

北部湾水体持久性有机污染物和塑料降解功能 基因多样性及其时空分布特征研究

方诗韵,甘利红,何雨寒,龚辰,黎嘉宁,周磊

(华南农业大学海洋学院,广东广州 510642)

摘要:揭示广西北部湾海域中污染物降解基因多样性与时空分布特征,为区域海洋生态保护提供科学依据。2022年10月(雨季)和2023年1月(旱季)对广西北部湾海洋40个站点的水表层样本进行了系统采集和分析测定,基于宏基因组测序技术,分析了不同季节(旱季与雨季)、不同空间位置(岛屿、海湾与近海)水样中污染物相关降解基因的组成、丰度与分布差异。结果显示,样本中共检测到POPs降解相关基因62种,可降解化合物20种;其中雨季样本丰富度高于旱季,旱季基因相对丰度高于雨季。空间上,岛屿样本多样性最高。POPs降解基因中以滴滴涕降解基因为主导,相对丰度为33.06%。塑料降解方面,检测到27种降解塑料相关基因,塑料降解酶33种,旱季样本多样性和丰富度高于雨季,旱季基因相对丰度高于雨季。空间上,岛屿样本多样性高于近海与海湾。天然塑料降解基因相对丰度高达89.19%,3-羟基戊酸脱氢酶基因在塑料降解酶基因中占据优势(73.43%)。研究表明广西北部湾海域具有较强的POPs与塑料降解潜力,为功能基因挖掘与区域生态保护提供了重要参考。

关键词:宏基因组学;微生物降解;持久性有机污染物;塑料污染;北部湾

中图分类号:X55 **文献标志码:**A **文章编号:**1674-3075(2025)05-0152-11

近代来,随着工业化和城市化的快速发展,区域内渔业捕捞与养殖活动频繁,近岸城市的农业生产活动密集,人类在活动中使用有机氯农药,使环境中的持久性有机污染物(persistent organic pollutants, POPs)大幅增加,同时由于历史农药残留,导致一定程度的农药污染(丁洋,2019)。广西北部湾海域是我国重要的渔业资源区,也是人类活动影响最大的海域,还拥有红树林、海草床、珊瑚礁等典型的海洋生态系统(徐新亚等,2020)。已有研究表明,渔业活动(薛保铭,2021)、养殖活动和人类日常生活所产生的塑料垃圾是北部湾海域水体中污染物的重要来源(吴磊石等,2021)。持久性有机污染物和塑料污染已经成为广西海洋严峻的环境问题(Xu et al, 2013; Zhu et al, 2022)。

POPs具有高毒性、生物累积性和持久性等特点,能通过大气、水体以及食物链进行远距离传播,对生态系统和人类健康构成严重威胁(Alharbi et al, 2018; Kumar et al, 2022)。常见的持久性有机污染物包括多氯联苯(polychlorinated biphenyls, PCBs)、DDT以及多氯代二苯并对二噁英(polychlorinated dibenzo-p-dioxins, PCDDs)等化合物。为了促进这些有害物质的淘汰与减少,保护人类健康和环境安全,国际社会于2001年5月23日在瑞典首都斯德哥尔摩共同签署了《斯德哥尔摩公约》(邓红霞等,2021)。中国同年正式成为该公约的缔约国,国内对于持久性有机污染物的关注度与研究深度持续上升。塑料是一种由合成或半合成高分子聚合物组成的材料,在生活中普遍存在,对环境和生物造成了严重的影响。塑料垃圾,尤其是微塑料(microplastic),能够长期存在于水体中,并且携带金属和POPs,微塑料可能被海洋生物摄入,进入食物链(Wang et al, 2020; Amelia et al, 2021)。本研究所探讨的可生物降解塑料,细分为3类:天然塑料(natural)、杂链合成塑料(synthetic heterochain)和均链合成塑料(synthetic homochain)。

对于污染物,传统的物理、化学治理手段往往有成本高、易产生二次污染等缺点,而微生物降解则是一种经济、环境友好的解决方案。近年来,研究

收稿日期:2025-05-26 修回日期:2025-07-10

基金项目:广东省基础与应用基础研究基金(2023A1515011586)。

作者简介:方诗韵,2002年生,女,硕士研究生,从事渔业资源保护与利用研究。E-mail:ndyy0922@163.com

通信作者:周磊,1989年生,男,博士,副教授,从事渔业资源保护与利用、水域生态学及环境基因组学研究。E-mail:zhoulei@scau.edu.cn

发现水环境中的微生物群落在 POPs 和塑料降解过程中发挥着重要作用 (Mohan et al, 2020; Deven- drapandi et al, 2024)。对于 POPs, 现有研究表明, 多种微生物对不同类型的 POPs 具有降解能力。例如, 镰孢霉菌和青霉菌能够降解艾氏剂, 而芽胞杆菌和假单胞菌则对狄氏剂具有降解作用。此外, 白腐真菌能够降解包括双对氯苯基三氯乙烷在内的多种持久性有机污染物。对于七氯的降解, 芽胞杆菌、镰孢霉菌、小单孢菌、诺卡氏菌、曲霉菌、根霉菌以及链球菌均表现出一定的降解能力。而丙体六六六则可被梭状芽胞杆菌和埃希氏菌所降解 (董玉瑛和冯霄, 2003)。有机污染物的降解速度不仅取决于其物质结构, 还与微生物降解酶的特性密切相关。因此, 筛选出能够产生不同种类酶 (如漆酶、过氧化氢酶、络氨酸酶) 的微生物, 对于有机污染物的有效降解至关重要 (韦朝海等, 2011)。对于塑料, 有学者在筛选堆肥中微生物的实验发现, 杂色曲霉菌对聚丁二酸丁二酯 (PBS) 和聚丁二酸-己二酸丁二酯 (PBSA) 2 种材料具有最强的降解效果 (赵剑豪等, 2006)。Penkhrue 等 (2015) 从 40 份农业土壤样本中成功分离出 79 种具有降解聚乳酸 (PLA)、聚己内酯 (PCL) 及 PBS 等高分子材料能力的微生物, 其中有 26 株能降解 PLA, 44 株能降解 PBS, 58 株能降解 PCL, 除此之外还有 16 种微生物具备降解前述所有高分子材料的能力。综上所述, 深入挖掘污染物降解相关微生物及其功能基因资源, 对于推动海洋污染生物修复具有重要意义。

