

# 新疆典型盐碱生境可培养细菌多样性及特色菌株资源挖掘

陈喜稳<sup>1,2</sup>, 彭聪<sup>1,3</sup>, 刘永红<sup>1,4\*</sup>, 李帅<sup>1,4</sup>, 李旭锐<sup>1,4</sup>, 房保柱<sup>1,4</sup>,  
Osama Abdalla Abdelshafy Mohamad<sup>1,4</sup>, Rajivgandhi Govindan<sup>1,4</sup>, 李文均<sup>1,4,5\*</sup>

- 1 中国科学院新疆生态与地理研究所, 干旱区生态安全与可持续发展全国重点实验室, 新疆 乌鲁木齐
- 2 石河子大学 生命科学学院, 新疆 石河子
- 3 成都大学 建筑与土木工程学院, 四川 成都
- 4 中国科学院新疆生态与地理研究所, 中国-塔吉克斯坦生物资源保育与可持续利用“一带一路”联合实验室, 新疆 乌鲁木齐
- 5 中山大学 生命科学学院, 广东 广州

陈喜稳, 彭聪, 刘永红, 李帅, 李旭锐, 房保柱, Osama Abdalla Abdelshafy Mohamad, Rajivgandhi Govindan, 李文均. 新疆典型盐碱生境可培养细菌多样性及特色菌株资源挖掘[J]. 微生物学报, 2026, 66(4): 1675-1690.

CHEN Xiwen, PENG Cong, LIU Yonghong, LI Shuai, LI Xurui, FANG Baozhu, Osama Abdalla Abdelshafy Mohamad, Rajivgandhi Govindan, LI Wenjun. Culturable bacterial diversity and characteristic strains from saline-alkaline environments in Xinjiang[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(4): 1675-1690.

**摘要:**【目的】新疆盐碱生境蕴藏着丰富且独特的微生物资源, 为系统挖掘新疆典型盐碱环境的可培养微生物资源, 揭示其多样性及潜在应用价值, 本研究对巴里坤湖、艾丁湖等7个不同盐碱生境开展了系统性分离培养。【方法】采集盐湖沉积物和盐碱土样品, 选用13种差异化培养基, 通过梯度稀释涂布法进行菌株分离。结合16S rRNA基因序列测定、系统发育树构建及多条件培养实验, 分析菌株的物种组成、培养基筛选效果、盐度适应性, 并进一步解析潜在新物种、厌氧菌株及高产胞外多糖(exopolysaccharide, EPS)菌株。【结果】共分离获得935株细菌菌株资源, 归属于4门8纲25目54科125属310种, 其中包括20株(15种)潜在新物种。本研究中, 芽孢杆菌门(*Bacillota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)和放线菌门(*Actinomycetota*)为优势可培养类群。此外, 本研究还获得52株(20种)厌氧细菌, 这些厌氧菌株主要分布于盐单胞菌属(*Halomonas*)。不同培养基和盐度对纯培养微生物类群的影响较为明显: R2A培养基筛选到的物种数最多, 共108种; 在不添加盐胁迫(0 NaCl)时芽孢杆菌属(*Bacillus*)为主要类群; 在中度盐胁迫(5% NaCl)条件下, 海杆菌属(*Marinobacter*)为重要类群之一; 无论是在低盐(0 NaCl)、中盐(5% NaCl)还是高盐(10% NaCl)条件下, *Halomonas*始终是优势

资助项目: 国家科技基础资源调查专项资助(2025FY100500); 第三次新疆综合科学考察(2022xjkk1200)

This work was supported by the National Science & Technology Fundamental Resources Investigation Program (2025FY100500) and the Third Xinjiang Scientific Expedition Program (2022xjkk1200).

\*Corresponding authors. E-mail: LIU Yonghong, liuyonghong18@163.com; LI Wenjun, liwenjun3@mail.sysu.edu.cn

Received: 2025-12-29; Accepted: 2026-02-06; Published online: 2026-02-13

类群。为获得具有极强抗逆性能的功能菌株，本研究进一步通过高盐高碱条件筛选，最终获得 15 株具有产胞外多糖能力的菌株，其中，棕沙居海杆菌(*Marivirga harenae*) EGI S10258 和南极嗜碱盐单胞菌(*Halomonas alkaliantarctica*) EGI S10283 产量最高，可达 4.5 g/L。【结论】新疆盐碱生境蕴藏丰富的可培养微生物资源，采用盐度和培养基多策略组合的方法极大丰富了盐碱生境微生物资源。在此基础上，本研究成功获得一批潜在新物种及具特定功能的菌株，为其后续的系统分类、生态适应机制解析与资源开发利用提供了重要的菌种和数据支撑。

关键词：新疆；盐碱生境；微生物纯培养；资源发掘；新物种

## Culturable bacterial diversity and characteristic strains from saline-alkaline environments in Xinjiang

CHEN Xiwen<sup>1,2</sup>, PENG Cong<sup>1,3</sup>, LIU Yonghong<sup>1,4\*</sup>, LI Shuai<sup>1,4</sup>, LI Xurui<sup>1,4</sup>, FANG Baozhu<sup>1,4</sup>, Osama Abdalla Abdelshafy Mohamad<sup>1,4</sup>, Rajivgandhi Govindan<sup>1,4</sup>, LI Wenjun<sup>1,4,5\*</sup>

1 State Key Laboratory of Ecological Safety and Sustainable Development in Arid Lands, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi, Xinjiang, China

2 College of Life Sciences, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang, China

3 School of Architecture and Civil Engineering, Chengdu University, Chengdu, Sichuan, China

4 China-Tajikistan Belt and Road Joint Laboratory on Biodiversity Conservation and Sustainable Use, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi, Xinjiang, China

5 School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou, Guangdong, China

**Abstract:** [Objective] The saline-alkaline habitats in Xinjiang harbor rich and unique microbial resources. This study employed the culture-dependent way to explore the culturable microbial resources and reveal their diversity and potential functions from seven different saline-alkaline habitats, including Barkol Lake and Aiding Lake in Xinjiang. [Methods] Soil and sediment samples were collected from the seven saline-alkaline habitats. Thirteen modified media were designed and used for strain isolation *via* the gradient dilution plating method. The 16S rRNA gene sequencing, phylogenetic analysis, and multi-condition culture were employed to analyze the taxonomic positions, suitable media, and salinity adaptability of the strains. Furthermore, potential novel taxa, anaerobic strains, and exopolysaccharide (EPS)-producing strains were screened. [Results] A total of 935 bacterial strains were isolated and identified as 310 species belonging to 125 genera, 54 families, 25 orders, 8 classes of 4 phyla, including 20 strains representing 15 potential novel taxa. The dominant culturable taxa were *Bacillota*, *Pseudomonadota*, and *Actinomycetota*. In addition, 52 strains (20 species) of anaerobic bacteria were obtained, with the genus *Halomonas* being dominant. The microbial resources varied significantly among different media, and R2A was the most effective medium, screening out 108 species. *Bacillus* was dominant under no salt stress (0 NaCl), and *Marinobacter* was one of the important genera under moderate salt stress (5% NaCl). However, the genus *Halomonas* kept being dominant under low-salt (0 NaCl), moderate-salt (5%

NaCl), or high-salt (10% NaCl) stress. To obtain the functional strains with extremely strong stress resistance, we screened 15 EPS-producing strains under high-salt and high-alkali conditions. Among them, *Marivirga harenae* EGI S10258 and *Halomonas alkaliantarctica* EGI S10283 showed the highest EPS titer, which reached 4.5 g/L. **[Conclusion]** The saline-alkaline habitats in Xinjiang were rich with culturable microbial resources. The application of a multi-condition culture approach significantly enhances the depth and breadth of microbial resource exploration. This study provides important microbial resources and data support for subsequent research on systematic taxonomy, ecological adaptation mechanisms, and resource utilization by getting potential novel species and functional strains.

**Keywords:** Xinjiang; saline-alkaline habitats; microbial pure culture; resource mining; novel species

微生物作为地球上最古老且最多样化的生命形式, 驱动着几乎所有生物地球化学循环, 其功能涵盖碳固定、有机质降解、固氮、硝化-反硝化以及硫氧化-硫还原等关键生态过程<sup>[1-3]</sup>。近年来, 全球变化加剧了干旱化、盐渍化及土地退化等问题, 深刻影响着微生物资源的存续。与此同时, 微生物资源作为新功能基因、新酶、新代谢产物的重要来源, 在农业改良、细胞工程、环境修复等领域具有巨大的应用前景。系统挖掘并保护微生物多样性已成为推动生物资源战略发展的必要举措<sup>[4]</sup>。尽管如此, 当前对微生物多样性的认知仍十分有限, 超过 99% 的微生物仍属于不可培养的微生物暗物质(microbial dark matter)<sup>[5-6]</sup>。这意味着大量潜在的重要类群尚未被成功分离, 无法在形态、生理、代谢与功能层面进行深入研究。近年来, 宏基因组组装技术的快速进步极大拓展了对微生物系统发育多样性的认知, 但纯培养仍然是解析微生物生态适应特征、进行功能验证、开发代谢产物与酶资源的关键手段<sup>[7-8]</sup>。在可培养策略方面, 越来越多的研究强调应通过模拟生境特征来提升微生物分离效率。因此, 建立多策略、多条件结合的可培养微生物资源挖掘体系, 是当前微生物多样性研究的重要路径。

