

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2026.01.014

叶姜瑜, 曾校棣, 李芸邑. M-IBI 在城镇河流健康监测中的应用——以乐山市茫溪河为例 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2026, 48(1): 177-189.

M-IBI 在城镇河流健康监测中的应用

——以乐山市茫溪河为例

叶姜瑜, 曾校棣, 李芸邑

重庆大学 环境与生态学院, 重庆 400045

摘要: 生物完整性指数(IBM)在河流生态系统健康评价中应用广泛, 然而, 目前基于微生物的 IBM 评价方法较少, 在城镇河流中的相关研究更为不足。基于 Illumina 高通量测序技术获得的微生物数据, 筛选关键环境因子和生物参数, 最终选取 Proteobacteria 门相对丰度、COD_{Mn} 耐受属相对丰度、COD_{Cr} 耐受属相对丰度、TP 耐受属相对丰度 4 项指标构建微生物完整性指数(M-IBI), 并应用于乐山市茫溪河生态系统健康状况的监测中。结果表明: 茫溪河 7 个研究点位在丰水期和枯水期的 M-IBI 分值为 1.819~3.838, 整体生态健康状况为“健康—亚健康”, 其中枯水期优于丰水期, 上下游优于中游。M-IBI 能有效识别不同污染程度的河段, 较准确地反映河流健康状况, 可为西南地区城镇河流生态系统的修复与管理提供科学依据。

关键词: 微生物完整性指数; 城镇河流; 健康评价; 监测

中图分类号: X826 **文献标识码:** A

文章编号: 1673-9868(2026)01-0177-13

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Application of the Microbial Index of Biotic Integrity(M-IBI) in

Urban River Health Monitoring

——A Case Study of the Mangxi River in Leshan City

YE Jiangyu, ZENG Xiaodi, LI Yunyi

College of Environment and Ecology, Chongqing University, Chongqing 400045, China

Abstract: The index of biotic integrity (IBM) is widely used in river ecosystem health evaluation. However, microbial-based IBM evaluation methods remain limited, particularly in the context of urban rivers. We screened and identified key environmental factors and biological parameters based on the microbial infor-

收稿日期: 2025-03-11

基金项目: 重庆市生态环境局科技规划项目(2019-125)。

作者简介: 叶姜瑜, 博士, 教授, 主要从事环境微生物学研究。

mation obtained by Illumina high-throughput sequencing technology. Four indicators were selected to construct the microbial index of biotic integrity (M-IBI): the relative abundance of Proteobacteria, the relative abundance of COD_{Mn} tolerant genera, the relative abundance of COD_{Cr} tolerant genera, and the relative abundance of TP tolerant genera. M-IBI was subsequently applied to monitor the ecosystem health of the Mangxi River in Leshan City. The results showed that the M-IBI scores of the seven investigated sites in the Mangxi River ranged from 1.819 to 3.838 in wet and dry season, with the overall ecological health status classified as “healthy to sub healthy”. The health status of the river during the dry season was better than that in the wet season, the upper and lower reaches of the river exhibited better conditions than the middle reaches. M-IBI can effectively differentiate river sections with different degrees of pollution and monitor the health of the river in a more reasonable way. The results of this study can provide a reference for the restoration and management of river ecosystems in southwestern towns.

Key words: microbial index of biotic integrity; urban rivers; health evaluation; monitor

河流生态系统在维持地球表面的水文循环、能量平衡以及气候变化中发挥着重要作用。然而,随着经济的快速发展,城镇人口的增长,人们生产和生活所产生的污水量大幅增加,污水成分也日趋复杂。但污水收集和处理设施的处理效率滞后于当前的需求,从而导致河流水体中污染物浓度超出其承载能力,河流生态系统遭到破坏,难以维持平衡^[1-3]。因此,构建有效的城镇河流生态健康评价体系,将有助于监测城镇河流生态系统状况,从而有针对性地开展河流生态修复与治理工作。

Karr^[4]在 1981 年以鱼类为研究对象,基于生物完整性的相关概念,首次系统构建了生物完整性指数(Index of Biotic Integrity, IBI)评价方法体系,并将其应用于河流健康评价中。该方法体系提升了河流健康评价的精度和效率,其综合性和预警功能也为河流的持续管理提供了有效工具。IBI 自提出以来,经过几十年的研究与发展,其研究对象已从鱼类扩展到了大型底栖无脊椎动物^[5]、浮游动物^[6]和浮游植物^[7]等,并广泛应用于河流、湖泊、水库、湿地、地下水等多种水生生态系统的健康状况评价中^[8-12]。目前,以鱼类和大型底栖无脊椎动物^[13-16]为研究对象的完整性指数评价体系的构建最为成熟,以浮游动物和浮游植物^[17-19]为研究对象的相关研究也较为丰富。然而,近年来,各地水体普遍遭受了不同程度的污染,水生生态系统退化现象频发,鱼类、大型底栖无脊椎动物、浮游动物和浮游植物的多样性显著减少,导致难以全面准确地评估此类水体的健康状况^[20]。

相较于传统生物指标,在河流生态系统健康评价研究中,微生物群落凭借其独特的生物学特性,正逐步成为备受关注的研究对象。微生物在物种多样性方面具有显著优势,且能更敏锐地响应所处生境的变化^[21]。研究表明,微生物群落多样性和丰度与水生生态系统的健康程度高度相关,其结构和功能会对水质变化做出动态响应^[22-23]。在受到强烈干扰的情况下,微生物群落虽发生改变,但并未出现明显的多样性损失^[24],这些特性为其作为生态健康评价指标奠定了坚实的理论基础。

微生物群落理论背景与技术的发展,使得微生物生物完整性指数(Microbial Index of Biotic Integrity, M-IBI)的提出与应用在实际应用中展现出多方面的潜力:首先,微生物群落对环境变化的响应速度远超传统生物指标(如鱼类、大型底栖无脊椎动物等),能够精准且迅速地捕捉到短期污染波动情况^[21],这使 M-IBI 具有更高的准确性与灵敏性;其次,微生物凭借其广泛的环境适应性和高丰度特征,即便在受到严重干扰的水体环境中,依然能够保持稳定的群落结构,这一特性有效弥补了传统生物指标在低多样性环境中的失效问题^[25],为 M-IBI 在不同环境下的广泛应用奠定了基础;再者,随着测序技术的不断革新与广泛应用, Illumina 高通量测序技术的应用使微生物数据的获取变得更加高效和全面,为 M-IBI 的动态监测与精准评估提供了强有力的技术支撑^[26-27]。Wang 等^[26]的研究表明,在受人类活动强烈干扰的城市湖泊进行