传统微生物研究依赖于实验室培养技术, 尽管海洋中存在大量微生物, 但大多数已知的微生物无法通过传统微生物学方法进行培养, 也无法全面反映自然环境中微生物群落的组成与功能, 这种局限性极大限制了微生物研究的发展 (Joint et al, 2010)。相比之下, 宏基因组学技术无需微生物纯培养, 通过直接提取环境样本中的总 DNA, 结合高通量测序与生物信息学分析, 能够系统解析复杂微生物群落的组成结构、代谢潜力及功能基因分布特征, 为探索环境中的污染物降解潜能提供了强有力的工具 (Handelsman et al, 1998; New & Brito, 2020)。本研究基于宏基因组学方法, 对环境样本中的微生物进行了深入研究, 旨在探究: (1) 北部湾 POPs 与塑料降解基因的代谢潜能; (2) 研究区域中降解基因的时空分布如何受环境因子调控。以便为进一步挖掘和利用环境微生物遗传资源提供科学依据, 为海洋生态系统监测和环境修复提供新的思路与方法。

1 材料与方法

1.1 材料方法

在广西北部湾周边共设置 40 个站点, 综合考虑了区域生态特征、人类活动及污染源分布, 从内陆水域逐渐向外海延伸为研究区域 (图 1), 分别于 2022 年 10 月 (雨季) 和 2023 年 1 月 (旱季) 对研究区域海水表层样本进行了系统采集和分析测定。水样根据季节分为雨季和旱季两组, 站点根据空间位置分为海湾 (Bay)、近海 (Coastal) 和岛屿 (Island) 3 组。

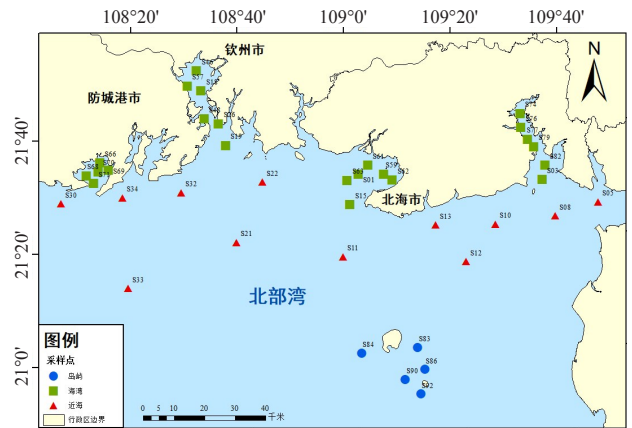


图 1 广西北部湾采样点

Fig.1 Location of sampling sites in the Beibu Gulf, Guangxi

1.1.1 水样采集 采集 0.5 m 的地表水样本, 在每个采样站点使用无菌容器收集 3 个水样 (相距 30~50 m)。采样前润洗采样瓶, 确保采集的水样纯净无污染。将采水器投入水底, 慢慢托起, 确保水样得到充分混合。采用无菌玻璃抽滤装置对水样进行过滤。在组装过滤装置之前, 将其浸泡在次氯酸钠溶液中, 并使用无菌水进行冲洗。用待过滤的水样对装置进行 2~3 次的润洗。使用经过灭菌处理的 0.22 μm 聚碳酸酯膜 (Millipore, 美国) 进行过滤, 直到滤膜基本堵塞为止。过滤完成后, 将滤膜取下, 放入 50 mL 的离心管中, 并做好相应的标记。将滤膜在液氮中快速冷冻, 放置在 -80 $^{\circ}\text{C}$ 的冰箱中保存, 以便后续进行 DNA 提取操作。运输时维持 -80 $^{\circ}\text{C}$ 干冰条件, 确保低温链完整。

1.1.2 环境因子数据采集和检测 共测定了 18 个环境因子, 包括: 氨氮 ($\text{NH}_4\text{-N}$)、总磷 (TP)、硝酸盐 ($\text{NO}_3\text{-N}$)、亚硝酸盐 ($\text{NO}_2\text{-N}$)、水温 (water temperature)、pH、溶解氧 (DO)、盐度 (salinity)、叶绿素 a (Chl-a)、活性硅酸盐 (active-Si)、活性磷酸盐 (active-P)、溶解有机碳 (DOC)、悬浮物 (SS)、总氮 (TN)、总有机碳 (TOC)、无机氮 (in-org-N)、水深 (depth)、透明度 (transparency)。

在采集现场使用 YSI ProPlus 多参数水质测量仪 (YSI, 美国) 测定水温、pH、盐度和溶解氧。Chl-a 在实验室使用萃取荧光法测定, 样本滤膜 -20 °C 保存, 7 d 内提取测定。透明度使用塞氏盘测定。NH₄-N 和 TP 分别采用次溴酸氧化法 (Wu et al, 2004) 和过硫酸钾氧化法进行测定, NO₃-N 和 NO₂-N 使用改良的锌-镉还原法测定 (Wu et al, 2016)。活性磷酸盐和活性硅酸盐浓度分别采用磷钼蓝分光光度法和硅钼黄比色法测定。悬浮物使用重量法测量 (Adjovu et al, 2023)。TN、TOC 和 DOC 使用 VARIO EL III 元素分析仪 (Elemental, 德国) 进行定量。营养盐样品 4 °C 保存, 24 h 内完成分析。

1.2 实验步骤

1.2.1 DNA 提取与宏基因组测序 采用 FastDNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, 美国) 按照说明书提取总 DNA。DNA 质量和浓度分别通过 1.5% 琼脂糖凝胶电泳、NanoDrop One 紫外分光光度计 (NanoDrop Technologies, 美国) 及 Qubit 4.0 荧光计 (Life Technologies, 美国) 进行评估。使用紫外分光光度计, 在 260 nm 及 280 nm 波长处测定 DNA 吸光度值, OD₂₆₀/OD₂₈₀ 比值范围应在 1.8 到 2.0 之间。DNA 浓度理想范围在 20~100 ng/μL, 且最低浓度不低于 1 ng/μL, 对于低质量 DNA 样本进行重新提取。电泳完成后, 鉴定是否条带清晰, 有无明显降解的现象。测序由武汉贝纳科技服务有限公司完成, 使用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行双端 150 bp 宏基因组测序。**1.2.2 数据处理** 测序所得原始数据首先使用 fastp v0.23.2 (Chen, 2023a) 和 Bowtie2 v2.5.1 (Langmead & Salzberg, 2012) 进行质量控制。为识别水体中潜在的污染物降解功能基因, 清洗后的宏基因组序列比对至相关数据库。POPs 降解基因和塑料降解基因分别参考 mibPOPdb 数据库 (Ngara et al, 2022) 以及 PlasticDB 数据库 (Gambarini et al, 2022)。比对工具为 args_oap (Yin et al, 2023), 参数为默认。污染物降解基因的丰度以 CPM (copies per million reads) 的方式进行标准化计算, 以降低测序深度差异对结果的影响。