盐湖及盐碱地是全球典型的干旱区极端或亚极端生境, 其高盐度、高碱性、高渗透压、

强辐射等复合胁迫共同塑造了具有高度适应性的特殊微生物类群<sup>[9-10]</sup>。这些嗜盐、耐盐与耐碱微生物通常具备合成四氢嘧啶、海藻糖、甘氨酸甜菜碱等渗透调节物质的能力, 并在极端条件下产生具有稳定性的水解酶、氧化还原酶及色素类物质, 成为开发耐盐酶制剂、生物材料、特殊代谢产物等新资源的重要对象<sup>[11-13]</sup>。此外, 许多耐盐碱微生物能够合成胞外多糖(exopolysaccharide, EPS), 这类物质不仅对菌体自身具有保护作用, 在改善土壤团聚性、金属吸附及生物膜形成等方面也展现出潜在应用价值<sup>[14]</sup>。同时, 盐碱生境中广泛存在多样化的厌氧菌群, 它们具备独特的厌氧代谢与强氧化还原调节体系, 在硫循环、有机质降解等生物地球化学过程中扮演着关键角色<sup>[15-16]</sup>。因此, 盐碱生境中的微生物不仅对理解生命极限与生态适应机制具有重要意义, 也是生物技术开发的重要资源库。新疆位于我国西北干旱区, 地域内盐碱生境分布广泛、类型多样, 不仅包括典型盐湖, 还涵盖微咸水湖、盐碱地等多种生态系统, 为多类嗜盐、耐盐、耐碱与厌氧类群的演化提供了多样化生态位, 是研究极端生境微生物多样性的绝佳场所<sup>[17-18]</sup>。然而, 当前关于新疆盐湖微生物的研究主要集中于免培养测序揭示群落结构, 而以可培养微生物为核心、系统覆盖多生境的研究仍然有限。特别是针对新

疆盐碱生境微生物资源中具有重要应用潜力的高产胞外多糖菌株的筛选报道较为匮乏；同时，对于其中蕴藏厌氧微生物类群的系统分离与筛选工作也十分有限。

基于上述背景，对新疆典型盐湖及盐碱生境开展系统性的可培养微生物资源挖掘，不仅能够加深对该区域微生物多样性的认识，也有助于挖掘不同盐碱生境中微生物的特殊类群及其生态适应策略。本研究选取巴里坤湖、七角井盐湖、幻彩湖、柴窝堡湖、艾丁湖、达坂城盐湖以及阜康盐碱地共 7 个不同类型的盐碱生境，涵盖典型盐湖、微咸水湖及盐碱化土壤等生态梯度。在多盐度、多 pH、缺氧与多营养底物组合条件下，共使用 13 种差异化的培养基进行菌株筛选。通过系统发育树揭示可培养资源的谱系分布格局，同时分析不同培养条件下分离类群的偏好性、抗盐菌群的结构以及潜在新类群的系统发育位置，并对厌氧菌群的组成以及高产胞外多糖菌株的筛选与产 EPS 条件进行初步探索。通过上述研究，以期为新疆盐碱生境微生物资源的开发利用提供菌株与数据基础，也为极端生境微生物的生态适应机制研究提供科学支撑。

**表1 样地分布及其理化信息**

Table 1 Distribution and physicochemical properties of sample sites

Sample site	CWP	DBC	FK	BLK	HCH	QJJ	ADH
Longitude (N)	43.502 599 28°	43.412 418 89°	44.255 451 21°	43.613 684 99°	43.362 968 0°	43.451 658 57°	42.630 232 78°
Latitude (E)	87.937 092 46°	88.114 805 19°	88.678 315 32°	92.792 817 66°	94.245 781 0°	91.491 157 19°	89.335 600 69°
pH (1:5)	9.16±0.52	9.34±0.07	8.43±0.36	9.00±0.35	9.04±0.13	7.95±0.37	8.41±0.64
CO <sub>3</sub> <sup>2-</sup> (g/kg)	0.15±0.11	0.23±0.05	0.05±0.06	0.22±0.15	0.22±0.04	–	0.04±0.05
HCO <sub>3</sub> <sup>-</sup> (g/kg)	0.45±0.30	0.21±0.05	0.28±0.15	0.49±0.12	0.25±0.13	0.61±0.06	0.15±0.07
Cl <sup>-</sup> (g/kg)	0.87±1.07	18.16±30.22	3.84±1.09	26.33±7.20	58.82±13.33	6.05±4.03	11.32±9.39
SO <sub>4</sub> <sup>2-</sup> (g/kg)	1.70±2.26	36.26±60.71	10.13±4.03	109.91±65.64	48.79±27.87	14.33±4.14	23.29±6.26
Ca <sup>2+</sup> (g/kg)	0.11±0.12	1.17±1.91	1.23±0.45	2.69±0.57	3.14±1.94	2.79±0.34	2.97±0.79
Mg <sup>2+</sup> (g/kg)	0.08±0.08	1.15±1.95	0.46±0.58	3.14±0.91	4.05±1.36	0.49±0.21	0.21±0.04
K <sup>+</sup> (g/kg)	0.05±0.02	0.19±0.21	0.17±0.05	0.53±0.10	0.71±0.13	0.08±0.02	0.14±0.10
Na <sup>+</sup> (g/kg)	0.96±1.93	33.21±55.88	5.35±2.55	69.14±30.00	54.24±18.43	7.11±4.81	49.57±60.49
Total salts (g/kg)	4.65±5.70	92.18±153.20	22.25±6.56	220.47±100.05	177.00±56.02	31.90±13.02	149.97±175.12

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 样品采集与理化性质分析

研究对象为新疆地区的 7 个典型盐碱生境，包括巴里坤湖(BLK)、艾丁湖(ADH)、七角井盐湖(QJJ)、幻彩湖(HCH)、达坂城盐湖(DBC)、柴窝堡湖(CWP)和阜康盐碱区(FK) (表 1)。在各点位采集沉积物或土壤样品后，立即将其置于装有冰袋的泡沫箱中，全程低温运输。样品运抵实验室后，统一保存于 4 °C 冰箱，并在短期内完成处理。用于理化性质测定的样品常温运抵实验室后先进行晾干处理，再研磨，接着进行 2 mm 和 0.25 mm 过筛处理，然后送往中国科学院新疆生态与地理研究所土壤养分分析实验室，测定样品的盐度、pH 值、八大离子等指标。

### 1.2 培养基信息

本研究主要包含 13 种不同类型的培养基(表 2)。除 2216E 和 R2A 培养基外，又以这 2 种培养基为基础培养基，结合采样点的理化性质，共改良出 7 种培养基：分别为 1/2 2216E、2216E (5% NaCl)、2216E (10% NaCl)、2216E (15% PEG6000)、1/2 R2A、R2A (5% NaCl)、R2A (10% NaCl)。此外，还采用了改良的 LB 培

表2 本研究所使用的基础培养基及相应盐浓度信息

Table 2 Information on the basic culture media used in this study and their corresponding salt concentrations

Medium code	Medium name	Dilution factor	c(NaCl)/%	Other conditions
a	R2A	1	0	-
b	2216E	1	2	-
c	LB	1	5	-
d	2216E	1	10	-
e	R2A	1	5	-
f	R2A	2	0	-
g	2216E	2	2	-
h	R2A	1	10	-
j	2216E	1	5	-
k	ISP3	1	5	-
m	Self-designed medium	1	0	-
n	Postgate	1	5	-
p	2216E	1	2	15% PEG6000

培养基(添加 5% NaCl)、ISP3 培养基(添加 5% NaCl)、Postgate 培养基(添加 5% NaCl), 以及自制培养基(溶液 1: 过滤后的盐湖原湖水 500 mL, 121 °C 单独灭菌 15 min; 溶液 2: 蛋白胨 5.0 g, 酵母粉 1.0 g, 琼脂 20.0 g, H<sub>2</sub>O 500 mL, 用 1 mol/L Tris-HCl 调节 pH 至 7.5, 121 °C 灭菌 15 min; 待温度冷却至 50–60 °C 时将溶液 1 与溶液 2 混合后再倒平板)。

### 1.3 盐碱生境微生物菌株分离培养和纯化

称取 1.0 g 沉积物样品, 加入 9 mL 无菌稀释液(氯化钠浓度与分离培养基一致), 涡旋振荡制备成 10<sup>-1</sup> 悬液, 并进行梯度稀释至 10<sup>-4</sup>。取 100 μL 10<sup>-4</sup> 稀释度的菌液, 均匀涂布于分离培养基平板, 每个稀释度设 3 个重复。将平板置于 30 °C 恒温培养箱中倒置培养 7–14 d, 定期观察。待出现独立单菌落后, 使用无菌接种针挑取形态各异的典型菌落, 在新的平板上进行分区划线。重复划线纯化 2–3 次, 直至获得形态、色泽均一的纯培养物。

### 1.4 16S rRNA 基因序列测定及系统发育分析

取适量细菌单菌落, 加入 5% Chelex-100 溶液, 涡旋混匀后于 PCR 仪中 99 °C 裂解 20 min, 随后 12 000 r/min 离心 5 min, 取上清液作为 DNA 模板。PCR 扩增采用细菌 16S rRNA 基因

通用引物 27F [5'-AGAGTTTGATCC(A)TGGCT CAG-3'] 和 1492R (5'-ACGGCTACCTTGTTAC GACT-3')。PCR 反应体系(25 μL): DNA 模板 1 μL, 上、下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, 2× *EasyTaq* PCR SuperMix 12.5 μL, Nuclease-free Water 9.5 μL。PCR 扩增程序: 95 °C 5 min; 95 °C 1 min, 55 °C 1 min, 72 °C 2 min, 共 35 个循环; 72 °C 10 min。PCR 产物送生工生物工程(上海)股份有限公司测序。采用 MEGA 11.0 进行序列比对和系统发育树构建; 采用 iTOL (<https://itol.embl.de/>) 和微生信 (<https://www.bioinformatics.com.cn/>) 在线网站进行可视化展示。