健康状况评价时, 底栖生物完整性指数(Benthic Index of Biotic Integrity, B-IBI)与水质无显著相关关系, 而 M-IBI 与水质呈显著正相关关系, 这表明 M-IBI 在反映实际水质情况时具有更高的敏感性。苏瑶等^[28]通过高通量测序技术成功构建了 M-IBI 评价体系, 并将其应用于河流水生态系统的健康评价中, 其结果与水质状况基本吻合。孙瑶等^[29]也通过构建 M-IBI 评价体系对上海松江区 4 条河道生态系统的健康状况进行评估, 有效反映了生态修复后河流水质的变化情况。以上研究均证明了 M-IBI 的广泛适用性, 然而, 现有研究多集中于湖泊或大型河流^[22, 30], 针对城镇河流的研究仍较为缺乏。城镇河流具有水文波动剧烈、污染物来源复杂的特点^[3, 31], 传统 IBI 方法因生物群落多样性受干扰显著减少而难以适用。因此, 本研究以乐山市茫溪河为例, 旨在构建适用于城镇河流的 M-IBI 评价体系, 为高干扰环境下的河流健康监测提供新方法。

1 材料与方法

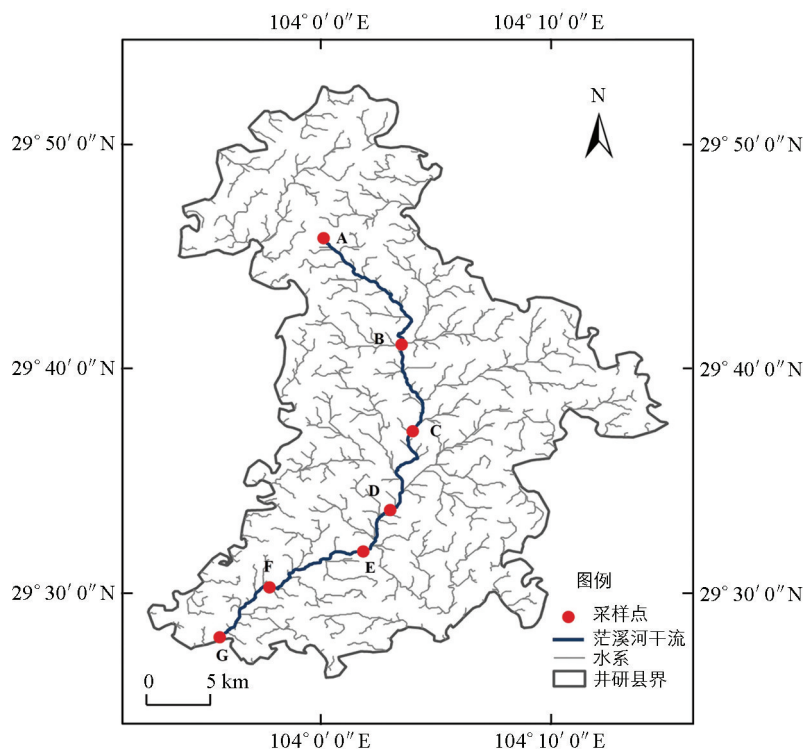
1.1 研究区域概况与采样点设置

选取四川省乐山市井研县境内的茫溪河干流(29°27′~29°44′N, 103°55′~104°05′E)为研究对象。茫溪河是岷江下游左岸的一级支流, 在井研县境内的流域面积为 663 km², 河长 75.0 km, 河宽 30~50 m, 多年平均径流量 3.53 m³/s。水资源主要依靠降水补给, 径流量季节变化显著, 是井研县的主要河流。该县的重要城镇、工业以及农业发展区主要沿其干流两岸分布。根据茫溪河的自然环境特征及城镇分布情况, 在水源地(A)、沿线主要城镇交汇处(B~F)以及出境断面(G)共设置了 7 个采样点, 具体分布位置如图 1 所示。

1.2 样品采集与分析

1.2.1 样本采集与水质分析

于 2022 年 9 月(丰水期)和 2023 年 1 月(枯水期)对水样进行采集, 每个点位采集 3 份水样混合后取 6 L 水样作为最终样品, 置于灭菌密封聚乙烯塑料瓶中。丰水期水样标记为 AF~GF, 枯水期水样标记为 AD~GD。将水样运回实验室后, 取其中 1 L 水样, 参照《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)对以下水质指标进行分析测定: 高锰酸盐指数(COD_{Mn})、化学需氧量(COD_{Cr})、氨氮(NH₃-N)、总氮(TN)、总磷(TP)。另外 5 L 水样, 每 1 L 使用 0.22 μm 的微孔滤膜抽滤形成一个样品(包括 3 个平行样和 2 个备份), 抽滤后的滤膜置于 10 mL 灭菌离心管中, 保存在 -80 °C 冰箱中, 用于后续高通量测序。此外, 使用手持式多参数高精度水质测定仪(TE-1800)现场测定 pH、水温(T)、溶解氧(DO)、电导率(EC)、浊度(FTU)等水质参数。



审图号: 川 S【2024】10014 号。

图 1 采样点分布示意图

1.2.2 Illumina 高通量测序

采用 TIANamp Soil DNA Kit 试剂提取盒对各采样点水样中的微生物 DNA 进行提取。按照说明书操作,使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测提取的 DNA 片段,并通过分光光度计测定 DNA 的质量和纯度(OD₂₆₀/OD₂₈₀)。本次高通量测序的目标区域为 515FmodF_806RmodR,引物为 515FmodF(GTGY-CAGCMGCCGCGTAA),806RmodR(GGACTACNVGGGTWTCTAAT)。

DNA 提取、高通量测序均由上海美吉生物医药科技有限公司完成,微生物数据分析在美吉生物云平台(www.majorbio.com)进行,折线图和箱线图使用 Origin 2022 绘制。

1.3 M-IBI 体系的构建

1.3.1 参考点的选择

参考点应选择不受人为干扰的原始状态的点位,但茫溪河作为井研县的主要河流,该县的生产生活主要位于茫溪河周边,很难找到处于理想状态的参考点,于是选择受人为干扰较小的点位作为参考点。参考文献[25, 32],依据《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)对 COD_{Mn}、COD_{Cr}、NH₃-N、TN 和 TP 共 5 项指标进行赋分。各水质参数达到 I、II、III、IV 和 V 类标准时,分别计 5、4、3、2 和 1 分;未达到 V 类标准的计 0 分,各水质因子之和即为该采样点的水质总分。参考点设置参考文献[27],将水质总分大于 75%分位数的点位设为参考点,其余采样点设为受损点。

1.3.2 环境因子的确定与筛选

冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)和典范对应分析(Canonical Correspondence Analysis, CCA)均可用于微生物群落组成与环境因子之间的关联分析^[33-35]。先用 species-sample 数据进行去趋势对应分析(Detrended Correspondence Analysis, DCA),如分析结果中梯度长度的第一轴小于 3.5 则选择 RDA,反之则选择 CCA。在绘制 RDA/CCA 结果图后,通过图中箭头的方向和长短来判断每个环境因子对微生物群落组成的影响程度。计算得到 envfit 分析表,选出具有显著影响的环境因子。

1.3.3 微生物参数的确定与筛选

参考文献[27, 36-38],选取以下指标作为候选指标:多样性指标、群落组成指标和耐受性/敏感性指标。其中,多样性指标包括 Ace、Chao、Shannon、PD、Sobs 等 α 多样性指数;群落组成指标为优势物种的相对丰度,以及部分具有代表性的细菌群落的相对丰度;耐受性/敏感性指标主要为与相关环境因子呈正/负相关菌群的相对丰度。