1.2.3 统计分析 统计分析在 R (v4.3.3) 进行, 使用 ggplot2 包进行可视化。污染物降解基因的丰度矩阵通过 phyloseq 包进行归一化处理以计算相对丰度。通过 VennDiagram 包绘制 Venn 图, 比较不同分组间污染物降解基因种类差异。污染物降解基因的 β 多样性使用 vegan 包基于 Bray-Curtis 距离计算, 并通过 ape 包进行主坐标分析 (PCoA) 和 adonis 检验。α 多样性指数, 包括香农 (Shannon) 指数、丰富度 (Rich-

ness) 指数通过 phyloseq 计算, 采用 ggpubr 包绘制箱线图。组间差异的整体关系用 pheatmap 包绘制相对丰度热图呈现, 分析选取相对丰度前 10 的降解基因, 丰度数据经 lg 转换后进行可视化。环境因子与污染物降解基因丰度之间的相关性基于 Spearman 相关系数评估, 相关矩阵使用 psych 计算, 并使用 ggcorrplot 包绘制相关性热图。污染物降解基因组间结构差异的显著性使用 PERMANOVA 检验, P 值经 Benjamini-Hochberg 方法校正。

2 结果与分析

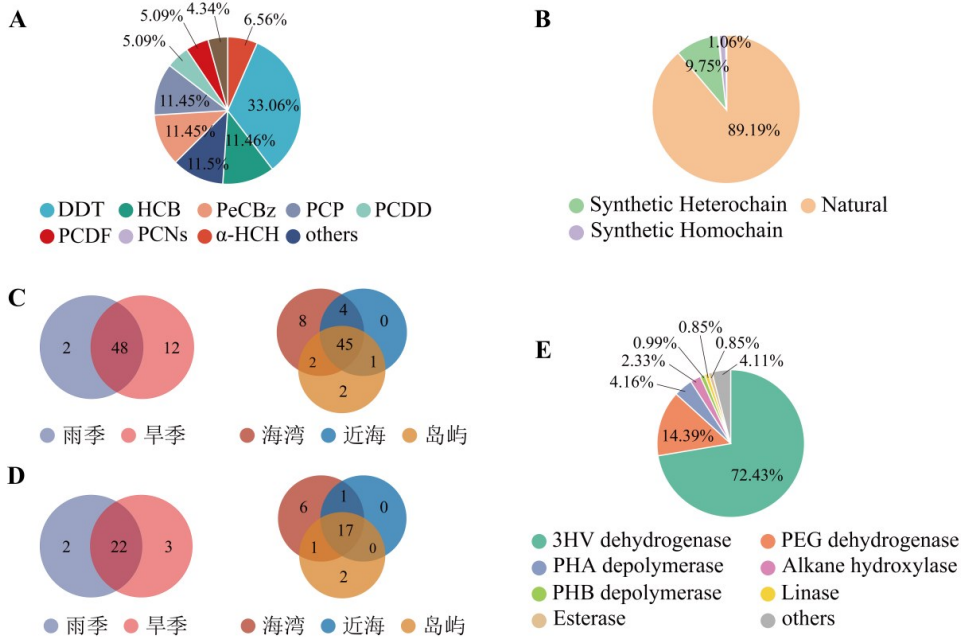
2.1 污染物降解基因的丰度分析

本研究共检测出 62 种 POPs 降解基因。在所有样本中, 相对丰度大小排名前四的分别为 DDT 降解基因、六氯苯 (Hexachlorobenzene, HCB) 降解基因、五氯苯 (Pentachlorobenzene, PeCBz) 降解基因和五氯苯酚 (Pentachlorophenol, PCP) 降解基因, 相对丰度分别为 33.06%、11.46%、11.45% 和 11.45% (图 2A)。不同季节样本中所共有的降解基因为 48 种, 其中旱季所具有的降解基因相对较多, 达到 60 种。不同空间样本比较可得, 海湾样本中降解基因与近海样本和岛屿样本相比较较高 (图 2C)。

对于塑料降解基因, 样本中共鉴定出 3 种类型塑料降解基因的 27 个亚型, 天然塑料降解基因、杂链合成塑料降解基因和均链合成塑料降解基因分别有 9 种、16 种和 2 种亚型。在所有样本中, Natural 降解基因类型占主导地位, 相对丰度占比高达 89.19%, 其次是 Synthetic Heterochain 降解基因, 相对丰度占比 9.75%, Synthetic Homochain 降解基因相对丰度占比 1.06% (图 2B)。不同季节样本中所共有的塑料降解基因为 22 种, 其中旱季所具有的基因数量相对较多, 为 25 种。空间上, 海湾样本中塑料降解基因相对较多 (图 2D)。在所有检测的样本中, 塑料降解酶基因相对丰度大小排名前四的分别为 3HV dehydrogenase 基因、聚乙二醇脱氢酶 (PEG dehydrogenase) 基因、聚羟基脂肪酸解聚酶 (PHA depolymerase) 基因和烷烃羟化酶 (Alkane hydroxylase) 基因, 相对丰度分别为 73.43%、14.39%、4.16% 和 2.23% (图 2E)。

2.2 污染物降解基因多样性的季节和空间差异特征

α 多样性指数反映了污染物降解基因在时间与空间尺度上的变化特征。POPs 降解基因的 Shannon 指数显示, 降解基因的多样性在季节间无显著差异, 而 Richness 指数显示旱季基因丰富度显著低于雨季 (图 3A)。对不同空间的 POPs 降解基因 α 多样性指



A为样本中可降解POPs组成及相对丰度;B为不同类型塑料降解基因组成及相对丰度;C为基于不同季节和不同空间POPs降解基因的Venn图;D为基于不同季节和不同空间塑料降解基因的Venn图;E为塑料降解酶基因相对丰度。

图2 污染物降解基因组成分析

(A) Composition and relative abundance of degradable POPs in the samples; (B) Composition and relative abundance of degradation genotypes for different types of plastics; (C) Venn plots of POPs degradation genes based on season and space; (D) Venn plots of plastic degradation genes based on season and space; (E) Relative abundance of plastic degradation enzyme genes.

