

山西运城盐湖土壤沉积物中古菌多样性及影响因素分析

魏嘉倓¹, 郭欣¹, 杨艳艳¹, 王传旭², 王卓², 杨静², 郭浩然⁴, 李新^{1,3*}

1 山西农业大学 食品科学与工程学院, 山西 太谷

2 运城学院 生命科学系, 运城盐湖生态保护与资源利用厅市共建山西省重点实验室, 山西 运城

3 忻州师范学院 生命科学系, 山西 忻州

4 中国地质大学, 生物地质与环境地质国家重点实验室, 湖北 武汉

魏嘉倓, 郭欣, 杨艳艳, 王传旭, 王卓, 杨静, 郭浩然, 李新. 山西运城盐湖土壤沉积物中古菌多样性及影响因素分析[J]. 微生物学报, 2026, 66(6): 2924-2943.

WEI Jiatan, GUO Xin, YANG Yanyan, WANG Chuanxu, WANG Zhuo, YANG Jing, GUO Haoran, LI Xin. Archaea diversity and influencing factors in sedimentary soils of Yuncheng Salt Lake, Shanxi Province[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2026, 66(6): 2924-2943.

摘要: 运城盐湖位于山西省西南部, 是世界三大硫酸钠型内陆盐湖之一, 蕴藏着丰富的微生物资源, 然而目前针对该盐湖古菌群落多样性的系统性研究仍较为匮乏。【目的】探究运城盐湖土壤沉积物中古菌的多样性, 并分析环境因子对其多样性的影响。【方法】对运城盐湖 18 个采样点的 54 个样品进行土壤理化分析, 结合扩增子高通量测序技术, 分析环境因子对古菌群落多样性的影响。【结果】扩增子分析表明, 盐杆菌门(*Halobacteriota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)、蛭微菌门(*Nanobdellota*)、热原体门(*Thermoplasmata*)和阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)为主要类群, 其中盐杆菌门(*Halobacteriota*)和热变形菌门(*Thermoproteota*)是运城盐湖土壤沉积物中古菌的优势类群。 α 和 β 多样性分析及群落组成分析显示, 不同采样点间的古菌群落存在明显差异。冗余分析(redundancy analysis, RDA)表明总氮(total nitrogen, TN)、总碳(total carbon, TC)、铵态氮(ammonium nitrogen, $\text{NH}_4^+\text{-N}$)和 SO_4^{2-} 对土壤沉积物微生物中古菌群落多样性的影响最大; 其次为硝态氮(nitrate nitrogen, $\text{NO}_3^-\text{-N}$)、 Cl^- 、 Mg^{2+} 和 Na^+ ; Ca^{2+} 、总磷(total phosphorus, TP)和总钾(total

资助项目: 国家自然科学基金(32300111); 山西省科技创新人才团队专项(202204051001035); 山西省运城盐湖保护利用研究院“揭榜挂帅”项目(YHYJ-2023001); 运城市科技计划项目基础研究(自由探索类-面上项目)(YCKJ-2023046); 运城市科技计划(社会发展类, YCKJ-2024022)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32300111), the Special Fund for Science and Technology Innovation Teams of Shanxi Province (202204051001035), the “Listed and Commanded” Project from Yuncheng Salt Lake Protection and Utilization Research Institute of Shanxi Province (YHYJ-2023001), the Yuncheng City Science and Technology Plan Project-Basic Research (Free Exploration Category-General Project) (YCKJ-2023046), and the Yuncheng Science and Technology Program (Social Development, YCKJ-2024022).

*Corresponding author. E-mail: lixin-eva@163.com

Received: 2025-12-31; Accepted: 2026-02-09; Published online: 2026-03-17

potassium, TK)的影响较小。【结论】运城盐湖土壤沉积物古菌群落拥有较高的多样性,且与环境因子密切相关。本研究补充了运城盐湖土壤沉积物中古菌资源的生物信息,为盐湖古菌资源的挖掘和研究提供了理论依据。

关键词: 运城盐湖; 土壤沉积物; 高通量测序; 群落组成; 古菌多样性

Archaea diversity and influencing factors in sedimentary soils of Yuncheng Salt Lake, Shanxi Province