确定候选指标后,采用箱线图和相关性分析对相关指标进行筛选。筛选过程参考文献[21],首先,通过箱线图比较各候选指标在区分参考点和受损点方面的能力(四分位距(Interquartile Range, IQ) ≥ 2 ,即两箱体无重叠或有重叠但中位线不在对方箱体内),筛选出具有代表性的候选指标;其次,对选出的指标进行 Pearson 相关性分析,若两候选指标间的相关系数 $|R| \geq 0.7$ 且 $p < 0.05$,则认为两指标具有显著相关性,并保留其中一个指标。

1.3.4 评价标准及指标得分

参考文献[28, 30, 39],将筛选得到的核心指标构建为 M-IBI 评价体系。采用比值法对核心指标进行赋分,指标值的计算公式如下:当指标值随着干扰的增强而增大时, M-IBI 得分=(最大值-点位值)/(最大值-5%分位数);当指标值随着干扰的增强而减小时, M-IBI 得分=点位值/95%分位数。最终, M-IBI 得分为各项指标得分之和。该方法计算得到的 M-IBI 值范围为 0~1,若结果大于 1,则记为 1。将各采样点的 M-IBI 得分按从大到小排序,以 95%分位数作为健康状态的评价阈值, M-IBI 得分高于该阈值的采样点视为健康状态;将低于 95%分位数的分布范围五等分,分别划分为健康、亚健康、一般、较差和极差状态。

2 结果与分析

2.1 参考点的选择

根据 1.3 节所述的评分标准, 对各采样点的 COD_{Mn} 、 COD_{Cr} 、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP 进行赋分, 综合水质得分为各项水质参数得分的总和, 结果见表 1。各点位综合水质得分范围为 9~23, 其中综合水质得分的 75% 分位数为 17, 选取综合水质得分 ≥ 17 分的位点为参考点, 即设置 AF(丰水期)和 AD(枯水期)为参考点, 其余位点为受损点。

表 1 各采样点丰水期和枯水期主要水质参数及综合得分

采样时期	编号	pH	T/ ℃	DO/ ($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	EC/ ($\text{uS} \cdot \text{cm}^{-1}$)	FTU/ NTU	$\text{COD}_{\text{Mn}}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	$\text{COD}_{\text{Cr}}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	$\text{NH}_3\text{-N}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	TN/ ($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	TP/ ($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	综合得分
丰水期	AF	8.38	23.1	8.5	756.2	12.2	1.3	4.105	0.047	0.88	0.008	23
	BF	8.40	24.3	8.3	767.2	15.3	6.3	16.34	0.371	2.65	0.257	11
	CF	7.80	23.5	7.7	761.3	14.2	5.7	14.37	0.823	2.51	0.378	12
	DF	7.92	23.3	7.2	760.8	14.2	6.4	18.46	0.762	2.77	0.302	9
	EF	8.29	24.0	8.4	764.6	15.4	6.5	18.47	0.679	2.81	0.337	9
	FF	8.12	23.5	8.9	769.7	13.0	7.2	22.58	0.459	3.13	0.372	9
	GF	7.13	23.8	6.4	715.4	13.9	5.8	20.46	0.314	2.91	0.380	10
枯水期	AD	8.74	8.7	16.0	1 170.5	11.0	1.4	10.00	0.405	1.70	0.047	19
	BD	8.94	9.1	15.8	1 177.4	13.9	5.6	24.20	0.203	1.69	0.103	13
	CD	7.97	9.2	15.0	1 181.1	12.7	6.2	24.85	0.362	1.92	0.143	12
	DD	8.04	9.0	14.5	1 184.1	13.6	6.8	12.24	0.492	2.07	0.193	14
	ED	8.84	8.9	15.6	1 172.6	14.3	5.4	38.79	0.559	2.10	0.200	9
	FD	8.84	9.1	16.2	1 192.8	13.4	6.9	24.39	0.363	1.81	0.105	12
	GD	8.15	9.0	15.0	1 111.6	13.2	6.0	18.36	0.167	1.69	0.121	14

2.2 环境因子的确定与筛选

对丰水期和枯水期门层次的微生物群落与水质指标进行 RDA 分析, 结果如图 2 所示。丰水期, 第一个 RDA 轴解释了 77.23% 的优势门的微生物结构变化, 第二个 RDA 轴解释了 6.48% 的优势门的微生物结构变化, 累计解释量为 83.71%。Mantel 检验表明, COD_{Mn} 、 COD_{Cr} 、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP 与微生物群落分布呈显著相关 ($0.001 < p \leq 0.01$)。枯水期, 第一个 RDA 轴解释了 65.89% 的优势门的微生物结构变化, 第二个 RDA 轴解释了 14.94% 的优势门的微生物结构变化, 累计解释量为 80.83%。Mantel 检验表明, pH 和 FTU 与微生物群落呈显著相关关系 ($0.01 < p \leq 0.05$), 而 T、 COD_{Mn} 、 COD_{Cr} 、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP 与微生物群落呈极显著相关关系 ($p < 0.01$)。由此推断, 影响茫溪河流域微生物群落的关键环境因子为 COD_{Mn} 、 COD_{Cr} 、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP。

2.3 生物参数的确定与筛选

分析丰水期和枯水期各采样点门分类水平的物种组成情况, 结果显示, 不同时期茫溪河中的优势菌门均为变形菌门(Proteobacteria), 其中, 丰水期占比为 38.74%, 枯水期占比为 27.88%。其次, 丰水期占比比较高的还有厚壁菌门(Firmicutes, 34.97%)和拟杆菌门(Bacteroidota, 11.47%); 枯水期占比比较高的门有放线菌门(Actinobacteriota, 20.88%)和蓝细菌门(Cyanobacteria, 16.25%)。