### 1.5 盐碱生境产胞外多糖(EPS)菌株的筛选及其发酵条件优化

将分离所得的菌株接种于 R2A 培养基上, 28 °C 培养 48–72 h。以菌落黏度作为初筛标准, 使用无菌牙签挑取黏性较大的菌落, 即为初筛菌株。将初筛菌株接种于 R2A 液体培养基中, 28 °C、180 r/min 培养 4 d, 10 000 r/min 低温离心 20 min, 取上清液, 加入 2 倍体积的 4 °C 无水乙醇, 再次离心 15 min, 弃上清, 用无菌水洗滌沉淀 2–3 次, 收集白色沉淀进行干燥, 得到 EPS 粗提物。

选取 EPS 产量较高的菌株进行发酵条件优化。采用 R2A 液体培养基, 分别设置 3%、5%、

7%、10% 共 4 个 NaCl 浓度梯度，并在每个浓度下分别调节 pH 为 8.0、9.0、10.0，共组成 12 个处理条件。将目标菌株分别接种于各条件培养基上，在适宜温度下振荡培养。于 2、4、6、8 d 各提取 4 mL 培养基检测多糖含量。

### 1.6 盐碱生境厌氧微生物菌株分离

取新鲜盐湖沉积物样品 5 g，迅速置于无菌厌氧操作箱中，加入 45 mL 无菌水(含 5% NaCl，预先通入高纯氮气除氧 30 min，确保厌氧状态)，充分摇匀后制成初始菌悬液(浓度为  $10^{-1}$ )，再稀释至  $10^{-2}$ 、 $10^{-3}$ 、 $10^{-4}$ 。取最终浓度为  $10^{-4}$  的稀释液 100  $\mu$ L 进行涂布，然后将其放入装有厌氧包和厌氧指示剂的密封厌氧培养盒中，置于 30  $^{\circ}$ C 恒温培养箱中培养。培养过程中每日观察厌氧指示剂颜色变化，确保培养盒内始终保持厌氧状态(指示剂为无色)。当出现形态、颜色、大小各异的单菌落后，挑取单菌落进行纯化培养。

## 2 结果与分析

### 2.1 新疆盐碱生境纯培养微生物群落组成及分布特征

通过对巴里坤湖、艾丁湖、七角井湖、幻

彩湖、达坂城湖、柴窝堡湖和阜康盐碱区等 7 个盐碱生境的菌株进行分离培养，共获得 935 株纯培养菌株，主要分布于 4 门[芽孢杆菌门(*Bacillota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、放线菌门(*Actinomycetota*)、拟杆菌门(*Bacteroidota*)] 8 纲 25 目 54 科 125 属 310 种。如图 1A 所示，*Bacillota* 为优势类群，其相对丰度占有所有分离菌株数量的 34.57%，本研究获得的该门菌株均隶属于芽孢杆菌纲(*Bacilli*)；*Pseudomonadota* 的菌株资源仅次于 *Bacillota*，其相对丰度占有所有菌株数量的 30.86%，其中， $\gamma$ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)是优势类群；*Actinomycetota* 是本研究中的第 3 个主要类群，其菌株资源占菌株总数的 27.28%，且该门的菌株均分布在放线菌纲(*Actinomycetes*)；相比之下，本研究中 *Bacteroidota* 的菌株数量最少，仅占总数的 6.79%，分布在噬纤维菌纲(*Cytophagia*)和黄杆菌纲(*Flavobacteriia*)这 2 个纲。为进一步了解不同盐碱生境对微生物类群分布的影响，本研究选取不同样点的纯培养菌株类群和数量进行比较。如图 1B 所示，*Actinomycetes*、*Bacilli* 和 *Gammaproteobacteria* 为新疆盐碱生境中的绝

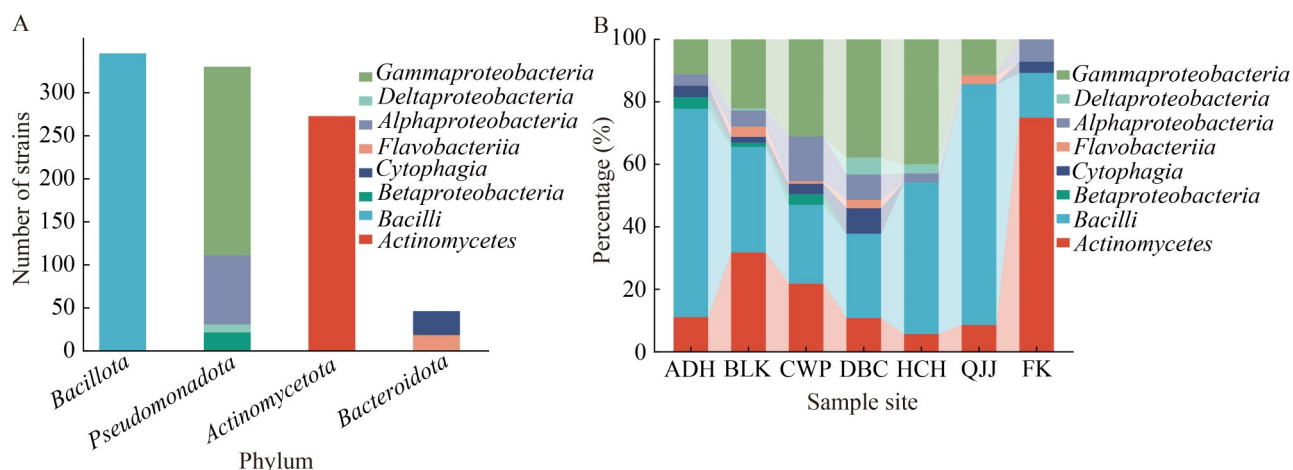


图1 纯培养微生物群落组成及分布

Figure 1 Composition and distribution of pure culture microbial communities. A: Bar chart of class-level classification for four strains of pure culture; B: Stacked bar chart of class-level classification for pure culture strains from different habitats.

对优势类群。*Bacilli* 在 6 种盐湖生境中广泛分布, 但在盐碱地样品(FK)中的相对丰度较低; 相比之下, *Actinomycetes* 是盐碱地生境的主要类群, 其相对丰度约 80%。除物种数量外, 多样性也能反映出生境对物种的塑造情况。可以看出, ADH、BLK、CWP 和 DBC 这 4 个生境中的微生物种类较为多样; 而 HCH、QJJ 和 FK 生境中多样性较低, 优势类群显著。其中, HCH

生境以 *Bacilli* 和 *Gammaproteobacteria* 为主导, QJJ 以 *Bacilli* 为主导, 而 FK 则以 *Actinomycetes* 为主导。

为进一步解析其系统发育关系, 本研究选取 201 株代表性菌株, 依据 16S rRNA 基因序列, 采用最大似然法建立系统发育树, 从而探讨本研究所获得纯培养菌株的系统发育关系(图 2)。

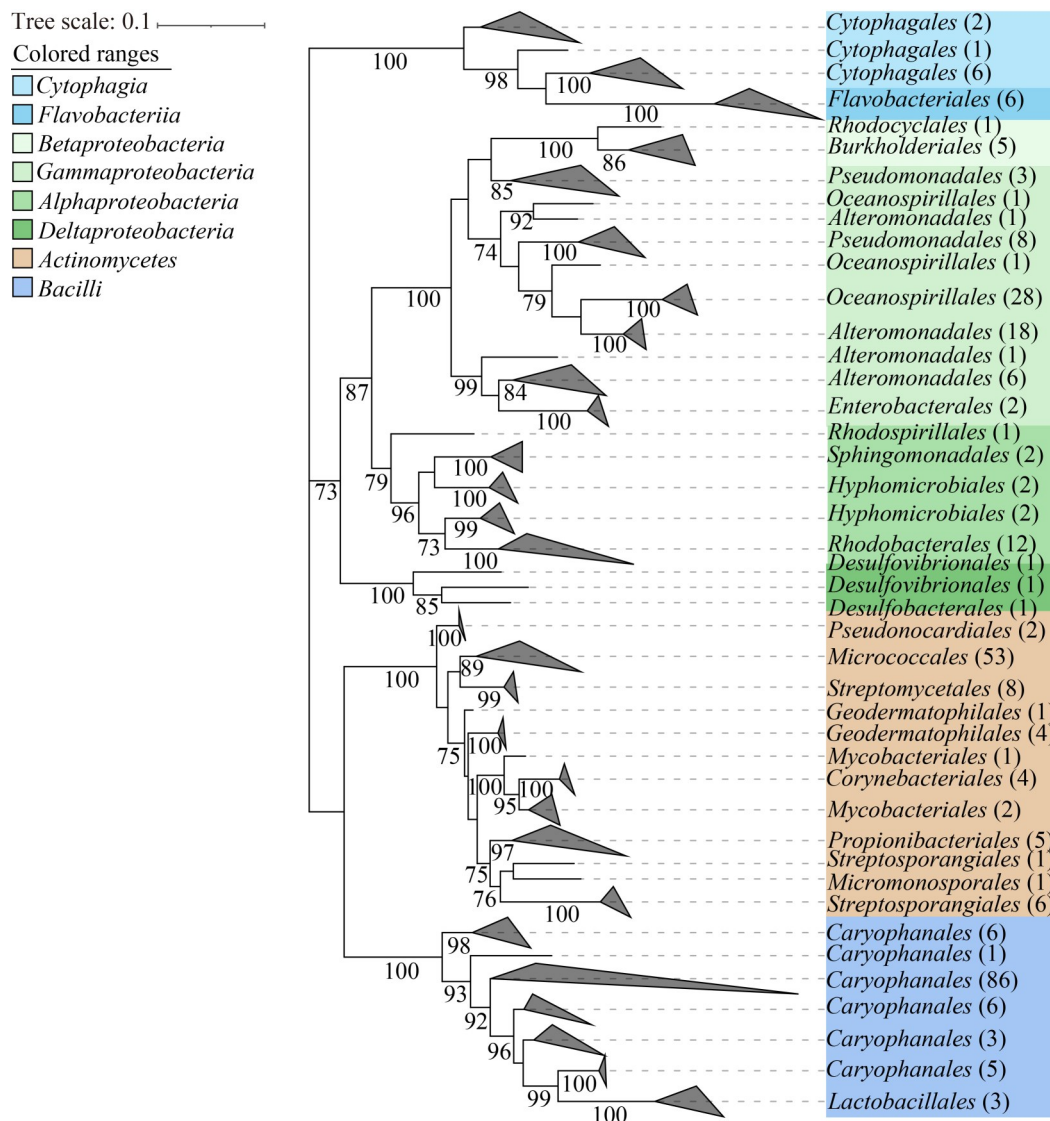


图2 纯培养菌株的系统发育分析

Figure 2 Phylogenetic analysis of pure culture strains. Different colors represent different classes, the numbers in parentheses represent the corresponding number of strains from different groups.