Fig.2 Analysis of pollutant degradation gene composition

数进行评估,岛屿样本中降解基因多样性最高,海湾样本以及近海样本中降解基因丰富度显著高于岛屿样本(图3B)。

对于塑料降解基因,雨季与旱季样本的Shannon指数以及Richness指数水平存在显著差异,旱季样本较高(图3C)。此外,空间差异也对塑料降解基因 α 多样性具有一定影响,岛屿样本Shannon指数和Richness指数显著高于海湾样本及近海样本(图3D)。

PCoA和adonis检验揭示样本分组间基因组成结构的相似性以及差异性。对于POPs降解基因,PCoA1和PCoA2解释度分别为40.3%和19.4%,说明主成分对样品解释度较高,能够较好地反映分组之间的差异。不同季节POPs降解基因组成存在显著差异(PERMANOVA, $P=0.001$),但存在明显重叠(图4A)。在空间分组下,POPs降解基因组成存在显著差异(PERMANOVA, $P=0.001$),岛屿样本表现出相对独立的结构特征,而海湾以及近海样本降解组成存在明显重叠,表明二者之间的群落组成相对接近(图4B)。

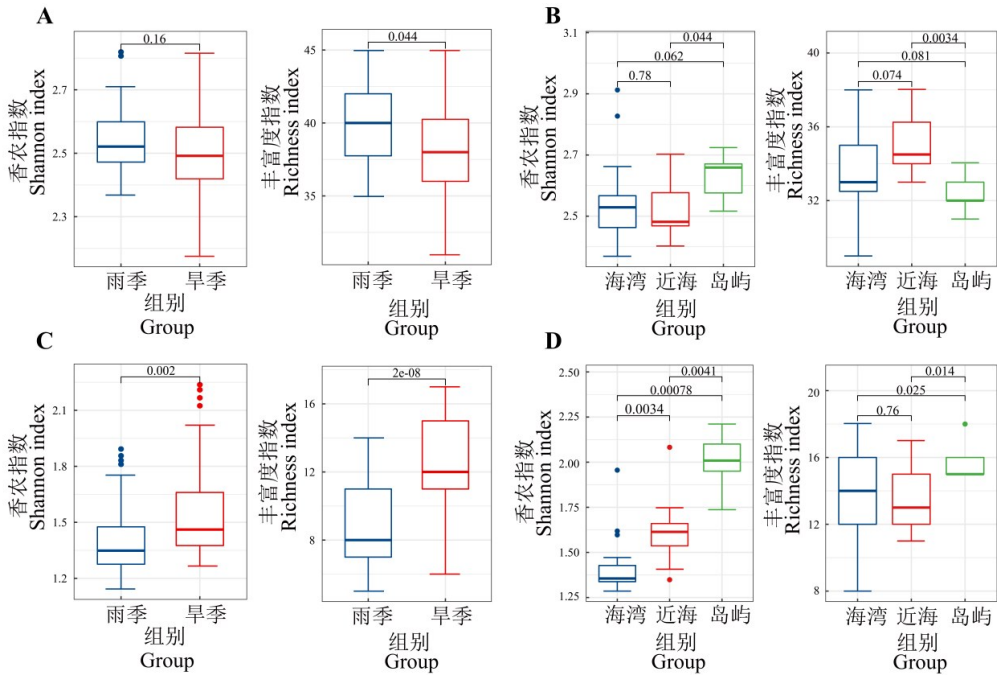
对于塑料降解基因,PCoA1和PCoA2解释度分别为45%和12.7%,主成分能够较好地反映分组之

间的差异。在季节与空间2个分组下,塑料降解基因差异存在显著性(PERMANOVA, $P=0.001$)。季节和空间组间降解基因组成均重叠明显,海湾样本和近海样本聚类距离与岛屿样本相比差异较小(图4C、D)。

以上对于不同污染物PCoA与PERMANOVA结果可见,空间分组差异 R^2 值均高于基于季节分组,表明地理位置对降解功能基因的结构差异解释度更高。与季节因素相比,污染物降解基因的组成可能受到地理环境差异的更大影响。

图5展示了POPs与塑料降解基因在不同季节和空间分组下的丰度分布差异。POPs降解基因在季节分组下(图5A),DDT、HCB、PCP、PeCBz等POPs降解基因在旱季样本中丰度显著高于雨季,说明这些基因在旱季可能具有更强的降解活性或富集趋势。空间分组热图(图5B)揭示了DDT降解基因在海湾样本中丰度占据明显优势,而岛屿样本中POPs降解基因分布更为均衡,呈现出较为多样化的组成结构。在海湾样本中,POPs降解基因整体丰度高于近海和岛屿样本。