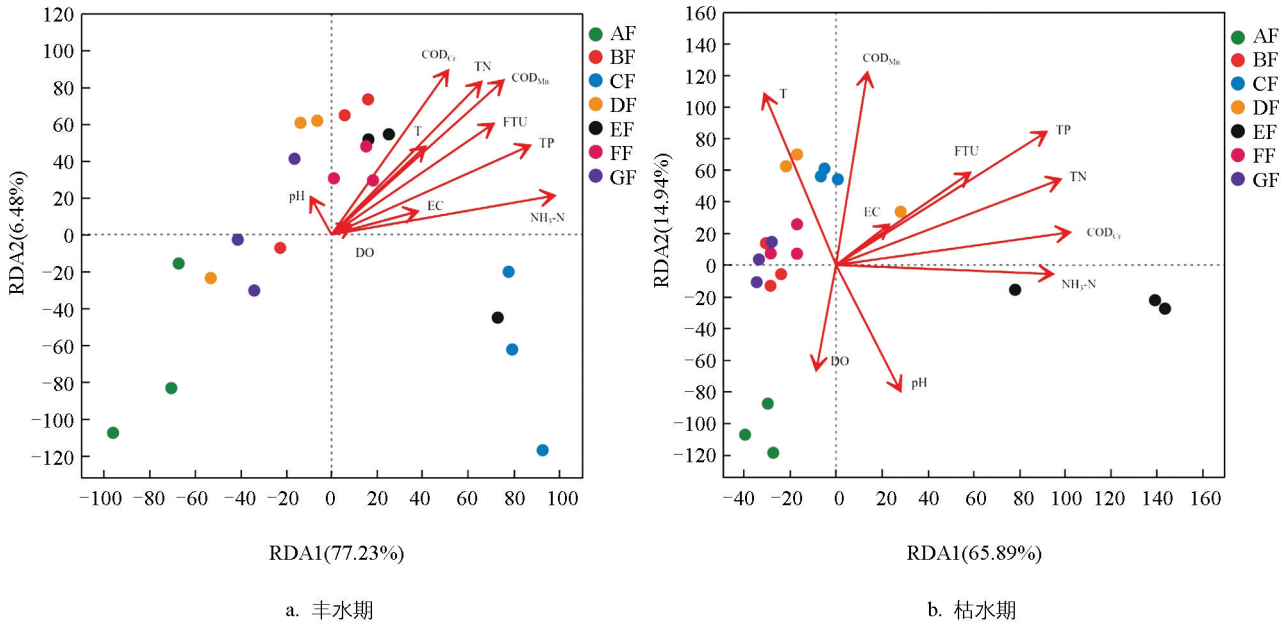
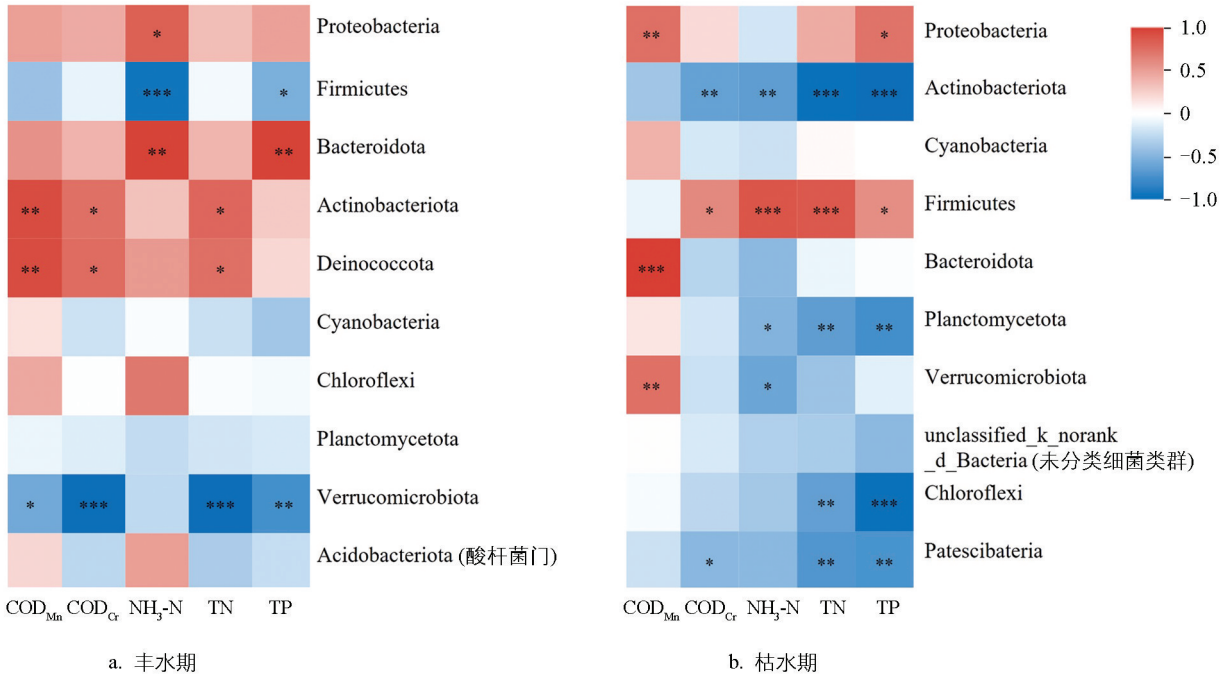


图 2 门水平微生物群落与环境因子 RDA 分析图

进一步分析关键环境因子与两个时期前 10 优势门微生物群落之间的相关性(图 3), 结果表明: 在丰水期, 前 10 优势门中的变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、奇异球菌门(Deinococcota)和疣微菌门(Verrucomicrobiota)与 COD_{Cr} 、 COD_{Mn} 、 NH_3-N 、TN 和 TP 的相关性较强; 在枯水期, 前 10 优势门中的变形菌门、放线菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、浮霉菌门(Planctomycetota)、疣微菌门、绿弯菌门(Chloroflexi)和髌骨细菌门(Patescibacteria)与上述环境因子的相关性较强。



* 表示(0.01 < p ≤ 0.05), ** 表示(0.001 < p ≤ 0.01), *** 表示(p ≤ 0.001)。

图 3 关键环境因子与丰水期和枯水期前 10 优势门的相关性热图

综合两个时期环境因子与前 10 优势门微生物群落之间的相关性, 将变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门和疣微菌门的相对丰度指标纳入微生物完整性指标的候选指标。

在此之外, 进一步选用能够反映河流微生物群落多样性、功能微生物群落的指标作为候选生物参数,

共确立了 20 个备选指标(表 2)。分析所有指标对干扰的判别能力,通过箱线图筛选出符合要求的 5 项指标(图 4);对这 5 项指标进行 Pearson 相关性分析,选取相关性系数绝对值均小于 0.7(表 3)的指标,最终获得用于计算 M-IBI 的 4 项指标: Proteobacteria 门相对丰度、COD_{Mn} 耐受属相对丰度、COD_{Cr} 耐受属相对丰度、TP 耐受属相对丰度。

表 2 微生物完整性指数的候选生物参数

指示代码	候选指标	对干扰增加的响应	指示代码	候选指标	对干扰增加的响应
M1	Ace 指数	下降	M11	COD _{Mn} 耐受属相对丰度	上升
M2	Chao 指数	下降	M12	COD _{Mn} 清洁属相对丰度	下降
M3	Shannon 指数	下降	M13	COD _{Cr} 耐受属相对丰度	上升
M4	PD 指数	下降	M14	COD _{Cr} 清洁属相对丰度	下降
M5	Sobs	下降	M15	NH ₃ -N 耐受属相对丰度	上升
M6	Proteobacteria 门相对丰度	上升	M16	NH ₃ -N 清洁属相对丰度	下降
M7	Firmicutes 门相对丰度	下降	M17	TN 耐受属相对丰度	上升
M8	Bacteroidota 门相对丰度	上升	M18	TN 清洁属相对丰度	下降
M9	Actinobacteriota 门相对丰度	下降	M19	TP 耐受属相对丰度	上升
M10	Verrucomicrobiota 门相对丰度	下降	M20	TP 清洁属相对丰度	下降

