显。

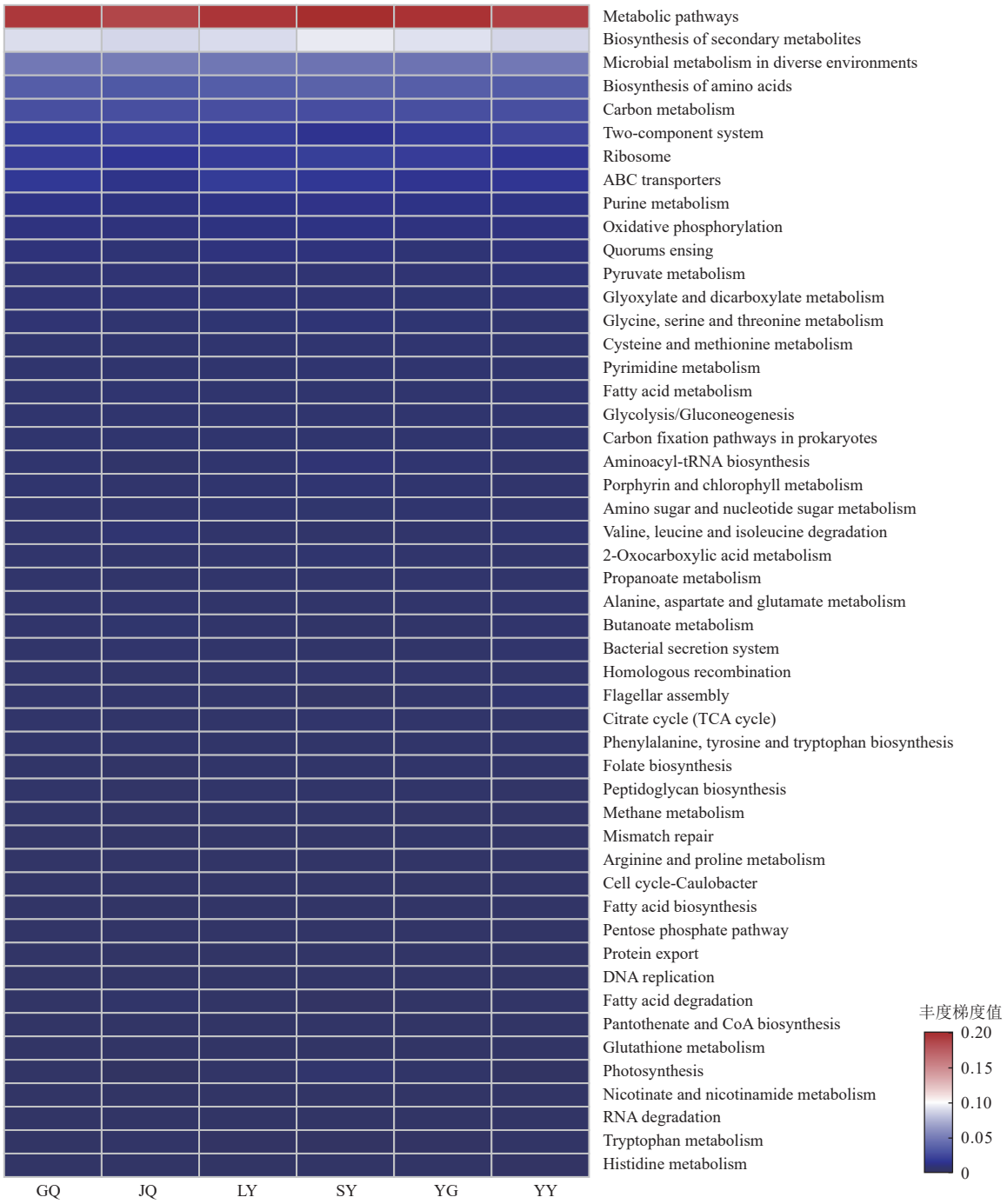


图 8　三级功能预测热图

Fig. 8　Heatmap of functional prediction on the metabolic pathways at level 3

三级通路中功能基因的相对丰度由高到低分别是代谢途径、次生代谢物的生物合成、微生物在不同环境中的代谢、氨基酸的生物合成以及碳代谢。晋卿岛样本的功能基因丰度较高，其次为羚羊礁，而鸭公岛样本的功能基因丰度最低。功能基因丰度与细菌多样性结果相对应。石屿样品的脂肪酸降解和氨基酸代谢基因相对丰度较低，而在光合作用以及卟啉和叶绿素代谢通路富集，这一结果与其海水样本中优势菌群为蓝细菌门的结果相对应。

3 讨 论

3.1 细菌群落结构及其与环境的关系

本研究中，变形菌门是相对丰度最高的细菌类群，在各岛礁样本中均占据绝对优势，与前人进行的南海岛礁细菌群落空间结构的研究结果一致(徐蕾, 2017; He et al, 2019; 于淑贤等, 2019; 孙涛, 2021; 庄康, 2021; Liu et al, 2022; 夏呈强等, 2022; 赵旺等, 2022)。蓝藻菌门为第二大优势菌类群，主要由原绿球藻属和聚球藻属两大类群组成，其相对丰度在各个岛礁间的变化较大(0.6%～26%)。原绿球藻和聚球藻作为海洋中最丰富的光合微生物，是海洋初级生产力和碳循环的主角之一，对初级生产力有重要贡献(Flombaum et al, 2013)。据 Jiao 等(2002)报道，原绿球藻属广泛分布在营养贫瘠的海域，聚球藻属则在营养较丰富的海水中富集，本研究也得到类似的结果。