对于塑料降解基因(图5C),旱季样本整体丰度普遍高于雨季,聚羟基脂肪酸酯(PHA)、聚3-羟基丁

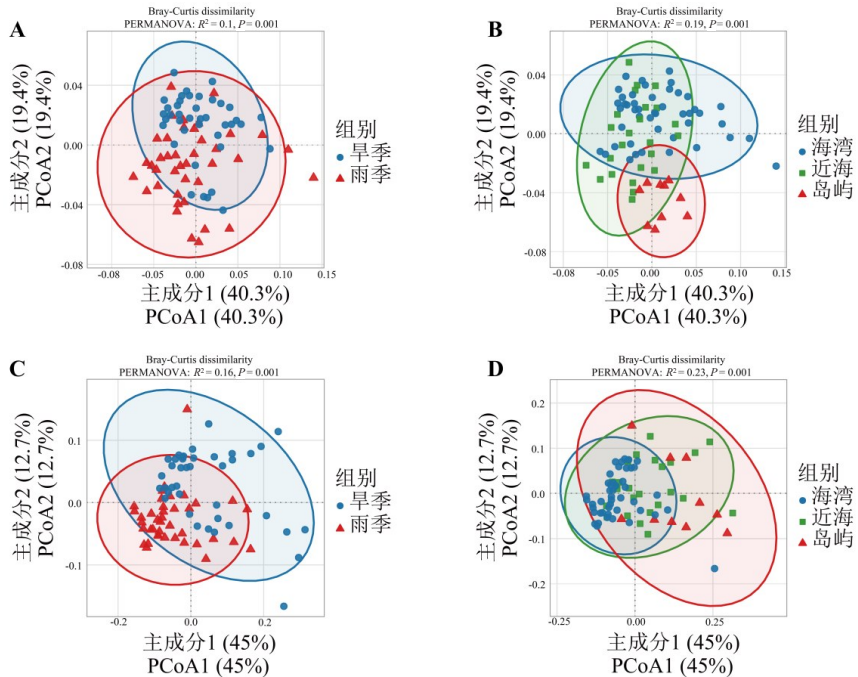


不同季节(A)及空间(B)检测到的POPs降解基因Shannon-Wiener指数和丰富度；
不同季节(C)及空间(D)检测到的塑料降解基因Shannon-Wiener指数和丰富度。

图3 污染物降解基因多样性指数比较

Shannon-Wiener index and abundance of POPs degradation genes detected in different seasons (A) and space (B);
Shannon-Wiener index and abundance of plastic degradation genes detected in different seasons (C) and space (D).

Fig.3 Comparison of pollutant degradation gene diversity indices

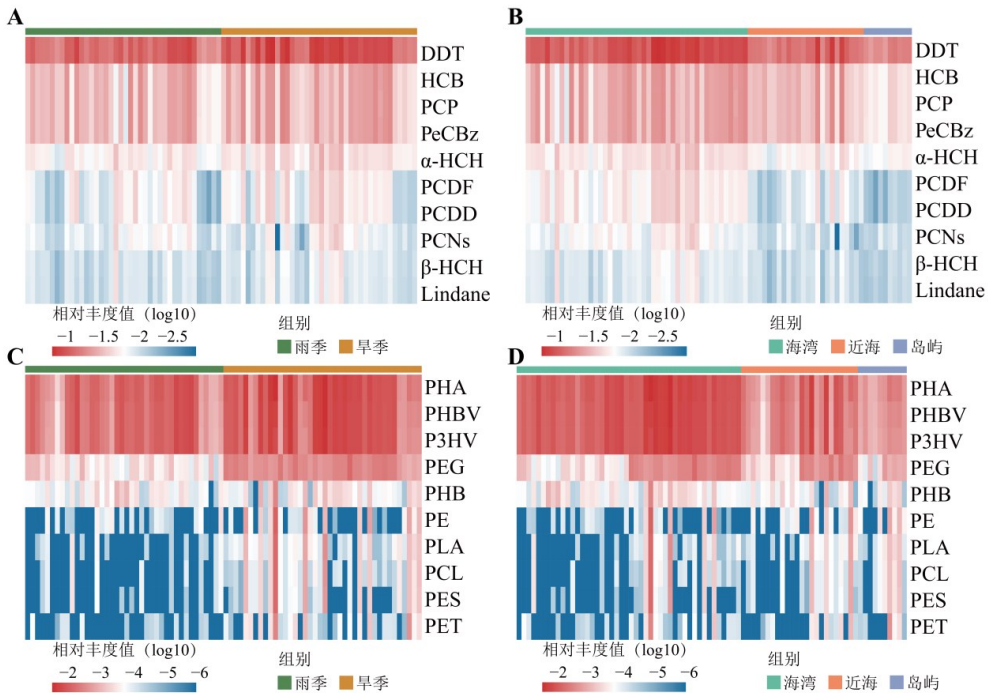


(A)不同季节各个站点POPs降解基因的主坐标分析；(B)不同空间各个站点POPs降解基因的主坐标分析；
(C)不同季节各个站点塑料降解基因的主坐标分析；(D)不同空间各个站点塑料降解基因的主坐标分析。

图4 污染物降解基因PCoA分析

(A) Principal coordinate analysis of POPs degradation genes at each site in different seasons; (B) POPs degradation genes at each site in different spaces; (C) Plastic degradation genes at each site in different seasons; (D) Plastic degradation genes at each site in different spaces.

Fig.4 PCoA analysis of contaminant degradation genes



(A)不同季节POPs降解基因相对丰度热图;(B)不同空间POPs降解基因相对丰度热图;
(C)不同季节塑料降解基因相对丰度热图;(D)不同空间塑料降解基因相对丰度热图。

图5 污染物降解基因组间丰度差异分析

(A) Heatmap of the relative abundance of POPs-degrading genes across seasons; (B) Heatmap of the relative abundance of POPs-degrading genes across space; (C) Heatmap of the relative abundance of plastic-degrading genes across seasons; (D) Heatmap of the relative abundance of plastic-degrading genes across space.

Fig.5 Analysis of intergroup abundance differences in pollutant degradation genes

酸酯-co-3-羟基戊酸酯 (PHBV)、聚 3-羟基戊酸 (P3HV)等降解基因在旱季中尤为富集,表现出明显的季节性响应特征。空间分组结果(图5D)则显示,在所有样本中,3种塑料降解基因 PHA、PHBV、P3HV 具有较高丰度,岛屿样本的个别站点降解基因丰度均高于其他站点,呈现出更复杂的组成结构。

2.3 环境因子与污染物降解基因丰度的相关分析

对于 POPs 降解基因丰度与环境因子进行相关性分析,结果显示活性磷酸盐、溶解氧、氨氮、悬浮物、总氮、总有机碳和总磷与 POPs 降解基因丰度呈显著正相关。活性硅酸盐、水深、亚硝酸盐、硝酸盐、盐度、透明度和水温与 POPs 降解基因丰度呈显著负相关。其中 PCDD 降解基因、PCDF 降解基因和 PCNs 降解基因丰度受环境因子影响较大(图6A)。

对于塑料降解基因,活性磷酸盐、溶解氧、氨氮、总有机碳和总磷与塑料降解基因丰度呈显著正相关。叶绿素 a、溶解有机碳、水深、亚硝酸盐、硝酸盐、悬浮物、盐度、总氮、透明度和水温与塑料降解基因丰度呈显著负相关。其中 P3HV 降解基因、PEG 降解基因、PHA 降解基因和 PHBV 降解基因丰度受环境因子影响较大(图6B)。