表 3 5 个生物指标的 Pearson 相关分析

	M6	M11	M13	M17	M19
M6	1				
M11	0.006	1			
M13	0.268	-0.121	1		
M17	-0.142	-0.201	0.761**	1	
M19	-0.129	-0.038	0.687**	0.923**	1

注: ** 表示在 0.05 级别(双尾)相关性显著。

2.4 评价结果

计算 4 个筛选出的指标对应的 M-IBI 分值,相加后获得各采样点的 M-IBI 总分,以此为基础建立茫溪河 M-IBI 指标的河流生态系统健康评价标准(表 4),并评估各采样点的健康状况(表 5)。结果显示,丰水期:1 个点位健康状况为健康,5 个为亚健康,1 个为一般;枯水期:4 个点位健康状况为健康,1 个为亚健康,2 个为一般。与丰水期相比,枯水期健康状况为健康的点位比例更高,整体健康状况更好;河流中游(B 点~F 点)的健康状况略差于上游(A 点)和下游(G 点)。

表 4 茫溪河流域基于 M-IBI 指标的河流生态系统健康评价标准

M-IBI 分值范围	健康程度	M-IBI 分值范围	健康程度
>3.069	健康	(0.767, 1.534]	较差
(2.301, 3.069]	亚健康	<0.767	极差
(1.534, 2.301]	一般		

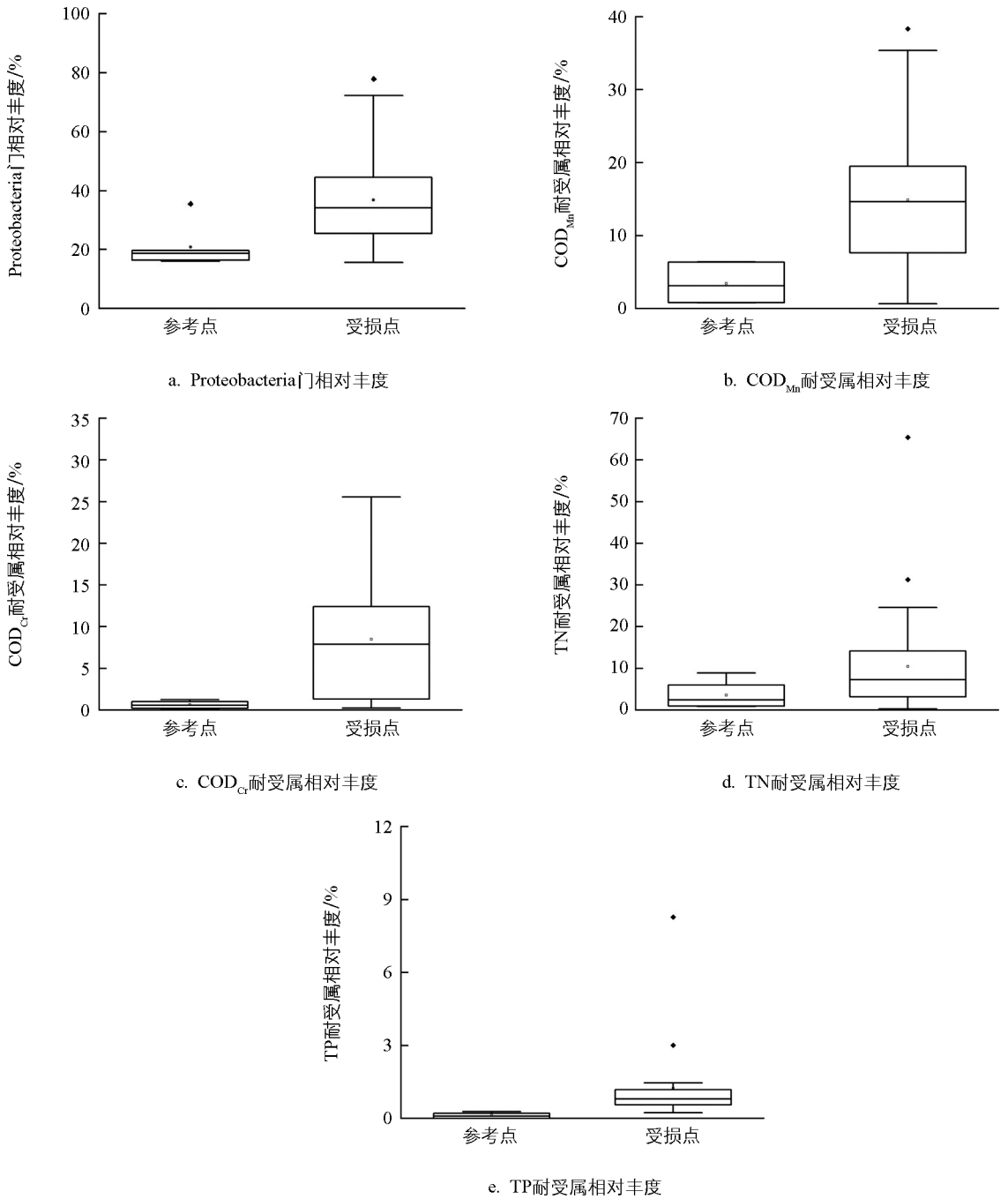


图 4 M-IBI 指标在参考点和受损点的箱线图 (仅显示 5 个具有区别能力的参数的箱线图)

表 5 各采样点 M-IBI 评价结果

时期	编号	单个生物指数分值				M-IBI 分值	健康状况
		M6	M11	M13	M19		
丰水期	AF	0.874 9	1.000 0	0.960 9	1.000 0	3.836	健康
	BF	0.498 3	0.792 6	0.549 7	0.971 8	2.812	亚健康
	CF	0.000 0	0.791 8	0.750 4	0.912 7	2.455	亚健康
	DF	0.642 4	0.813 1	0.648 9	0.963 7	3.068	亚健康
	EF	0.573 9	0.467 4	0.574 0	0.943 6	2.559	亚健康
	FF	0.510 6	0.534 8	0.224 4	0.942 4	2.212	一般
	GF	0.672 6	0.801 6	0.509 1	0.912 7	2.896	亚健康

续表 5

时期	编号	单个生物指数分值				M-IBI 分值	健康状况
		M6	M11	M13	M19		
枯水期	AD	1.000 0	0.847 8	1.000 0	0.989 9	3.838	健康
	BD	0.985 4	0.778 1	0.956 0	0.946 3	3.666	健康
	CD	0.652 9	0.203 7	0.483 6	0.478 7	1.819	一般
	DD	0.846 2	0.000 0	0.861 8	0.853 1	2.561	亚健康
	ED	0.881 0	0.966 7	0.000 0	0.000 0	1.848	一般
	FD	0.875 0	0.471 6	0.989 3	0.979 2	3.315	健康
	GD	0.723 3	0.421 8	0.994 1	0.984 0	3.123	健康