## 2.2 培养基条件对盐碱生境可培养微生物分离效果的影响

通过对 13 种培养基分离效果的统计与分析(图 3A), 本研究明确了不同培养基对盐碱生境微生物的分离效果的影响。其中 R2A 展现出最广谱的分离能力, 获得的物种数量最多(108 种); 2216E 与 LB (5% NaCl)同样分离出了较多物种, 分别为 101 种和 74 种。相比之下, 2216E (15% PEG6000)分离的物种数量较少, 只有 7 种。培养基对菌株的筛选表现出不同的模式, 一方面,

多种培养基共享一部分核心菌株: 樊氏盐单胞菌(*Halomonas ventosae*) (12 种培养基)、短小芽孢杆菌(*Bacillus pumilus*) (7 种培养基)、栖沉积物盐单胞菌(*Halomonas sediminicola*) (8 种培养基)在多种培养基中共同出现, 提示这些菌株在环境中具有较高的丰度或较广的适应性; 另一方面, 大量菌株为单一或少数培养基所独有: R2A 获得了 63 种独有菌株, 2216E (2% NaCl)获得了 47 株, LB (5% NaCl)获得了 28 株, 这表明组合使用多种培养策略对于全面挖掘微生物多

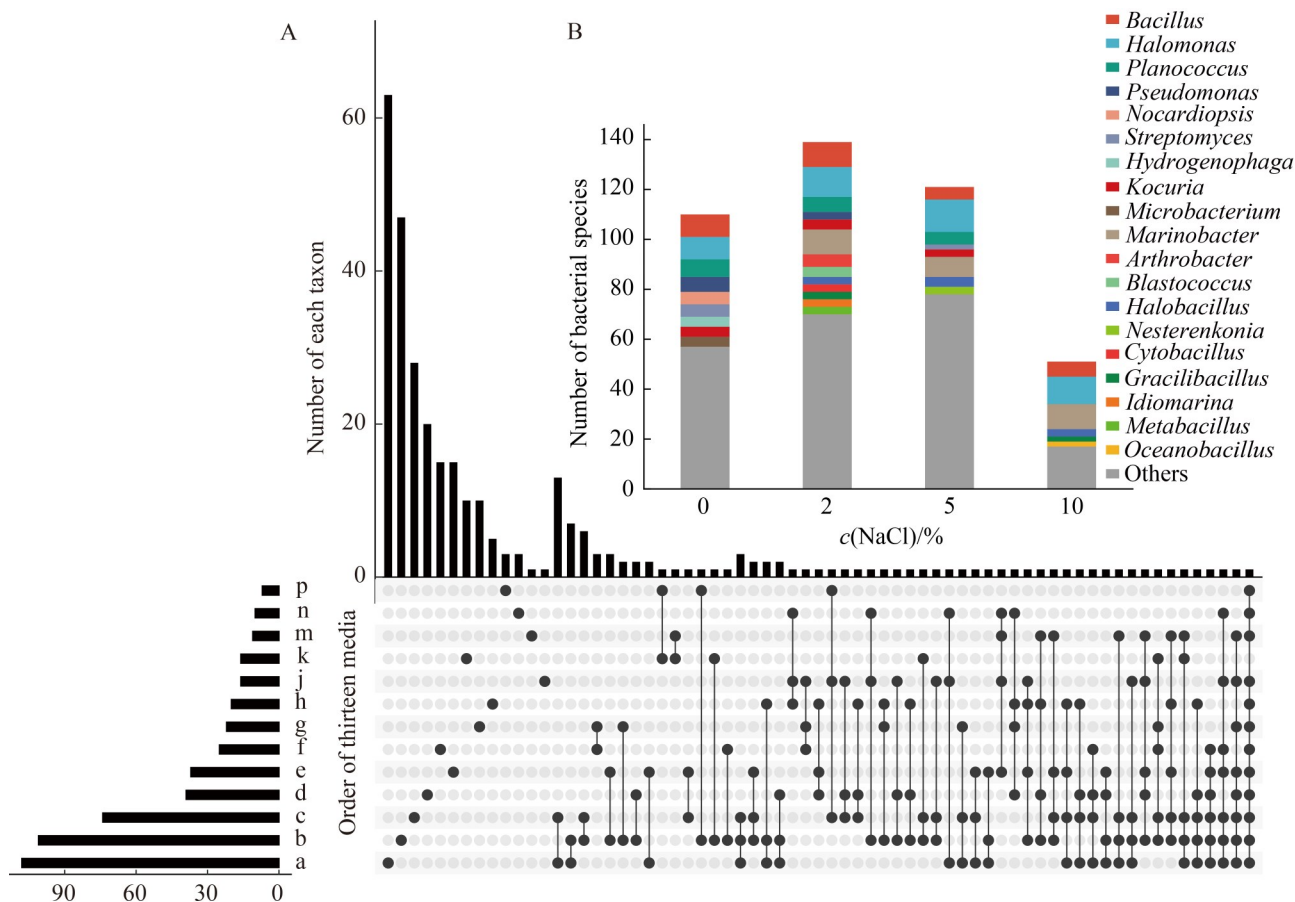


图3 培养基条件对盐碱生境可培养微生物分离效果的影响

Figure 3 Effects of culture medium of culturable microorganisms from saline-alkaline environments. A: Distribution of shared and unique strains among the 13 media; B: Effect of different NaCl concentrations on the number of species of isolated strains [a: R2A; b: 2216E (2% NaCl); c: LB (5% NaCl); d: 2216E (10% NaCl); e: R2A (5% NaCl); f: 1/2 R2A; g: 1/2 2216E (2% NaCl); h: R2A (10% NaCl); j: 2216E (5% NaCl); k: ISP3 (5% NaCl); m: Self-prepared medium; n: Postgate (5% NaCl); p: 2216E (2% NaCl, 15% PEG6000)].

样性至关重要。

本研究发现, 不同 NaCl 浓度的培养基对分离菌株的组成具有显著影响。如图 3B 所示, 在不添加盐胁迫(0 NaCl)时芽孢杆菌属(*Bacillus*)为主要类群; 在中度盐胁迫(5% NaCl)条件下, 海杆菌属(*Marinobacter*)为重要类群之一; 无论是低盐(0 NaCl), 中盐(5% NaCl), 还是高盐(10% NaCl)条件, 盐单胞菌属(*Halomonas*)始终是优势类群。进一步比较发现, 在 0 NaCl 条件下分离得到 110 种菌, *Bacillus* (8.18%)与 *Halomonas* (8.18%)为最优势类群; 在 2% NaCl 条件下分离得到 139 种菌, *Halomonas* (8.63%)成为最优势属, 同时 *Marinobacter* (7.19%)与 *Bacillus* (7.19%)为次要优势类群, 节杆菌属(*Arthrobacter*) (3.60%)、海源菌属(*Idiomarina*) (2.16%)、纤细芽孢杆菌属(*Gracilibacillus*) (2.16%)等耐盐菌开始出现, 而食氢产水菌属(*Hydrogenophaga*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、地神菌属(*Telluria*)等普通细菌类群则消失; 在 5% NaCl 的条件下分离得到 123 种菌, *Halomonas* (10.81%)与 *Marinobacter* (6.76%)成为明确的核心优势类群, 而 *Bacillus* 的占比已降至 4.05%; 在 10% NaCl 的条件下仅分离得到 51 种菌, 菌株多样性明显下降, *Halomonas* (21.57%)与 *Marinobacter* (19.61%)占据绝对主导地位, 卤水杆菌属(*Salicola*) (1.96%)、海芽孢杆菌属(*Pontibacillus*) (1.96%)、另类芽孢杆菌属(*Alteribacillus*) (1.96%)等高度嗜盐菌出现, 而多数中低嗜盐类群消失。这种菌种组成的分布差异, 既印证了分离培养基的有效性, 也为进一步研究微生物适应高盐环境的生理与分子机制提供了宝贵的菌种资源。