3 讨论

3.1 北部湾水体污染物降解潜能及影响因素

微生物体内 POPs 的降解过程中,分解代谢酶扮演着至关重要的角色,而它们的活性则是由特定的 POPs 分解代谢基因所编码的(Li et al, 2020)。这些基因不仅指导着酶的合成,还决定了酶在降解过程中的具体功能和效率,因此对于基因功能的研究很重要。本研究中基于空间和季节分组 Venn 图表明,尽管不同分组之间基因数量有一定差异,但它们共享一个核心的微生物群落。本研究中 POPs 降解基因中以 DDT 降解基因为主导,DDT 降解基因在旱季样本中相对丰度(34.36%)大于雨季样本中的相对丰度(31.46%),旱季可能更适合 DDT 降解微生物的生长。POPs 降解基因的多样性同样受到季节变化的影响,这种差异可能与水温、光照等环境因子存在相关性,这一发现与学者们先前关于水中微生物多样性研究的结论相吻合,进一步证实了季节变化对微生物多样性的影响是普遍存在的现象(Djurhuus et al, 2020; Chen et al, 2023b)。对于塑料降解基因,natural 降解基因与 synthetic heterochain 降解基因和 synthetic homochain 降解基因相

落的繁殖和活动。在深水和低温条件下,虽然厌氧微生物可能也在一定程度上起到作用,但这类微生物降解塑料效率相对较低(Omura et al, 2024)。

3.2 宏基因组学在微生物代谢潜能中的优势与前景

宏基因组学作为目前最为关键和成熟的组学手段,绕过了培养的技术,直接从核酸水平上展现出无论是可培养还是未可培养菌的遗传信息(Handelsman et al, 1998),这种方法克服了由于条件局限而导致的不可培养微生物信息缺失的问题,能够全面系统地揭示环境中微生物的遗传信息。在代谢潜能调查中,宏基因组学具有重要的应用价值。一方面,它可以作为前期大规模初筛的工具,从环境样本中精确识别微生物群落中起关键作用的关键物种,为污染物的微生物修复筛选潜在功能菌资源,从环境中分离出具备特定污染物降解能力的功能菌株,为后续培养奠定基础。Pawano等(2024)通过宏基因组学分析来调查参与聚丙烯生物降解的微生物群落,并从红树林沉积物中筛选出具有PP降解潜力的微生物和酶。Sun等(2022)使用宏基因组技术,鉴定出珠江中驱动聚乙烯生物降解的关键微生物,为地表水环境中微塑料的生物修复提供了新的视角和科学支持。这些研究表明,宏基因组技术在解析复杂微生物群落结构和筛选潜在功能菌方面具有重要价值。本研究通过功能注释,在北部湾水样中识别出与目标污染物降解密切相关的优势基因,揭示它们在环境中存在的功能,这也体现了宏基因组作为一种筛选工具,有识别潜在功能菌群及其与生态关系方面的潜力。另一方面,宏基因组学可以从生物多样性、功能代谢、进化机制等方面揭示生物群落间的特性。Ma等(2023)筛选出适应低C/N比条件下的好氧反硝化细菌群落,利用宏基因组测序技术揭示细菌的碳氮代谢途径,为水生生态系统恢复和水质维持提供科学依据。Peng等(2024)对宏基因组组装基因组进行分析,构建共现和代谢互补网络,揭示了嗜热微生物群落中随着温度升高而增强的代谢相互依赖性,为理解微生物在极端环境中的生存策略提供了新见解。这些研究强调了宏基因组学在解析微生物群落生态特性及其环境适应机制中的广泛应用价值。本研究基于宏基因组数据,识别了在环境中存在的污染物降解相关功能基因,显示污染环境对于特定微生物群体的筛选作用,提示其在污染物转化过程中可能发挥关键作用,通过对生物多样性及丰度结合分析,反映出潜在核心功能细菌群落可能在污染物降解中承担主导作用,体现了宏基因组学在环境修

复微生物筛选中的价值。相比之下,传统的16S rRNA基因高通量分析这样对单一基因进行测序具有无法避免的局限性(New & Brito, 2020),宏基因组技术通过对样本中全基因组序列的直接测定,更为客观地展示环境微生物群落的结构与功能潜力。

4 结论

本研究基于宏基因组学技术,分析了广西北部湾海域水体中POPs和塑料降解基因的多样性及其时空分布特征。主要结论如下:

(1)研究区域共检测到62种POPs降解基因和27种塑料降解相关基因。POPs降解基因以DDT降解基因为主导(相对丰度33.06%),塑料降解基因中天然塑料相关基因占据绝对优势(相对丰度89.19%),塑料降解酶中3HV dehydrogenas(相对丰度73.43%)丰度最高。

(2)空间因素对降解基因分布的影响高于季节变化。旱季样本中POPs和塑料降解基因的相对丰度普遍高于雨季,而雨季的基因丰富度更高,空间上岛屿区域的降解基因多样性最高,与海湾和近海区域存在明显差异。

(3)环境因子在调控污染物降解基因丰度方面发挥着关键作用。溶解氧、营养盐等因子与污染物降解基因的丰度呈显著正相关,盐度和水深则对污染物降解相关基因均表现为负相关。

参考文献

- 邓红霞, 郑冬芳, 徐娇, 等, 2021. PFOS相关法规及其替代品研究进展[J]. 浙江化工, 52(7):1-5.
- 丁洋, 2019. 涠洲岛珊瑚礁鱼类中OCPs、PCBs和OPEs生物积累的研究[D]. 南宁:广西大学.
- 董玉琪, 冯霄, 2003. 持久性有机污染物分析和处理技术研究进展[J]. 环境污染治理技术与设备, (6):49-55.
- DONG Y Y, FENG X, 2003. The research progress on the analysis and disposal of persistent organic pollutants[J]. Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control, (6):49-55.
- 韦朝海, 张小璇, 任源, 等, 2011. 持久性有机污染物的水污染控制:吸附富集、生物降解与过程分析[J]. 环境化学, 30(1):300-309.
- WEI C H, ZHANG X X, REN Y, et al, 2011. Pollution control of persistent organic pollutants in water system: adsorption/enrichment, biodegradation and process analysis[J]. Environmental Chemistry, 30(1):300-309.
- 吴磊石, 洪鸣, 彭梦微, 等, 2021. 北部湾海域表层水体中微塑料分布特征[J]. 环境科学研究, 34(11):2556-2562.