3 讨论与结论

3.1 讨论

3.1.1 水环境因子特征

对茫溪河 7 个采样点的 7 个水质指标测定数据进行分析(表 1), 结果表明 pH、T、DO、COD_{Mn}、NH₃-N、TN、TP 浓度在枯水期的波动小于丰水期, 说明该河流水体的稳定性在枯水期较高。这与枯水期处于冬季, 冬季气温较低, 降水量也更小有关, 气温和降水量会对河流水体的稳定性产生间接影响^[40]。另外, 水质指标在空间维度上也存在明显差异, A 点 COD_{Mn}、COD_{Cr}、TN、TP 的浓度在丰水期和枯水期均远低于其余点位。这一差异可能源于 A 点为水源地, 周边居住人口少, 其余点位附近为中小型城镇聚居地, 常住人口较多, 且分布有少量工业园区, 人类活动对河流水质影响较大。因此, 人类生产生活是该河水环境因子在不同河段存在明显差异的主要影响因素。

3.1.2 M-IBI 评价结果的可行性

Illumina 高通量测序技术能够高效、全面地揭示微生物群落结构, 实现对微生物的时空动态监测。因此, 相较于传统生物指标(如鱼类、大型底栖无脊椎动物等), 利用该技术监测微生物群落所获得的数据不仅能揭示生态系统的动态变化机制, 还能提供更丰富的研究数据。基于此构建的 M-IBI 能够更准确地评价受干扰河道的健康状况。例如, 张迪涛等^[30]使用 Illumina 高通量测序技术构建了 M-IBI, 对武汉市东西湖区 5 个湖泊的生态系统健康状况进行评价, 综合考虑了多种环境因子与水生微生物的相关性, 有效区分了不同受损湖泊水生态系统的健康状况。董婧等^[41]也采用相同方法评价了北京市城市河道的生态健康, 其评价结果能够明显区分以自然水体和再生水厂作为补水的不同城市河道。同时, 由于 Illumina 高通量测序技术产生的数据量极为庞大, 基于该技术的 M-IBI 评价虽已应用于湖泊、河流、湿地、地下水等生态系统的健康评估, 但在分析过程中可能因方法和参数选择的不同而导致结果偏差。因此, 针对相同类型的生态系统, 需要更多参数和应用实例对评价体系进行进一步优化和验证, 以更准确地反映水体的健康状况。

本研究通过 Illumina 高通量测序技术获取了河流水体中的微生物相关数据信息, 构建了 M-IBI 体系对城镇河道健康状况进行评估。评估结果与河流周边实际环境条件基本吻合, 具体表现为: 受人为干扰因素最小的 A 点健康状况较好, 枯水期河流的健康状况优于丰水期。结果表明, M-IBI 能有效区分不同健康状况的水体, 为城镇河流健康诊断提供量化依据。

3.1.3 微生物作为指示生物潜力

微生物对环境的变化往往具有较高的敏感性, 环境变化会导致微生物群落组成和分布发生变化^[42-43]。不同污染程度的水体中微生物群落组成差异显著, 因此可通过监测微生物群落的变化来推断河流生态系统健康状况的变化^[26, 44-46]。

优势菌门的变化对于河流水质的变化往往能起到较好的指示作用。在本研究中,变形菌门、放线菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和疣微菌门在丰水期与枯水期均具有较高的相对丰度。其中,变形菌门在大多数养殖废水、湿地及沉积物环境中均为优势菌门^[47-49],且被广泛认为是天然水体中抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Gene, ARG)的主要宿主之一^[50]。该门类下的部分细菌还拥有自养与异养等多种代谢方式,因而生存能力更强^[51-52]。变形菌门因其较强的适应性和对水体中污染物变化的高度敏感性,常被用作淡水细菌的指示剂,反映水体的污染程度^[53-54]。厚壁菌门具有坚韧的细胞壁,耐受性较高,它可以降解包括药物在内的多种复杂有机化合物,从而更好地适应受药物影响的环境^[55-56]。该菌门还能适应厌氧和高营养环境,常见于污水处理系统,在进水阶段为优势菌群,对水体的污染程度也具有一定的指示作用^[31, 57]。放线菌门和拟杆菌门大多为异养菌,能够通过产生一系列酶至细胞外的方式分解和利用复杂的大分子有机化合物^[58-59]。黄小兰等^[60]的研究表明,在赣江下游河湖交错带中,放线菌门的丰度与 Cu、Pb 的浓度呈正相关,拟杆菌门与 Hg 含量呈正相关;张健^[61]、褚奇奇^[62]、朱小杰^[63]等的研究也表明,放线菌门和拟杆菌门对重金属污染具有较高的敏感性。疣微菌门在有机物分解和氮循环中发挥重要作用^[64],Sha 等^[65]的研究表明,疣微菌门的丰度与 Cd 和 Pb 的浓度呈正相关。由图 3 可知,上述 4 种菌门相对丰度较高,与环境因子相关性显著,且均参与了河流生态系统的循环,因此可作为河流生态系统健康状况的指示菌群。

3.2 结论

1) 本研究构建了包含 Proteobacteria 门相对丰度、COD_{Mn} 耐受属相对丰度、COD_{Cr} 耐受属相对丰度、TP 耐受属相对丰度 4 个关键评价指标的 M-IBI 体系,证实其在城镇河流健康监测中具有适用性。结果显示,茫溪河整体处于“健康—亚健康”状态,枯水期健康水平优于丰水期;中游(B 点~F 点)由于受人类活动影响显著,其健康水平明显低于上游(A 点)和下游(G 点)。这一结果验证了 M-IBI 对空间异质性和季节性波动具有高敏感性。

2) 与传统 IBI 评价体系相比, M-IBI 充分利用微生物群落多维响应的特性,解决了城镇河流生物单一性导致的评价盲区问题。该体系不仅为城镇河流健康评价提供了更为全面和精准的视角,同时也为高干扰水体的动态监测开辟了新的思路与方法,为相关领域的研究和实践提供了重要的理论支持和技术支撑。

3) 本研究虽然成功构建了适用于城镇河流的 M-IBI 评价体系,为其分级分区管理提供了更为准确的动态量化监测工具,但是鉴于环境因子与微生物功能之间关联机制的复杂性,尚未对其开展量化解析。后续研究可结合宏基因组学技术,进一步探究污染胁迫下微生物的代谢机制,从而为 M-IBI 体系赋予更丰富的生物学内涵。此外,为推动 M-IBI 体系向标准化和通用化方向发展,后续研究可通过扩大样本范围,在不同区域和不同类型水体中验证其评价效能,进一步增强该体系在城镇河流健康评价中的普适性,为高干扰水体的生态监测提供更坚实的理论和技术支持。

参考文献:

- [1] RICHARDS S, BIDGOOD L, WATSON H, et al. Biogeochemical Impacts of Sewage Effluents in Predominantly Rural River Catchments: Are Point Source Inputs Distinct to Background Diffuse Pollution [J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 311: 114891.
- [2] FU C, CAO Y, TONG J. Biases towards Water Pollution Treatment in Chinese Rural Areas—A Field Study in Villages at Shandong Province of China [J]. *Sustainable Futures*, 2020, 2: 100006.
- [3] 李原园, 杨晓茹, 黄火键, 等. 乡村振兴视角下农村水系综合整治思路与对策研究 [J]. *中国水利*, 2019(9): 29-32.
- [4] KARR J R. Assessment of Biotic Integrity Using Fish Communities [J]. *Fisheries*, 1981, 6(6): 21-27.
- [5] 姚琦, 黎明杰, 麻林, 等. 基于大型底栖动物完整性指数与综合生物指数的水生态评价 [J]. *中国环境科学*, 2024, 44(3): 1476-1486.