## 2.3 新疆盐碱生境特色微生物资源挖掘

### 2.3.1 盐碱生境中潜在新物种的分离与系统发育定位

基于 16S rRNA 基因序列的比对分析, 本研究从多个盐碱生境(CWP、QJJ、ADH、BLK 及

HCH)中共分离获得 20 株潜在新物种(分属 15 个种)。这些菌株与已知有效发表物种的 16S rRNA 基因序列相似度介于 95.40%–98.62% 之间, 均低于 98.65% 的新种界定阈值。系统发育分析(图 4)进一步显示它们在各自属内形成独立的进化分支。这些菌株分布于 5 个科, 其中芽孢杆菌科(*Bacillaceae*)为主要类群, 包含 11 株菌, 分属于泡状芽孢杆菌属(*Cytobacillus*)、艾雯丝氏菌属(*Evansella*)、*Gracilibacillus*、尼尔菌属(*Niallia*)、假碱芽孢杆菌属(*Pseudalkalibacillus*)、盐沉淀物杆菌属(*Salisediminibacterium*)和枝芽孢杆菌属(*Virgibacillus*)。此外, 红细菌科(*Rhodobacteraceae*) 4 株, 环杆菌科(*Cyclobacteriaceae*) 3 株, 分别隶属于洛克菌属(*Loktanella*)、副红细菌属(*Pararhodobacter*)、玫瑰球样菌属(*Roseibaca*)、血液杆菌属(*Haematobacter*), 以及噬冷菌属(*Algoriphagus*)和希瓦吉氏菌属(*Shivajiella*); 其余菌株零星分布于类芽孢杆菌科(*Paenibacillaceae*)及纤维单胞菌科(*Cellulomonadaceae*)。

### 2.3.2 盐碱生境中厌氧耐盐菌株分离鉴定

本研究共分离获得 52 株厌氧耐盐细菌菌株(表 3)。基于 16S rRNA 基因序列的菌株相似度比对表明, 这些菌株与已知物种的相似度介于 98.84%–100.00% 之间, 分别归属于 6 个科的 20 个物种, 包括交替单胞菌科(*Alteromonadaceae*)、芽孢杆菌科(*Bacillaceae*)、脱硫杆状菌科(*Desulfobacteraceae*)、脱硫弧菌科(*Desulfovibrionaceae*)、盐单胞菌科(*Halomonadaceae*)和显核菌科(*Caryophanaceae*)。 *Bacillaceae* 物种数最多, 共 7 个物种, 主要包括 *B. pumilus* (4 株)和食丁酸近芽孢杆菌(*Peribacillus butanolivorans*) (2 株); *Halomonadaceae* 次之(6 个物种), 以嗜碱盐单胞菌(*Halomonas alkaliphila*) (9 株)和 *H. ventosae* (8 株)为主。菌株分别来自 HCH、BLK 和 DBC 3 个样地, 其中 HCH 样地来源的菌株占绝大多数(49 株)。使用 2216E (5% NaCl) 和 Postgate

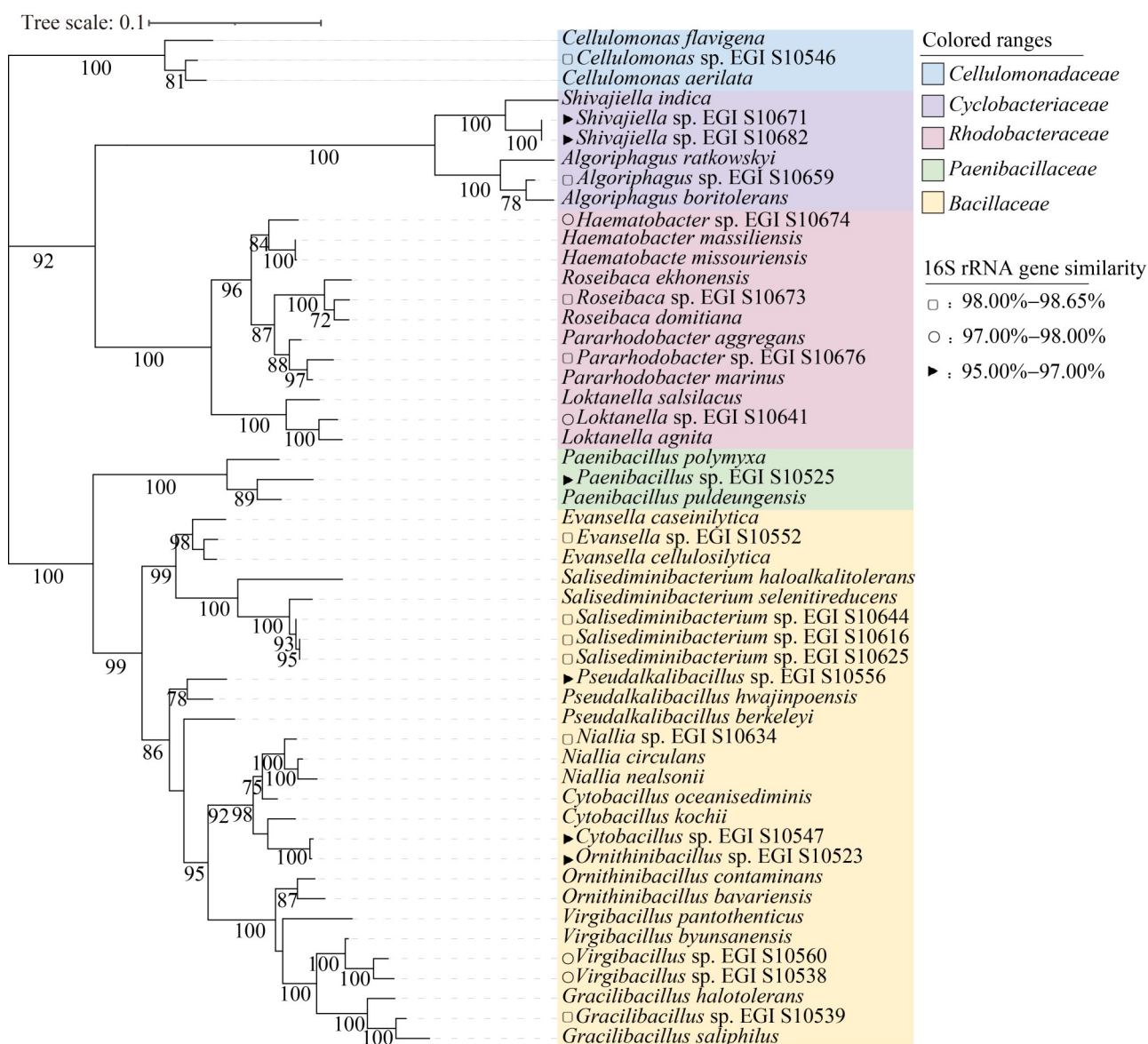


图4 潜在新物种的系统发育分析

Figure 4 Phylogenetic analysis of potential novel taxa.

(5% NaCl)培养基分别分离得到菌株 32 株(16 种)和 20 株(10 种)。

### 2.3.3 盐碱生境产胞外多糖(EPS)菌株的筛选及其发酵条件优化

通过高盐高碱条件筛选,共获得 15 株具有产胞外多糖能力的菌株(表 4),从中选取 4 株高产菌株[弯曲普里斯特氏菌(*Priestia flexa*) EGI S10266、棕沙居海杆状菌(*Marivirga harenae*)

EGI S10258、阿塞拜疆省盐单胞菌(*Halomonas azERICA*) EGI S10275 和南极嗜碱盐单胞菌(*Halomonas alkaliantarctica*) EGI S10283]进行发酵条件优化。结果表明(图 5),菌株 *P. flexa* EGI S10266 在 pH 9.0、5% NaCl 的条件下培养 8 d 时产量最高,为 2.75 g/L;菌株 *M. harenae* EGI S10258 在 pH 9.0、10% NaCl 的条件下分别于第 4 天和第 8 天出现产量高峰,为 4.5 g/L; *H.*

表3 盐碱生境厌氧耐盐菌株信息表

Table 3 Information on anaerobic and halotolerant bacterial strains from saline-alkaline habitats

Representative strain designation	Closest matched known species	Number of strains	Similarity (%)
EGI S10402	<i>Jeotgalibacillus campisalis</i> SF-57	1	100.00
EGI S10392	<i>Desulfobaculum senezii</i> DSM 8436	2	99.73–99.82
EGI S10394	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i> DSM 642	1	100.00
EGI S10390	<i>Pseudodesulfovibrio profundus</i> DSM 11384	2	99.07–99.19
EGI S10383	<i>Marinobacter confluentis</i> HJM-18	2	99.67–99.83
EGI S10395	<i>Marinobacter excellens</i> KMM 3809	4	99.67
EGI S10378	<i>Marinobacter persicus</i> IBRC-M 10445	2	98.84–99.01
EGI S10367	<i>Halomonas aidingensis</i> Ad-1	1	99.84
EGI S10398	<i>Halomonas alimentaria</i> AF211860	6	99.01–100.00
EGI S10389	<i>Halomonas alkaliphila</i> 18bAG	10	99.83–100.00
EGI S10384	<i>Halomonas azerica</i> TBZ9	1	99.67
EGI S10401	<i>Halomonas sedimicola</i> CPS11	1	99.67
EGI S10379	<i>Halomonas ventosae</i> A112	8	99.35–100.00
EGI S10381	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 7061	4	100.00
EGI S10400	<i>Bacillus salacetis</i> SKP7-4	1	99.67
EGI S10385	<i>Halobacillus litoralis</i> SL-4	1	99.83
EGI S10380	<i>Halobacillus trueperi</i> DSM 10404	1	99.83
EGI S10404	<i>Niallia endozanthoxylica</i> 1404	1	99.34
EGI S10414	<i>Peribacillus butanolivorans</i> DSM 18926	2	100.00
EGI S10388	<i>Salisediminibacterium selenitireducens</i> MLS10	1	99.17

*azerica* EGI S10275 在 pH 8.0、10% NaCl 的条件下培养 4 d 时达到最大产量, 为 4.25 g/L; 菌株 *H. alkaliantarctica* EGI S10283 在 pH 9.0、10% NaCl 的条件下培养 6 d 时产量最高, 为 4.5 g/L。整体而言, 这 4 株菌均表现出对高盐环境(7%–10% NaCl)的良好适应性, 且在此范围内 EPS 产量更高; 相比之下, 它们对碱性的变化(pH 8.0–10.0)不敏感。