石屿是 6 个岛礁中唯一没有居民居住的区域，总氮、总磷和氨氮均处于较低的质量浓度，本研究发现原绿球藻属在石屿表层海水中的相对丰度最高(19%)，与大多数外海区的原绿球藻属相对丰度相似(Partensky et al, 1999; Johnson et al, 2006)；聚球藻属主要在总氮质量浓度较高的鸭公岛和羚羊礁中富集。然而，在营养较不丰富的晋卿岛样本中，聚球藻属和原绿球藻属的相对丰度均极低(分别为 0.2% 和 0.016%)，原因可能与该岛礁表层海水较低的电导率有关，也可能存在其他未被测定的对群落结构有影响的环境因子。

羚羊礁作为渔民聚落区域，岛礁附近海水受到人类活动影响较大；同时羚羊礁也是贝类养殖区，海水中富含细菌生长所需的有机物质。有研究发现，大量营养物质的供应可以促使微生物适应各种环境(酸性、碱性、富营养和少营养环境)，从而促进了微生物数量的增加(Gibson et al, 2018)，因此，羚羊礁样本细菌多样性表现较高可能与该岛有较丰富的有机质相关。不少研究也发现贝类养殖区表层海水的微生物多样性较高，且主要以变形菌门和蓝细菌门为优势菌群(马景雪等, 2022; 黄文豪等, 2023)。研究表明，在上升流系统中交替单胞菌属会大量增加(Sun et al, 2020)，在本研究中，交替单胞菌属在鸭公岛的相对丰度最高(33%)，而鸭公岛由于受石屿门和银屿门两道水门的影响，岛礁附近海水流速极快，因此交替单胞菌在该岛样本中的富集可能与该岛的强对流海水有关。人类活动导致的各种有机物富集和岛礁本身复杂的水文条件可能是导致细菌多样性发生变化的原因，然而还需要更多的环境因素去验证。