- [6] 陈宇飞, 严航, 夏霆, 等. 基于浮游动物生物完整性指数的太湖流域生态系统评价 [J]. 南京工业大学学报(自然科学版), 2022, 44(3): 335-343, 356.
- [7] 牛明香, 王俊, 刘志国, 等. 基于浮游植物生物完整性的黄河口近岸海域生态健康评价 [J]. 渔业科学进展, 2025, 46(2): 93-105.
- [8] 安新丽, 陈廷廷, 赵晗, 等. 基于微生物生物完整性指数的地下水生态系统健康评价: 以包钢稀土尾矿库周边地下水生态系统为例 [J]. 环境科学, 2016, 37(9): 3413-3422.
- [9] 陈庆, 柴一涵, 王天鹅, 等. 基于浮游动物完整性的扎龙湿地水生态状况评价 [J]. 中国环境监测, 2022, 38(5): 87-95.
- [10] 贺瑶, 孙长顺, 侯易明, 等. 基于流域底栖动物完整性指数评价延河的水生态健康 [J]. 应用生态学报, 2024, 35(3): 806-816.
- [11] 廖延科, 张萌, 冯兵, 等. 基于 P-IBI 指数的修河中下游水生态健康评价 [J]. 环境科学与技术, 2024, 47(2): 104-115.
- [12] 张顺婷, 刘凌, 黄艳芬, 等. 基于浮游植物完整性指数的阳澄湖生态健康状态评价 [J]. 环境污染与防治, 2024, 46(2): 216-220, 261.
- [13] 王静静, 李艺, 吕铃钥, 等. 日照市中小河流健康状况鱼类完整性指数评价 [J]. 环境科学与技术, 2024, 47(8): 123-130.
- [14] 何浩宇, 王芳, 龙茂源, 等. 基于底栖生物完整性指数(B-IBI)的仁怀市主要河流健康评价 [J]. 南方水产科学, 2025, 21(1): 35-45.
- [15] 蒋佳莉, 唐莲, 岳自慧, 等. 基于大型底栖动物完整性指数的后峡河河流健康评价 [J]. 水利水电技术(中英文), 2025, 56(9): 156-166.
- [16] 郑皓玮, 侯易明, 管隆垚, 等. 石川河流域底栖动物生物完整性指数构建与健康评价 [J]. 应用生态学报, 2025, 36(6): 1898-1906.
- [17] 汪小冬, 袁鸿, 李珊, 等. 基于浮游生物完整性指数对舞阳河生态系统的健康评价研究 [J]. 山地农业生物学报, 2025, 44(1): 37-44.
- [18] 李红英, 夏亮. 流江河浮游生物完整性指数生态系统健康评价研究 [J]. 生态与资源, 2024(10): 4-6.
- [19] 刘傲, 王陈, 韩梦姣, 等. 基于浮游植物生物完整性指数的高寒城市湿地生态系统健康评价: 以拉萨拉鲁湿地为例 [J]. 湖泊科学, 2025, 37(6): 2173-2188.
- [20] HAASE P, PAULS S U, SCHINDEHÜTTE K, et al. First Audit of Macroinvertebrate Samples from an EU Water Framework Directive Monitoring Program: Human Error Greatly Lowers Precision of Assessment Results [J]. Journal of the North American Benthological Society, 2010, 29(4): 1279-1291.
- [21] LI Y, YANG N, QIAN B, et al. Development of a Bacteria-Based Index of Biotic Integrity (Ba-IBI) for Assessing Ecological Health of the Three Gorges Reservoir in Different Operation Periods [J]. Science of the Total Environment, 2018, 640-641: 255-263.
- [22] 王淑雯, 林家枫, 宋沼璐, 等. 基于微生物生物完整性指数的河流生态系统健康评价——以青岛市张村河为例 [J]. 中国环境科学, 2024, 44(11): 6354-6363.
- [23] 谢孟星, 钱新, 刘彤, 等. 基于微生物完整性指数的河流健康评价——以无锡市为例 [J]. 环境科学学报, 2020, 40(3): 1112-1120.
- [24] LAU K E M, WASHINGTON V J, FAN V, et al. A Novel Bacterial Community Index to Assess Stream Ecological Health [J]. Freshwater Biology, 2015, 60(10): 1988-2002.
- [25] NIU L H, LI Y, WANG P F, et al. Development of a Microbial Community-Based Index of Biotic Integrity (MC-IBI) for the Assessment of Ecological Status of Rivers in the Taihu Basin, China [J]. Ecological Indicators, 2018, 85: 204-213.
- [26] WANG S Y, ZHANG P, ZHANG D T, et al. Evaluation and Comparison of the Benthic and Microbial Indices of Biotic Integrity for Urban Lakes Based on Environmental DNA and Its Management Implications [J]. Journal of Environmental Management, 2023, 341: 118026.