### 3 讨论与结论

#### 3.1 新疆盐碱生境蕴含丰富的可培养微生物资源

新疆盐碱生境类型多样, 蕴藏着丰富而独特的微生物资源。李怡歆等<sup>[19]</sup>利用 4 种不同培养基从达坂城盐湖分离获得 18 株纯培养细菌;

张怡洋等<sup>[20]</sup>则通过设置不同 NaCl 浓度的 R2A 培养基, 从艾丁湖分离得到 80 株好氧嗜盐细菌。这些前期工作为新疆盐碱生境微生物研究积累了初步材料。本研究从新疆 7 个盐碱生境中分离纯化获得 935 株细菌, 经系统鉴定归属于 4 门 8 纲 25 目 54 科 125 属 310 种, 显示出较高的多样性。其中, *Bacillota*、*Pseudomonadota* 和 *Actinomycetota* 为 3 大优势类群, 合计占总菌株数的 95.37%。*Bacteroidota* 虽占比相对较低(4.63%), 但在多个样地中均有检出, 说明其作为耐盐类群在盐碱环境中具有特殊的生态位与适应性。

本研究中的 7 个样地可以归纳为 3 类差异显著的生境类型: 盐碱地(FK)、微咸水湖(CWP)与盐湖(ADH、QJJ、DBC、HCH、BLK)。FK 作为典型的陆生旱地盐碱生境, 水分匮乏、蒸

表4 盐碱生境产胞外多糖(EPS)菌株信息表

Table 4 Information on EPS-producing bacterial strains from saline-alkaline habitats

Representative strain designation	Closest matched known species	EPS yield (g/L)	Sampling site
EGI S10246	<i>Nesterenkonia lutea</i> YIM 70081	1.44	CWP
EGI S10258	<i>Marivirga harenae</i> JK11	4.50	CWP
EGI S10265	<i>Nesterenkonia aurantiaca</i> CK5	1.62	HCH
EGI S10266	<i>Priestia flexa</i> NBRC 15715	2.75	HCH
EGI S10268	<i>Leclercia pneumoniae</i> 4-9-1-25	0.37	HCH
EGI S10275	<i>Halomonas azerica</i> TBZ9	4.25	BLK
EGI S10280	<i>Bacillus zhangzhouensis</i> DW5-4	1.26	BLK
EGI S10283	<i>Halomonas alkaliantarctica</i> CRSS	4.50	BLK
EGI S10297	<i>Halomonas tibetensis</i> pyc13	1.62	BLK
EGI S10305	<i>Halomonas lysinitropha</i> 3(2)	1.53	BLK
EGI S10316	<i>Halomonas zhaodongensis</i> NEAU-ST10-25	1.53	DBC
EGI S10319	<i>Halomonas titanicae</i> BH1	1.56	BLK
EGI S10389	<i>Halomonas alkaliphila</i> 18bAG	1.67	HCH
EGI S10485	<i>Cytobacillus oceanisediminis</i> H2	0.44	BLK
EGI S10531	<i>Thalassobacillus devorans</i> G-19.1	0.50	ADH

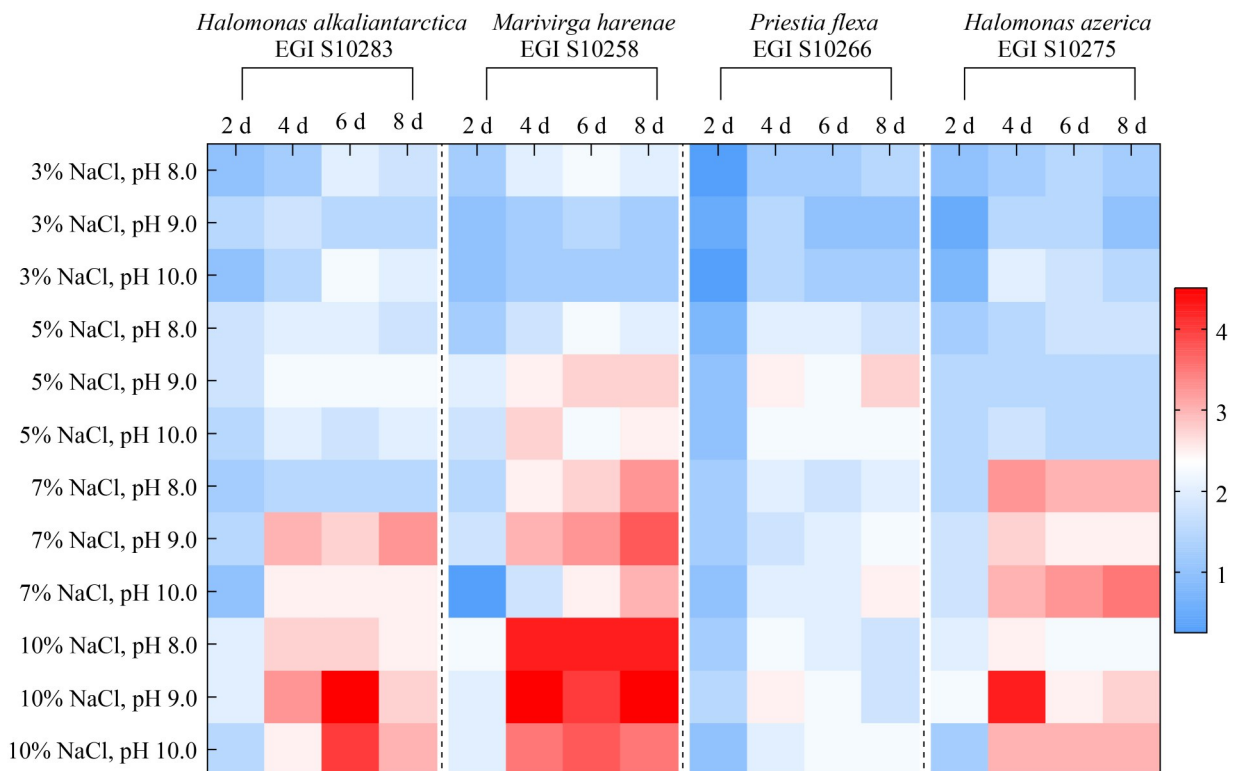


图5 不同发酵条件下4株高产EPS菌株产量热图

Figure 5 Heatmap of four strains with high EPS production under different fermentation conditions.

发强烈, 其可培养菌群以 *Actinomycetes* 为绝对优势类群, 这与放线菌耐干燥、抗辐射且善于利用贫瘠底物的特性高度相关<sup>[21]</sup>。与之相对, 所有水生湖泊生境中, *Actinomycetes* 占比均明显降低。在微咸水湖生境(CWP)中, 盐度压力大幅缓解, 其可培养菌群分布最为均衡, 无单一绝对优势类群, *Bacilli*、*Gammaproteobacteria*、*Actinomycetes* 与  $\alpha$ -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*) 共同构成主要类群, 反映了过渡性环境的多样性特征。在典型盐湖生境内部, 离子类型可能成为影响可培养微生物筛选的重要因素。BLK 作为典型的硫酸盐型盐湖, 其可培养微生物以 *Actinomycetes* 和 *Bacilli* 为主要优势类群, *Gammaproteobacteria* 为次要优势类群。在氯化物型盐湖 HCH 中, *Bacilli* 和 *Gammaproteobacteria* 则成为主要优势类群。上述结果表明, 从干旱的盐碱地到离子类型复杂的盐湖, 再到过渡性的微咸水湖, 异质性的生境为微生物类群提供了高度特异化的生态位, 最终塑造并维持了该区域丰富的可培养微生物资源。

### 3.2 培养策略影响微生物资源的挖掘深度与广度

由于微生物具有巨大多样性, 单一培养基无法实现对所有类群的有效分离。在盐碱生境研究中, 常利用不同的培养基配方进行筛选, 通过制造差异化的选择压力, 模拟天然环境中多样的生态位, 从而有针对性地筛选出适应特定条件的类群<sup>[22-24]</sup>。一方面, 营养水平是培养基筛选能力的核心决定因素之一<sup>[25]</sup>。Liu 等<sup>[26]</sup>对比了寡营养与富营养培养基对冰川细菌的分离效果, 发现寡营养培养基能分离更多的细菌类群, 且在不同培养温度下, 其分离菌株的属水平多样性均高于富营养培养基。本研究发现, 寡营养的 R2A 培养基在盐碱生境中同样展现出最广谱的分离能力, 获得的物种数最多, 这可能与该培养基营养成分相对温和、接近寡营养状态, 有利于更多寡营养或营养需求复杂的微

生物生长有关<sup>[27]</sup>。另一方面, 盐碱生境的特征在于其极高的盐度与复杂的离子组成, 培养基中的 NaCl 浓度是模拟原生境渗透压、从而筛选嗜盐或耐盐菌群的关键选择压力<sup>[28-29]</sup>。本研究设置了 4 个 NaCl 浓度, 发现不同 NaCl 浓度下分离出的菌株数量和组成存在明显差异, 与马想蓉等<sup>[30]</sup>对柴达木盆地昆特依盐湖的研究结果一致。在本研究中, 2% 和 5% NaCl 浓度是多数分离菌株的最适生长盐度范围, 其次为 0 NaCl, 而 10% NaCl 浓度分离得到的菌株种类最少, 大多为高度嗜盐菌, 说明以中等盐度培养基为主, 结合寡盐和富盐培养基的分离模式, 对于从盐碱生境中筛选出更多种类的微生物菌株具有重要作用。此外, 本研究采用了 2216E、R2A、LB、IPS3、Postgate 以及自制培养基共 6 种不同配方的培养基, 多种盐湖微生物菌株仅从单一配方的培养基中筛选得到, 前人也在盐湖微生物菌株分离中发现了类似现象<sup>[31-32]</sup>, 说明在合理范围内选择不同配方的培养基也会对盐湖微生物菌株的分离起到正向作用。值得注意的是, 本研究通过厌氧培养成功从新疆盐碱生境中获得了 52 株厌氧菌株, 证实了模拟厌氧条件挖掘功能微生物的有效性, 而该方向在新疆盐碱生境中鲜有系统研究, 值得进一步关注。