3.2 不同岛礁的细菌功能性差异

PICRUSt 软件分析结果表明，晋卿岛海水细菌功能基因丰度最高，其次为羚羊礁，鸭公岛最低，这一结果与细菌多样性结论一致，因此较高的细菌多样性可能也暗示了较丰富的功能多样性。通过分析细菌群落组成我们发现拟杆菌纲、放线菌纲、嗜热油菌纲(Thermoleophilia)和疣微菌纲均主要集中在晋卿岛，说明细菌功能基因的丰度差异除了与细菌群落多样性有关，还和群落结构组成密切相关(孙涛, 2021)。此外，通过比较我们发现有居民居住的岛礁和无居民岛礁其细菌群落在功能基因丰度上差异不明显，与李存等(2022)的研究结论一致，这一结果表明岛礁表层海水细菌的生态功能并未因为岛礁上的人为活动而受到影响。

4 结 论

本研究利用 16S rDNA 高通量测序技术，对永乐环礁的 6 个岛礁表层海水细菌群落的结构和组成进行了分析，同时对细菌群落多样性与环境因子相关性进行了分析，并采用 PICRUSt 软件预测其功能，主要结论如下。

1)所得的合格序列中，大部分 16S rDNA 序列归属于变形菌门。在纲水平，α-变形菌纲和 γ-变形菌纲是所有岛礁样品中的优势类群，而在属水平，各岛礁样品的优势菌群差异较大。细菌群落组成与结构主要与电导率、温度和 pH 相关，而受总氮、总磷和氨氮的影响相对较小。

2)PICRUSt 功能预测分析表明各岛礁的表层海水细菌主要涉及代谢、遗传信息处理和环境信息处理等 6 类生物代谢通路，三级代谢通路以代谢途径、次生代谢物的生物合成相对丰度最高。各岛礁海水细菌群落在功能丰度上有所差异，其中晋卿岛的功能丰度较高，但总体而言，有居民岛礁和无居民岛礁其表层海水的细菌群体在其生态功能方面变化较小。

本研究为西沙群岛细菌群落组成和环境的关系以及细菌功能基因的进一步研究提供了理论参考。但由于本研究样品量有限，并且缺乏对不同季节和年份的样品采集，因此无法对永乐环礁细菌群落进行更深入的研究。

参考文献 (References):

方周, 谭飞, 杨红强, 等, 2021. 西沙海域甘泉岛和全富岛海滩上的塑料垃圾与微塑料分布特征[J]. 热带海洋学报, 40(5): 123-133. FANG Z, TAN F, YANG H Q, et al, 2021. Distribution characteristics of plastic debris and microplastics on the beaches of Ganquan Island and Quanfu Island in Xisha Sea[J]. Journal of Tropical Oceanography, 40(5): 123-133.

洪居恳, 2020. 凡纳滨对虾幼体肠道菌群演替及几种益生菌的育苗效果[D]. 湛江: 广东海洋大学. HONG J K, 2020. Succession of intestinal microbiota of *Litopenaeus vannamei* larvae and the impacts of several probiotics on larviculture[D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University.

黄文豪, 刘婷, 郑明刚, 等, 2023. 日照贝类养殖区海水微生物群落结构特征及其影响因素[J]. 海洋科学进展, 41(2): 295-308. HUANG W H, LIU T, ZHENG M G, et al, 2023. Characteristics and impact factors of seawater microbial community structure in Rizhao shellfish aquaculture area[J]. Advances in Marine Science, 41(2): 295-308.

李存, 崔林青, 杨红强, 等, 2022. 三份南海岛礁珊瑚砂样品中可培养细菌多样性[J]. 热带海洋学报, 41(2): 149-158. LI C, CUI L Q, YANG H Q, et al, 2022. Diversity of cultured bacteria isolated from three coral reef sediments in South China Sea[J]. Journal of Tropical Oceanography, 41(2): 149-158.

刘瑞志, 雷坤, 王丽平, 等, 2019. 三沙永乐龙洞内沉积物细菌种群特征[J]. 海洋环境科学, 38(6): 919-926. LIU R Z, LEI K, WANG L P, et al, 2019. Bacterial population characteristics of sediment from Sansha Yongle Blue Hole, China[J]. Marine Environmental Science, 38(6): 919-926.