- [27] 王力, 王丝可, 左剑恶, 等. 基于浮游细菌生物完整性指数的城市河流健康评价: 以深圳河流域为例 [J]. 环境工程学报, 2023, 17(6): 2007-2014.
- [28] 苏瑶, 许育新, 安文浩, 等. 基于微生物生物完整性指数的城市河道生态系统健康评价 [J]. 环境科学, 2019, 40(3): 1270-1279.
- [29] 孙瑶, 谢学辉, 秦祎婷, 等. 基于微生物生物完整性指数的水生态系统健康评价——以上海市松江区城市河道为例 [J]. 中国资源综合利用, 2024, 42(11): 174-179.
- [30] 张迪涛, 张鹏, 王司阳, 等. 基于微生物完整性指数的水生态系统健康评价——以武汉市东西湖区湖泊群为例 [J]. 中国环境科学, 2023, 43(6): 3055-3067.
- [31] 李润, 秦明森, 李蕾, 等. 城镇污水厂尾水排放对嘉陵江流域微生物群落的潜在影响 [J]. 西华师范大学学报(自然科学版), 2024, 45(1): 1-8.
- [32] LI Y, GAO L, NIU L H, et al. Developing a Statistical-Weighted Index of Biotic Integrity for Large-River Ecological Evaluations [J]. Journal of Environmental Management, 2021, 277: 111382.
- [33] XU Y P, XIANG Z L, RIZO E Z, et al. Combination of Linear and Nonlinear Multivariate Approaches Effectively Uncover Responses of Phytoplankton Communities to Environmental Changes at Regional Scale [J]. Journal of Environmental Management, 2022, 305: 114399.
- [34] GUILLOT G, ROUSSET F. Dismantling the Mantel Tests [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2013, 4(4): 336-344.
- [35] LEGENDRE P, BORCARD D, PERES-NETO P R. Analyzing Beta Diversity: Partitioning the Spatial Variation of Community Composition Data [J]. Ecological Monographs, 2005, 75(4): 435-450.
- [36] 黄艺, 舒中亚. 基于浮游细菌生物完整性指数的河流生态系统健康评价——以滇池流域为例 [J]. 环境科学, 2013, 34(8): 3010-3018.
- [37] ZHANG W L, YANG G, WANG H L, et al. Predicting Bend-Induced Heterogeneity in Sediment Microbial Communities by Integrating Bacteria-Based Index of Biotic Integrity and Supervised Learning Algorithms [J]. Journal of Environmental Management, 2022, 304: 114267.
- [38] 张崇森, 王燕, 杜聪. 城市河流异养菌耐药状况及微生物群落结构特征 [J]. 环境科学研究, 2015, 28(5): 713-719.
- [39] ZHANG W L, ZHU M J, LI Y, et al. How Fluvial Inputs Directly and Indirectly Affect the Ecological Status of Different Lake Regions: A Bio-Assessment Framework [J]. Journal of Hydrology, 2020, 582: 124502.
- [40] 马廷婷, 范亚民, 李宽意, 等. 基于浮游植物完整性指数的大湖主要河口生态健康评价 [J]. 生态与农村环境学报, 2021, 37(4): 501-508.
- [41] 董婧, 卢少奇, 伍娟丽, 等. 基于微生物生物完整性指数的北京市城市河道生态系统健康评价 [J]. 环境工程技术学报, 2022, 12(5): 1411-1419.
- [42] 石秀丽, 马瑞, 蒋先军. 土地利用方式对紫色土全程及半程氨氧化微生物的影响 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2025, 47(4): 70-79.
- [43] 曾微, 王强, 江湘婷, 等. 磁性纳米功能材料 MFC 对镉污染稻田土壤微生物和酶活性的影响 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2025, 47(2): 122-132.
- [44] HUANG J R, YANG J, HAN M X, et al. Microbial Carbon Fixation and Its Influencing Factors in Saline Lake Water [J]. Science of the Total Environment, 2023, 877: 162922.
- [45] LIU Y H, MOHAMAD O A A, GAO L, et al. Sediment Prokaryotic Microbial Community and Potential Biogeochemical Cycle from Saline Lakes Shaped by Habitat [J]. Microbiological Research, 2023, 270: 127342.
- [46] SELAK L, MARKOVIC T, PJEVAC P, et al. Microbial Marker for Seawater Intrusion in a Coastal Mediterranean Shallow Lake, Lake Vrana, Croatia [J]. Science of the Total Environment, 2022, 849: 157859.
- [47] 陈海生, 刘守平, 杨万勤, 等. 雅鲁藏布江下游沿岸湿地建群种植物根际土壤细菌群落结构和多样性特征 [J]. 生态学报, 2022, 42(4): 1527-1537.
- [48] 黄薇, 刘兰英, 吴妙鸿, 等. 养殖废水处理系统中微生物菌群结构及动态变化 [J]. 中国环境科学, 2019, 39(2):

839-848.

- [49] 李一心, 丁嘉苇, 颜鲁杨, 等. 玛柯河青海段枯水期与丰水期河流沉积物中细菌群落多样性分析 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2024, 52(12): 82-94.
- [50] COUVILLION S P, DANCZAK R E, CAO X Q, et al. Graphene Oxide Exposure Alters Gut Microbial Community Composition and Metabolism in an in Vitro Human Model [J]. *NanoImpact*, 2023, 30: 100463.
- [51] BECERRA-CASTRO C, MACEDO G, SILVA A M T, et al. Proteobacteria Become Predominant during Regrowth after Water Disinfection [J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 573: 313-323.
- [52] VAZ-MOREIRA I, NUNES O C, MANAIA C M. Ubiquitous and Persistent Proteobacteria and Other Gram-Negative Bacteria in Drinking Water [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 586: 1141-1149.
- [53] LIU X, ZHANG L, WANG Y C, et al. Microbiome Analysis in Asia's Largest Watershed Reveals Inconsistent Biogeographic Pattern and Microbial Assembly Mechanisms in River and Lake Systems [J]. *iScience*, 2024, 27(6): 110053.
- [54] XIAO Z J, QIN Y Y, HAN L, et al. Effects of Wastewater Treatment Plant Effluent on Microbial Risks of Pathogens and Their Antibiotic Resistance in the Receiving River [J]. *Environmental Pollution*, 2024, 345: 123461.
- [55] WANG J W, LONG Y N, YU G L, et al. A Review on Microorganisms in Constructed Wetlands for Typical Pollutant Removal: Species, Function, and Diversity [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 845725.
- [56] YIN H B, ZHANG M, YIN P, et al. Characterization of Internal Phosphorus Loading in the Sediment of a Large Eutrophic Lake (Lake Taihu, China) [J]. *Water Research*, 2022, 225: 119125.
- [57] 刘韵, 张慧敏, 裘湛, 等. 污水处理系统中微生物群落结构及其对环境因子响应研究进展 [J]. *净水技术*, 2025, 44(3): 19-26.
- [58] KUMAR A, MUKHIA S, KUMAR R. Microbial Community Dynamics from a Fast-Receding Glacier of Western Himalayas Highlight the Importance of Microbes in Primary Succession, Nutrient Recycling, and Xenobiotics Degradation [J]. *Ecological Indicators*, 2022, 144: 109565.
- [59] KIRBY T O, HENDRIX E K, OCHOA REPÁRAZ J. The Gut Microbiota as a Therapeutic Approach for Obesity [M] // FAINTUCH J, FAINTUCH S. *Microbiome and Metabolome in Diagnosis, Therapy, and Other Strategic Applications*; Academic Press. 2019: 227-234.
- [60] 黄小兰, 贾伟, 叶长盛, 等. 赣江下游河湖交错带微生物群落分布及其影响因素分析 [J]. *江西师范大学学报(自然科学版)*, 2019, 43(5): 501-507.
- [61] 张建, 黄小兰, 张婷, 等. 鄱阳湖湖交错带重金属污染对微生物群落与多样性的影响 [J]. *湖泊科学*, 2018, 30(3): 640-649.
- [62] 褚奇奇, 徐广昌, 黄晶, 等. 鄱阳湖流域河湖口微生物多样性研究 [J]. *江西农业学报*, 2022, 34(11): 138-142, 148.
- [63] 朱小杰, 黄健, 王金花, 等. 不同入湖口沉积物重金属污染及对微生物群落结构的影响 [J]. *环境科学与技术*, 2023, 46(6): 25-33.
- [64] SONG T J, LIU J X, HAN S Q, et al. Effect of Conventional and Biodegradable Microplastics on the Soil-Soybean System: A Perspective on Rhizosphere Microbial Community and Soil Element Cycling [J]. *Environment International*, 2024, 190: 108781.
- [65] SHA H C, SONG X, ABDULLAH AL-DHABI N, et al. Effects of Biochar Layer Position on Treatment Performance and Microbial Community in Subsurface Flow Constructed Wetlands for Removal of Cadmium and Lead [J]. *Bioresource Technology*, 2024, 394: 130194.