### 3.3 保护盐碱生境微生物资源具有重要性与紧迫性

在盐碱生境中, 嗜盐或耐盐微生物能够通过合成相容性溶质、构建特殊的细胞膜结构、表达高效离子泵等策略维持生存, 这些机制背后蕴藏着巨大的应用潜力<sup>[33-34]</sup>。前人研究已充分揭示了这类微生物在生物技术<sup>[35]</sup>、工业生产<sup>[36-37]</sup>及农业领域<sup>[38]</sup>的重要价值, 奠定了其资源挖掘的理论基础。新疆地处中亚干旱区核心, 其盐碱生境具有独特的地球化学演化历史与地理隔离性, 孕育了高度特化乃至全球独有的微生物区系<sup>[39]</sup>。在新疆艾比湖、七角井盐湖等生境中, 研究人员陆续分离到多个细菌或古菌的

新属、新种，且已从新疆盐碱生境中获得了一批具有显著应用潜力的功能菌株<sup>[40-41]</sup>。然而，这一宝贵资源正面临严峻威胁。在全球气候变化的大背景下，新疆地区气温上升速率高于全球平均水平，冰川消融加速的同时，降水格局发生改变，蒸发量持续增强<sup>[42]</sup>。本研究中的样地之一巴里坤湖作为一个封闭性的高盐湖泊，其湖泊面积曾达约 800 km<sup>2</sup>，但截至 2004 年已不到 100 km<sup>2</sup><sup>[43]</sup>。这种生境退化直接导致许多微生物原始生境片段化甚至彻底丧失，使得众多盐碱微生物未获纯培养就已经面临消失的风险，这凸显了盐碱生境微生物资源收集与培养保存工作的紧迫性。

基于此，本研究深入挖掘盐碱微生物资源，通过对 16S rRNA 基因序列的比对分析，共鉴定出 15 种可能代表新物种的细菌（相似度 95.40%–98.62%）。这些潜在新物种广泛分布于 *Bacillaceae*、*Rhodobacteraceae* 与 *Cyclobacteriaceae* 等多个科，并分离自多个样地，表明新疆盐碱环境中仍存在着大量未被认知和培养的微生物。在功能菌株筛选方面，本研究成功获得了多株产 EPS 的菌株。其中，*P. flexa* EGI S10266、*M. harenae* EGI S10258、*H. azerica* EGI S10275 和 *H. alkaliantarctica* EGI S10283 在特定高盐碱条件下表现出较高的 EPS 产量。此外，本研究还筛选获得多个厌氧菌株，涵盖 *Desulfobaculum*、*Desulfovibrio*、*Pseudodesulfovibrio* 等参与硫循环的关键功能类群。上述包括潜在新类群、高产 EPS 菌株及硫循环相关厌氧菌在内的多种功能微生物资源，为开发适用于盐碱环境生物修复或工业生物技术的微生物制剂提供了丰富且宝贵的种质资源。

## 4 展望

本研究从新疆盐碱生境中分离得到了近千株细菌资源，印证了该区域可培养微生物资源的多样性。然而，环境中仍蕴藏大量的未培养微生物资源亟待挖掘。利用多相分类学完成潜

在新物种的正式鉴定，并借鉴培养组学新技术，定向分离关键的未培养类群需要更多研究人员的重视。在此基础上，需结合多组学手段深入解析菌株的抗逆机制与特殊代谢途径。最终推动资源转化，开发高产 EPS 菌株用于盐碱土改良，挖掘嗜盐酶用于绿色工业，或构建功能菌剂服务于生态修复与绿色农业。通过持续的资源发掘、机理阐明与应用探索，希望使这些源于极端生境的生命宝藏，切实服务于生态安全与可持续发展。

## 作者贡献声明

陈喜稳：样品采集，分菌，测序，论文撰写，数据分析；彭聪：样品采集，分菌，测序，数据收集，数据分析，论文修订；刘永红：研究方案制定，样品采集，论文撰写，论文修订，项目资助；李帅：软件程序分析，研究方案讨论，数据结果验证，论文修订；李旭锐、房保柱、Osama Abdalla Abdelshafy Mohamad、Rajivgandhi Govindan：研究方案讨论，资料检索，论文修订；李文均：审阅，修订，项目资助，监督管理。

## 作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

## 参考文献

- [1] Litchman E, Edwards KF, Klausmeier CA. Microbial resource utilization traits and trade-offs: implications for community structure, functioning, and biogeochemical impacts at present and in the future[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 254.
- [2] Martinez-Rabert E, van Amstel C, Smith C, Sloan WT, Gonzalez-Cabaleiro R. Environmental and ecological controls of the spatial distribution of microbial populations in aggregates[J]. *PLoS Computational Biology*, 2022, 18(12): e1010807.
- [3] Santillan E, Constancias F, Wuertz S. Press disturbance alters community structure and assembly mechanisms of bacterial taxa and functional genes in mesocosm-scale bioreactors[J]. *mSystems*, 2020, 5(4): e00471-20.
- [4] 谷医林, 张晓霞, 魏海雷, 阮志勇, 顾金刚, 李世贵, 罗会颖, 姚斌. 我国农业微生物种质资源保护利用发展思考[J]. *中国工程科学*, 2025, 27(5): 180-189. Gu YL, Zhang XX, Wei HL, Ruan ZY, Gu JG, Li SG,

- Luo HY, Yao B. Protection and utilization of agricultural microbial germplasm resources in China[J]. Strategic Study of Chinese Academy of Engineering, 2025, 27(5): 180-189 (in Chinese).
- [5] He SF, Li PS, Wang JX, Zhang YZ, Lu HM, Shi LF, Huang T, Zhang WY, Ding LJ, He S, Liu LW. Discovery of new secondary metabolites from marine bacteria *Hahella* based on an omics strategy[J]. Marine Drugs, 2022, 20(4): 269.
- [6] Rappé MS, Giovannoni SJ. The uncultured microbial majority[J]. Annual Review of Microbiology, 2003, 57: 369-394.
- [7] Sun J, Guo JZ, Yang Q, Huang J. Diluted conventional media improve the microbial cultivability from aquarium seawater[J]. Journal of Microbiology, 2019, 57(9): 759-768.
- [8] Tang QW, Yin XP, Wen GH, Luo Z, Zhang L, Tan SG. Unraveling the composition and function of pig gut microbiome from metagenomics[J]. Animal Microbiome, 2025, 7: 60.
- [9] Wang HH, Zhang C, Chen YQ, Guo YF, Ding LJ, Zhang SF, Du GJ, Zhang WY, He S. *Gracilimonas qinghaiensis* sp. nov., a halophilic bacterium from a high-altitude saline lake exhibiting diverse metabolic potential and ecological adaptation[J]. Current Research in Microbial Sciences, 2025, 9: 100413.
- [10] Machado MJ, Jacinavicius FR, Médice RV, Dextro RB, Feitosa AMT, Weiss MB, Pellegrinetti TA, Cotta SR, Crnkovic CM, Fiore MF. Genetic and biochemical diversity of terpene biosynthesis in cyanobacterial strains from tropical soda lakes[J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1582103.
- [11] Dindhorja K, Kumar R, Bhargava B, Kumar R. Metagenomic assembled genomes indicated the potential application of hypersaline microbiome for plant growth promotion and stress alleviation in salinized soils[J]. mSystems, 2024, 9(3): e01050-23.
- [12] Zhang GL, Bai JH, Zhai YJ, Jia J, Zhao QQ, Wang W, Hu XY. Microbial diversity and functions in saline soils: a review from a biogeochemical perspective[J]. Journal of Advanced Research, 2024, 59: 129-140.
- [13] Liu SW, Zhai XX, Liu D, Liu YY, Sui LY, Luo KK, Yang Q, Li FN, Nikandrova AA, Imamutdinova AN, Lukianov DA, Osterman IA, Sergiev PV, Zhang BY, Zhang DJ, Xue CM, Sun CH. Bioprospecting of actinobacterial diversity and antibacterial secondary metabolites from the sediments of four saline lakes on the northern Xizang Plateau[J]. Microorganisms, 2023, 11(10): 2475.
- [14] Ak P. Diversity and production of extracellular polysaccharide by halophilic microorganisms[J]. Biodiversity International Journal, 2017, 1(2): 00006.
- [15] Zhu KL, Liu PY, Liu Y, Fu LL, Du ZF, Zhang RR, Liu JW, Zhang X, Li JH. Global distribution and biogeochemical significance of magnetotactic bacteria in deep-sea cold seep ecosystems[J]. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences, 2025, 130(8): e2025JG008888.
- [16] 杨渐, 蒋宏忱, 孙永娟, 吴耿, 侯卫国, 董海良, 赖忠平. 青藏高原湖泊沉积物硫酸盐还原菌种群分布[J]. 盐湖研究, 2013, 21(1): 7-13.
- Yang J, Jiang HC, Sun YJ, Wu G, Hou WG, Dong HL, Lai ZP. Abundance and diversity of sulfate-reducing bacteria in Qinghai-Xizang Lakes[J]. Journal of Salt Lake Research, 2013, 21(1): 7-13 (in Chinese).
- [17] 刘永红, 房保柱, 高磊, 李丽, 王爽, 蒋宏忱, 李文均. 巴里坤盐湖退化区土壤微生物群落结构及生态功能分析[J]. 微生物学报, 2022, 62(6): 2053-2073.
- Liu YH, Fang BZ, Gao L, Li L, Wang S, Jiang HC, Li WJ. Community structure and ecological functions of soil microorganisms in the degraded area of Barkol Lake[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(6): 2053-2073 (in Chinese).
- [18] 刘冰冰, 唐蜀昆, 明红, 何松涛, 聂国兴, 关统伟, 张利莉, 李文均. 新疆罗布泊地区可培养嗜盐古菌多样性及其功能酶筛选[J]. 微生物学报, 2011, 51(9): 1222-1231.
- Liu BB, Tang SK, Ming H, He ST, Nie GX, Guan TW, Zhang LL, Li WJ. Biodiversity and functional enzymes of cultured halophilic archaeon in Lop Nur region[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2011, 51(9): 1222-1231 (in Chinese).
- [19] 李怡歆, 陈勇, 刘晓禄, 艾尼江·尔斯满, 徐李娟, 刘倩倩, 包晓玮, 宋素琴. 新疆达坂城盐湖嗜盐细菌分离鉴定及活性分析[J]. 新疆农业科学, 2023, 60(7): 1766-1772.
- Li YX, Chen Y, Liu XL, Ersiman A, Xu LJ, Liu QQ, Bao XW, Song SQ. Isolation, identification and activity of halophilic bacteria from Dabancheng Salt Lake, Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2023, 60(7): 1766-1772 (in Chinese).
- [20] 张怡洋, 刘阳, 阮迪, 张璐, 刘光琇, 陈拓, 张威, 薛林贵, 章高森. 艾丁湖可培养好氧嗜盐细菌多样性及抗辐射特征初探[J]. 湖北农业科学, 2024, 63(6): 44-52.
- Zhang YY, Liu Y, Ruan D, Zhang L, Liu GX, Chen T, Zhang W, Xue LG, Zhang GS. The preliminary study of the diversity and radiation-resistant characteristics of culturable aerobic halophilic bacteria in the Aiding Lake[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2024, 63(6): 44-52 (in Chinese).
- [21] Tang X, Fei XT, Sun YN, Shao HH, Zhu JY, He XY, Wang XY, Yong B, Tao X. Abscisic acid-polyacrylamide (ABA-PAM) treatment enhances forage grass growth and soil microbial diversity under drought stress[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 973665.
- [22] Ruginescu R, Gomoiu I, Popescu O, Cojoc R, Neagu S, Lucaei I, Batrinescu-Moteau C, Enache M. Bioprospecting for novel halophilic and halotolerant sources of hydrolytic enzymes in brackish, saline and hypersaline lakes of Romania[J]. Microorganisms, 2020, 8(12): 1903.
- [23] Sahay H, Mahfooz S, Singh AK, Singh S, Kaushik R, Saxena AK, Arora DK. Exploration and characterization of agriculturally and industrially important haloalkaliphilic bacteria from environmental samples of hypersaline Sambhar lake, India[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2012, 28(11): 3207-3217.
- [24] Xu XW, Wu YH, Zhou Z, Wang CS, Zhou YG, Zhang HB, Wang Y, Wu M. *Halomonas saccharevitans* sp. nov., *Halomonas arcis* sp. nov. and *Halomonas subterranea* sp.