马景雪, 张培玉, 王宗兴, 等, 2022. 青岛崂山湾近海扇贝养殖区细菌多样性及环境因子分析[J]. 海洋科学进展, 40(2): 307-319. MA J X, ZHANG P Y, WANG Z X, et al, 2022. Analysis of bacterial diversity and environmental factors in offshore scallop culture area of Laoshan Bay, Qingdao[J]. Advances in Marine Science, 40(2): 307-319.

苏洁, 明红霞, 陈泉睿, 等, 2020. 南沙海区深海沉积物中细菌多样性分析[J]. 生物学杂志, 37(1): 50-53. SU J, MING H X, CHEN Q R, et al, 2020. Analysis on bacterial diversity in Nansha deep-sea sediments[J]. Journal of Biology, 37(1): 50-53.

孙涛, 2021. 南海海域海水和沉积物中细菌多样性和分布特征[D]. 上海: 上海海洋大学. SUN T, 2021. The diversity and distribution characteristics of bacteria in seawater and sediments of the South China Sea[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University.

夏呈强, 李毅, 党延茹, 等, 2022. 中印度洋与南海西部表层海水细菌多样性[J]. 生物多样性, 30(1): 1-10. XIA C Q, LI Y, DANG Y R, et al, 2022. Diversity of culturable and in situ bacteria in surface seawater from the central Indian Ocean and the western South China Sea[J]. Biodiversity Science, 30(1): 1-10.

徐蕾, 2017. 南海北部陆坡不同水层微生物的多样性以及海洋细菌*Kangiella*的生理特性的初步研究[D]. 上海: 上海交通大学. XU L, 2017. Microbial Communities structure and in the northern slope of South China Sea & prilimilary functional studies of *Kangiella* strains[D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University.

杨睿, 2019. 南海宣德环礁表层沉积物微生物群落及其环境指示作用研究[D]. 北京: 中国地质大学. YANG R, 2019. The

study of microbial communities and theirpotentiality to be environmental indicators of surfacelayer sediments in Xuande Atoll, the South China Sea[D]. Beijing: China University of Geosciences.

于淑贤, 王寅初, 李佳霖, 等, 2019. 南海北部水层间及沉积表层细菌群落的比较分析[J]. 海洋科学进展, 37(1): 102-114. YU S X, WANG Y C, LI J L, et al, 2019. Comparative analysis of bacteria communities from water and sediment in northern South China Sea[J]. Advances in Marine Science, 37(1): 102-114.

张浩, 吴后波, 王广华, 等, 2013. 南海北部表层沉积物中原核微生物多样性[J]. 微生物学报, 53(9): 915-926. ZHANG H, WU H B, WANG G H, et al, 2013. Prokaryote diversity in the surface sediment of northern South China Sea[J]. Acta Microbiologica Sinica, 53(9): 915-926.

赵金发, 刘永, 李纯厚, 等, 2023. 应用高通量测序技术研究永乐环礁和东岛鱼卵种类组成和分布[J]. 热带海洋学报, (6): 1-10. ZHAO J F, LIU Y, LI C H, et al, 2023. Study on species composition and distribution of fish eggs in Yongle Atoll and Dongdao Island by high-throughput sequencing technology[J]. Journal of Tropical Oceanography, (6): 1-10.

赵旺, 黄星美, 邓正华, 等, 2022. 夏季美济礁潟湖养殖区海水细菌多样性及其与环境因子的相关性[J]. 中国水产科学, 29(5): 720-731. ZHAO W, HUANG X M, DENG Z H, et al, 2022. Analysis of bacterial diversity and correlation with environmentalfactors in the aquaculture area of Mischief Reef Lagoon in summer[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 29(5): 720-731.

周进, 晋慧, 蔡中华, 2014. 微生物在珊瑚礁生态系统中的作用与功能[J]. 应用生态学报, 25(3): 919-930. ZHOU J, JIN H, CAI Z H, 2014. A review of the role and function of microbes in coral reef ecosystem[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 25(3): 919-930.