- WU L S, HONG M, PENG M W, et al, 2021. Distribution characteristics of microplastics in surface water of Beibu gulf[J]. *Research of Environmental Sciences*, 34(11):2556-2562.
- 徐新亚, 杨宏, 宁小清, 等, 2020. 北部湾海洋微生物物种多样性与化学多样性研究进展[J]. *广西科学*, 27(5):433-450, 461.
- XU X Y, YANG H, NING X Q, et al, 2020. Research progress of marine microbial diversity and chemical diversity in Beibu gulf[J]. *Guangxi Sciences*, 27(5):433-450, 461.
- 薛保铭, 2021. 北部湾近海沉积物微塑料污染时空格局及源-汇关系研究[D]. 南宁:广西大学.
- 赵剑豪, 王晓青, 曾军, 等, 2006. 聚丁二酸丁二醇酯及聚丁二酸/己二酸-丁二醇酯在微生物作用下的降解行为[J]. *高分子材料科学与工程*, 22(2):137-140.
- ZHAO J H, WANG X Q, ZENG J, et al, 2006. Studies on biodegradation behavior of poly(butylene succinate) and poly(butylene succinate-co-butylene adipate) by microorganisms[J]. *Polymer Materials Science & Engineering*, 22(2): 137-140.
- ADJOVU G E, STEPHEN H, JAMES D, et al, 2023. Measurement of total dissolved solids and total suspended solids in water systems: a review of the issues, conventional, and remote sensing techniques[J]. *Remote Sensing*, 15(14): 3534.
- ALHARBI O M L, BASHEER A A, KHATTAB R A, et al, 2018. Health and environmental effects of persistent organic pollutants[J]. *Journal of Molecular Liquids*, 263: 442-453.
- AMELIA T S M, Wan Mohd Afiq Wan Mohd Khalik, ONG M C, et al, 2021. Marine microplastics as vectors of major ocean pollutants and its hazards to the marine ecosystem and humans[J]. *Progress in Earth and Planetary Science*, 8 (1):12.
- AMOBONYE A, BHAGWAT P, SINGH S, et al, 2021. Plastic biodegradation: frontline microbes and their enzymes[J]. *Science of the Total Environment*, 759:143536.
- BAL A, PANDA F, PATI S G, et al, 2022. Influence of anthropogenic activities on redox regulation and oxidative stress responses in different *Phyla* of animals in coastal water *via* changing in salinity[J]. *Water*, 14(24):4026.
- CHEN C Z, LI P, YIN M H, et al, 2023. Deciphering characterization of seasonal variations in microbial communities of marine ranching: diversity, co-occurrence network patterns, and assembly processes[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 197:115739.
- CHEN S F, 2023. Ultrafast one-pass FASTQ data preprocessing, quality control, and deduplication using fastp[J]. *iMeta*, 2(2):e107.
- DEVENDRAPANDI G, LIU X H, BALU R, et al, 2024. Innovative remediation strategies for persistent organic pollutants in soil and water: a comprehensive review[J]. *Environmental Research*, 249:118404.
- DJURHUUS A, CLOSEK C J, KELLY R P, et al, 2020. Environmental DNA reveals seasonal shifts and potential interactions in a marine community[J]. *Nature Communications*, 11:254.
- GAMBARINI V, PANTOS O, KINGSBURY J M, et al, 2022. PlasticDB: a database of microorganisms and proteins linked to plastic biodegradation[J]. *Database*, 2022: baac008.
- GOMES P H, PEREIRA S P, TAVARES T C L, et al, 2023. Impacts of desalination discharges on phytoplankton and zooplankton: perspectives on current knowledge[J]. *Science of the Total Environment*, 863:160671.
- HANDELSMAN J, RONDON M R, BRADY S F, et al, 1998. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products[J]. *Chemistry & Biology*, 5(10):R245-R249.
- HUANG S H, HUANG D Y, WU Q T, et al, 2020. Effect of environmental C/N ratio on activities of lignin-degrading enzymes produced by *Phanerochaete chrysosporium*[J]. *Pedosphere*, 30(2):285-292.
- JIA Y, WANG J H, REN C, et al, 2019. Identification and characterization of a meta-cleavage product hydrolase involved in biphenyl degradation from *Arthrobacter* sp. YC-RL1[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103 (16):6825-6836.
- JOINT I, MÜHLING M, QUERELLOU J, 2010. Culturing marine bacteria - an essential prerequisite for biodiscovery [J]. *Microbial Biotechnology*, 3(5):564-575.
- KECK F, PELLER T, ALTHER R, et al, 2025. The global human impact on biodiversity[J]. *Nature*, 641(8062):395-400.
- KIM D H, LEE H, KIM K, et al, 2024. Persistent organic pollutants in the Antarctic marine environment: the influence impacts of human activity, regulations, and climate change [J]. *Environmental Pollution*, 363:125100.
- KURODA K, YAMAMOTO K, ISSHIKI R, et al, 2025. Metagenomic and metatranscriptomic analyses reveal uncharted microbial constituents responsible for polyhydroxybutyrate biodegradation in coastal waters[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 487:137202.
- LANGMEAD B, SALZBERG S L, 2012. Fast gapped-read alignment with bowtie 2[J]. *Nature Methods*, 9(4):357-359.
- LI X J, WANG J H, JIA Y, et al, 2020. The genome analysis of *Methylobacterium populi* YC-XJ1 with diverse xenobiotics biodegrading capacity and degradation characteristics