- nov., halophilic bacteria isolated from hypersaline environments of China[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2007, 57(7): 1619-1624.
- [25] Kaboré OD, Aghnatiou R, Godreuil S, Drancourt M. *Escherichia coli* culture filtrate enhances the growth of *Gemmata* spp.[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 2552.
- [26] Liu Y, Xu YT, Cui XW, Zhang BL, Wang XY, Qin X, Wang JX, Li YZ, Zhang W, Liu GX, Chen T, Zhang GS. Temporary survival increasing the diversity of culturable heterotrophic bacteria in the newly exposed moraine at a glacier snout[J]. *Biology*, 2022, 11(11): 1555.
- [27] Molina-Menor E, Gimeno-Valero H, Pascual J, Peretó J, Porcar M. High culturable bacterial diversity from a European Desert: the Tabernas desert[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 11: 583120.
- [28] Geröcs A, Alshaal T, Fári M, Domokos-Szabolcsy. Bioindicator effect of stress tolerant rhizobacteria on horticultural models[J]. *International Journal of Horticultural Science*, 2014, 20(1/2): 83-87.
- [29] 罗堂亮, 赵亚芳, 刘慧美, 马会彦, 夏占峰, 艾芮西. 茫崖翡翠湖嗜(耐)盐细菌资源及其对NaCl胁迫的响应[J]. *微生物学报*, 2025, 65(4): 1396-1416.
- Luo TL, Zhao YF, Liu HM, Ma HY, Xia ZF, Ai RX. Halophilic and halotolerant bacterial resources and their response to NaCl stress in Emerald Lake of Mangya[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(4): 1396-1416 (in Chinese).
- [30] 马想蓉, 马欣, 陈胤勋, 龙启福, 王嵘, 邢江娃. 柴达木盆地昆特依盐湖可培养嗜盐细菌多样性研究[J]. *生物技术通报*, 2024, 40(7): 285-298.
- Ma XR, Ma X, Chen YX, Long QF, Wang R, Xing JW. Diversity of culturable halophilic bacteria in the chloride type Kuntayi Salt Lake in the Qaidam Basin[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2024, 40(7): 285-298 (in Chinese).
- [31] 陈超. 新疆七角井盐湖可培养细菌多样性及其功能酶筛选[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2011.
- Chen C. Diversity of culturable bacteria from Qijiaoing Lake in Xinjiang and their ability to produce enzymes[D]. Ala'er: Tarim University, 2011 (in Chinese).
- [32] 李小俊, 吴越, 张伟铭, 李静, 刘少伟, 蒋忠科, 黄大林, 孙承航. 河北九莲城淖尔可培养放线菌多样性及抗菌活性筛选[J]. *微生物学通报*, 2016, 43(7): 1473-1484.
- Li XJ, Wu Y, Zhang WM, Li J, Liu SW, Jiang ZK, Huang DL, Sun CH. Biodiversity and antimicrobial activity of culturable Actinobacteria isolated from Jiuliancheng Nur in Hebei Province[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(7): 1473-1484 (in Chinese).
- [33] Tavčar VP, Dolinar M. A pipeline for the isolation and cultivation of microalgae and cyanobacteria from hypersaline environments[J]. *Microorganisms*, 2025, 13(3): 603.
- [34] Yang JJ, Li WJ, Teng DX, Yang XD, Zhang YJ, Li Y. Metagenomic insights into microbial community structure, function, and salt adaptation in saline soils of arid land, China[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(11): 2183.
- [35] Ono J, Imai M, Nishimura Y, Nakai H. Hydroxide ion carrier for proton pumps in bacteriorhodopsin: primary proton transfer[J]. *The Journal of Physical Chemistry B*, 2020, 124(39): 8524-8539.
- [36] Chakraborty B, Kumar RS, Almansour AI, Gunasekaran P, Nayaka S. Bioprospection and secondary metabolites profiling of marine *Streptomyces levis* strain KS46[J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2022, 29(2): 667-679.
- [37] De Lourdes Moreno M, Pérez D, García M, Mellado E. Halophilic bacteria as a source of novel hydrolytic enzymes[J]. *Life*, 2013, 3(1): 38-51.
- [38] Gao N, Yu XC, Yang SQ, Li Q, Zhang HH, Rajasekar A, Shen WS, Senoo K. Mitigation of N<sub>2</sub>O emission from granular organic fertilizer with alkali- and salt-resistant plant growth-promoting rhizobacteria[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2023, 134(10): lxad225.
- [39] 许学伟, 吴敏, 迪丽拜尔·托乎提, 古丽巴哈尔·阿巴拜克利. 新疆艾比湖和伊吾湖可培养嗜盐古菌多样性[J]. *生物多样性*, 2006, 14(4): 359-362.
- Xu XW, Wu M, Tohty D, Ababaikeli G. Halophilic archaea diversity of Aibi Lake and Yiwu Lake in Xinjiang[J]. *Biodiversity Science*, 2006, 14(4): 359-362 (in Chinese).
- [40] 李泉泉, 王芸, 王科珂, 倪萍, 孙鹏, 苏为涌, 张碧柳. 新疆两盐湖可培养极端嗜盐菌组成及功能多样性研究[J]. *微生物学报*, 2022, 62(6): 2074-2089.
- Li QQ, Wang Y, Wang KK, Ni P, Sun P, Su WY, Zhang BL. Composition and functional diversity of extreme halophiles isolated from two salt lakes in Xinjiang[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(6): 2074-2089 (in Chinese).
- [41] 许学伟. 新疆地区嗜盐古菌的多相分类学和细菌视紫红质基因序列的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2005.
- Xu XW. Studies on polyphasic taxonomy and bacteriorhodopsin encoding gene of halophilic archaea from Xin-Jiang region[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2005 (in Chinese).
- [42] Chen R, Duan KQ, Shi PH, Shang W, Yang JH, He JP, Meng YL, Dou MY, Li L. Amplification of warming-wetting in high mountains and associated mechanisms during the 21st century in Xinjiang, Central Asia[J]. *Climatic Change*, 2024, 177(12): 177.
- [43] Chen Y, Wang GC, Zhao X, Wang YB, Ji JL, Cao K, Shen TY, Zhang P, Wang A. Evolution of the Barkol Basin, eastern Tian Shan, and its geodynamic background[J]. *International Journal of Earth Sciences*, 2019, 108(4): 1253-1271.