庄康, 2021. 南海岛礁海域细菌群落特征及柴油降解菌特性分析[D]. 舟山: 浙江海洋大学. ZHUANG K, 2021. Analysis of bacterial community and characteristics of diesel degrading bacteria in islands area of the South China Sea[D]. Zhoushan: Zhejiang Ocean University.

FLOMBAUM P, GALLEGOS J L, GORDILLO RA, et al, 2013. Present and future global distributions of the marine cyanobacteria *Prochlorococcus* and *Synechococcus*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 110(24): 9824-9829.

GIBSON B, WILSONN D J, FEIL E, et al, 2018. The distribution of bacterial doubling times in the wild[J]. Proceedings Biological Sciences, 285(1880): 20180789.

HE H, FU L L, LIU Q, et al, 2019. Communitystructure, abundance and potentialfunctions of bacteria and archaea in the Sansha Yongle Blue Hole, Xisha, South China Sea[J]. Frontiers in Microbiology, 10: 2404.

JIAO N Z, YANG Y H, 2002. Ecological studies on *Prochlorococcus* in China seas[J]. Chinese Science Bulletin, 47(15): 1243-1250.

JOHNSON Z I, ZINSER E R, COE A, et al, 2006. Niche partitioning among *Prochlorococcus* ecotypes along ocean-scale environmental gradients[J]. Science, 311: 1737-1740.

LIU S J, XIE Z X, WU P F, et al, 2022. Composition and assembly of the bacterial community in the overlying waters of the coral reef of China's Xisha Islands[J]. Frontiers in Microbiology, 13: 1059262.

PARTENSKY F, BLANCHOT J, VAULOT D, 1999. Differential distribution and ecology of *Prochlorococcus* and *Synechococcus*in oceanic waters: a review[J]. Marine Cyanobacteria, Special No. 19: 457-476.

SUN F L, WU M L, WANG Y S, et al, 2020. Diversity and potential function of bacterial communities in different upwelling systems[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 237: 106698.

ZHANG J, CHEN M, HUANG J F, et al, 2019. Diversity of the microbial community and cultivable protease-producing bacteria in the sediments of the Bohai Sea, Yellow Sea and South China Sea[J]. PLoS One, 14(4): 1-18.

Diversity and Functional Prediction of Bacterial Communities in Surface Seawater of Yongle Atoll

SHU Aimei[1,2], GONG Chunguang[1], HUANG Huiqin[2], HU Yonghua[2,3], MO Kunlian[2]

（1. *College of Oceanography*, *Agriculture University of Hebei*, Qinhuangdao 066003, China；
2. *Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology*, *CATAS*, Haikou 571101, China；
3. *Zhanjiang Experimental Station*, *CATAS*, Zhanjiang 524013, China）

Abstract: To investigate the bacterial community structure, composition and diversity in surface seawater of Yongle atoll, Illumina MiSeq sequencing was used to analyze the difference in composition of the bacterial communities at six islands and reefs. The main environmental impact factors affecting bacteria community structure were explored and the functional genes of bacteria communty were also predicted. A total of 891 892 high-quality sequences clustering 7 499 optimized OTUs were obtained. These OTUs were subordinated to 49 phyla, 144 classes, 392 orders, 663 families, and 1 274 genera. The bacteria communities were dominated by *Proteobacteria*, *Cyanobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Patescibacteria* and *Firmicutes*. Redundancy analysis revealed that the conductivity, pH and temperature were the main environmental factors affecting the microbial assemblages. The results of PICRUSt analysis showed that 6 biological metabolic pathways and 46 subfunctionalities were predicted; a total of 399 functional genes at level 3 pathways were obtained, of which the most abundant functional genes were related to metabolic pathways and the biosynthesis of secondary metabolites. This study analyzes the bacterial community compositions in surface seawater and predicts their gene functions at six islands and reefs of Yongle atoll, providing a basic data for further investigation and development of microbial resources.

Keywords: Yongle atoll；bacteria diversity；environmental factors；functional prediction

Received: July 25, 2023　　**Online:** May 23, 2024