- of related hydrolase[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(12):4436.
- LV S W, LI Y F, ZHAO S F, et al, 2024. Biodegradation of typical plastics: from microbial diversity to metabolic mechanisms[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(1):593.
- MA B, ZHANG H H, HUANG T L, et al, 2023. Aerobic denitrification enhanced by immobilized slow-released iron/activated carbon aquagel treatment of low C/N micropolluted water: denitrification performance, denitrifying bacterial community co-occurrence, and implications[J]. *Environmental Science & Technology*, 57(13):5252-5263.
- MOHANAN N, MONTAZER Z, SHARMA P K, et al, 2020. Microbial and enzymatic degradation of synthetic plastics [J]. *Frontiers in Microbiology*, 11:580709.
- NEW F N, BRITO I L, 2020. What is metagenomics teaching us, and what is missed?[J]. *Annual Review of Microbiology*, 74:117-135.
- NGARA T R, ZENG P J, ZHANG H J, 2022. mibPOPdb: an online database for microbial biodegradation of persistent organic pollutants[J]. *iMeta*, 1(4):e45.
- OMURA T, ISOBE N, MIURA T, et al, 2024. Microbial decomposition of biodegradable plastics on the deep-sea floor[J]. *Nature Communications*, 15:568.
- OTHMAN A R, ABU HASAN H, MUHAMAD M H, et al, 2021. Microbial degradation of microplastics by enzymatic processes: a review[J]. *Environmental Chemistry Letters*, 19(4):3057-3073.
- PAWANO O, JENPUNTARAT N, STREIT W R, et al, 2024. Exploring untapped bacterial communities and potential polypropylene-degrading enzymes from mangrove sediment through metagenomics analysis[J]. *Frontiers in Microbiology*, 15:1347119.
- PENG X, WANG S, WANG M X, et al, 2024. Metabolic interdependencies in thermophilic communities are revealed using co-occurrence and complementarity networks[J]. *Nature Communications*, 15:8166.
- PENKHRUE W, KHANONGNUCH C, MASAKI K, et al, 2015. Isolation and screening of biopolymer-degrading microorganisms from northern Thailand[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 31(9):1431-1442.
- SUN W, XIA C Y, XU M Y, et al, 2016. Application of modified water quality indices as indicators to assess the spatial and temporal trends of water quality in the Dongjiang River[J]. *Ecological Indicators*, 66:306-312.
- SUN X X, CHEN Z Y, KONG T L, et al, 2022. Mycobacteriaceae mineralizes micropolyethylene in riverine ecosystems [J]. *Environmental Science & Technology*, 56(22):15705-15717.
- VIEL T, MANFRA L, ZUPO V, et al, 2023. Biodegradation of plastics induced by marine organisms: future perspectives for bioremediation approaches[J]. *Polymers*, 15(12):2673.
- WANG W F, GE J, YU X Y, 2020. Bioavailability and toxicity of microplastics to fish species: a review[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 189:109913.
- WU J P, HONG Y G, GUAN F J, et al, 2016. A rapid and high-throughput microplate spectrophotometric method for field measurement of nitrate in seawater and freshwater [J]. *Scientific Reports*, 6:20165.
- WU M, SONG L S, REN J P, et al, 2004. Assessment of microbial dynamics in the Pearl River Estuary by 16S rRNA terminal restriction fragment analysis[J]. *Continental Shelf Research*, 24(16):1925-1934.
- XU Y Y, WANG Y H, LI J, et al, 2013. Distributions, possible sources and biological risk of DDTs, HCHs and chlor-danes in sediments of Beibu Gulf and its tributary rivers, China[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 76(1/2):52-60.
- YIN X L, ZHENG X W, LI L G, et al, 2023. ARGs-OAP v3.0: antibiotic-resistance gene database curation and analysis pipeline optimization[J]. *Engineering*, 27:234-241.
- ZHAO B P, HUA X D, WANG F, et al, 2015. Biodegradation of propylamide by *Comamonas testosteroni* W1 and cloning of the propylamide hydrolase gene camH[J]. *Biore-source Technology*, 179:144-149.
- ZHOU L, SANG S L, LI J J, et al, 2023. From waste to resource: metagenomics uncovers the molecular ecological resources for plastic degradation in estuaries of South China[J]. *Water Research*, 242:120270.
- ZHU Z H, WEI H H, HUANG W, et al, 2022. Occurrence of microplastic pollution in the Beibu gulf, the northern South China Sea[J]. *Frontiers in Marine Science*, 8:821008.

(责任编辑 郑金秀 崔莎莎)

Diversity and Distribution of Functional Genes for Degrading Persistent Organic Pollutants and Plastics in Beibu Gulf

FANG Shiyun, GAN Lihong, HE Yuhan, GONG Chen, LI Jianing, ZHOU Lei

(College of Marine Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, P. R. China)

Abstract: The Beibu Gulf waters in Guangxi are vital fishing grounds in China and the region most heavily impacted by human activities. Persistent organic pollutants (POPs) and plastics have emerged as severe environmental challenges for Guangxi's marine ecosystem. In this study, we explored the diversity and spatio-temporal distribution of pollutant degradation genes in the waters of the Beibu Gulf of Guangxi, aiming to provide a scientific basis for protecting marine ecology in the region. In October 2022 (wet season) and January 2023 (dry season), surface seawater samples were systematically collected at 40 stations in the Beibu Gulf, and the composition, abundance and distribution of pollutant-related degradation genes in water samples for different seasons (dry and wet) and spatial locations (island, bay and coast) were analyzed based on metagenomic sequencing technology. A total of 62 POPs degradation-related genes and 20 degradable compounds were detected in the samples. Among them, the abundance of samples was higher in the wet season than in the dry season, and the relative abundance of the genes was higher in the dry season than in the wet season. Spatially, the highest diversity was found in the island samples. The degradation genes of POPs were dominated by DDT degradation genes, with a relative abundance of 33.06%. In terms of plastic degradation, a total of 27 plastic-degrading genes and 33 plastic-degrading enzymes were detected, and the diversity and abundance of samples were higher in the dry season than in the wet season, and the relative abundance of genes was higher in the dry season than in the wet season. Spatially, the diversity of island samples was higher than that of coastal and bay samples. The relative abundance of natural plastic degradation genes was as high as 89.19%, and 3HV dehydrogenase genes dominated among plastic degradation enzyme genes (73.43%). Environmental factors play a key role in regulating the abundance of pollutant-degradation genes. Dissolved oxygen and nutrients positively correlated with pollutant-degradation gene abundance, while salinity and water depth showed negative correlations with genes associated with pollutant degradation. The study indicates that the Beibu Gulf has strong potential for degrading POPs and plastics and provides a crucial reference for functional gene exploration and regional ecological conservation.

Key words: metagenomics; biodegradation; persistent organic pollutants; plastic pollution; Beibu Gulf