WEI Jiatao¹, GUO Xin¹, YANG Yanyan¹, WANG Chuanxu², WANG Zhuo², YANG Jing², GUO Haoran⁴, LI Xin^{1,3*}

1 College of Food Science and Engineering, Shanxi Agricultural University, Taigu, Shanxi, China

2 Shanxi Key Laboratory of Yuncheng Salt Lake Ecological Protection and Resource Utilization, Life Sciences Department, Yuncheng University, Yuncheng, Shanxi, China

3 Life Sciences Department, Xinzhou Normal University, Xinzhou, Shanxi, China

4 State Key Laboratory of Biogeology and Environmental Geology, China University of Geosciences, Wuhan, Hubei, China

Abstract: Yuncheng Salt Lake located in the southwest of Shanxi Province is one of the three major sodium sulfate inland salt lakes in the world, harboring rich microbial resources, while there is still a lack of systematic research on the archaeal diversity in this salt lake. **[Objective]** To explore the diversity of archaea in soil sediments of Yuncheng Salt Lake and analyze the influences of environmental factors on the diversity. **[Methods]** Soil physical and chemical analysis was carried out on 54 samples from 18 sampling sites in Yuncheng Salt Lake, and the effects of environmental factors on the archaeal diversity were analyzed by amplicon high-throughput sequencing. **[Results]** Amplicon analysis showed that *Halobacteriota*, *Thermoproteota*, *Nanobdellota*, *Thermoplasmata*, and *Asgardarchaeota* were the main taxa. Among them, *Halobacteriota* and *Thermoproteota* were the dominant groups of archaea in the soil sediments of Yuncheng Salt Lake. The analysis of diversity and community composition showed that there were obvious differences in archaeal communities among different sampling sites. Redundancy analysis showed that total nitrogen, total carbon, ammonium nitrogen, and SO_4^{2-} had the greatest effect on the archaeal diversity in soil sediments, followed by nitrate nitrogen, Cl^- , Mg^{2+} , and Na^+ , while Ca^{2+} , total phosphorus, and total potassium had mild effects. **[Conclusion]** The archaeal community in soil sediments of Yuncheng Salt Lake has high diversity and is closely related to environmental factors. This study enriches the biological information of archaeal resources in soil sediments of Yuncheng Salt Lake and provides a theoretical basis for the mining and research of archaeal resources in salt lakes.

Keywords: Yuncheng Salt Lake; soil sediments; high-throughput sequencing; community composition; archaeal diversity

极端微生物是指能够在高盐、高温、高压、高碱或者高辐射等极端环境中正常生长的微生物^[1]，在极端微生物类群中古菌占据着核心地位，其在进化地位上具有独特性，是极端环境中最具代表性的优势类群，尤其在生态功能层面展现出不可替代的价值。古菌能够深度参与极端环境中的物质循环与能量流动，同时可通过自身代谢活动调节极端生境的理化性质，维系极端生态系统的稳定性与平衡。盐湖作为典型的高盐极端生境，蕴含着丰富且独特的古菌种群^[2]。

我国地域广阔，盐湖数量众多。已有研究表明，不同盐湖由于地理位置、气候特征、盐度等方面存在差异，古菌种群多样性也存在明显不同。2001年，Xu等^[3]从内蒙古察汗瑙苏打湖和另一未命名的苏打湖沉积物中分别发现并命名了无色需碱菌属(*Natrialba*)的2个新种：呼伦贝尔无色需碱菌(*N. hulunbeirensis*)和碱湖无色需碱菌(*N. chahannaensis*)。2007年，崔恒林^[4]从新疆两盐湖共分离纯化获得112株古菌菌株，并从中发现了7个新种，同时对它们的分类学地位进行了描述。2010年张现辉等^[5]、2003年范华鹏等^[6]利用免培养技术对西藏扎布耶盐湖生物多样性进行分析，结果表明该盐湖中存在大量的微生物和古菌资源。罗明等^[7]对新疆高盐地区中可培养嗜盐微生物的多样性进行了研究，发现在新疆罗布泊地区盐单胞菌属(*Halomonas*)是其优势属。2018年，李杨^[8]对茶卡盐湖嗜盐古菌多样性进行研究，并分离纯化出148株嗜盐古菌菌株，其分别属于8个属，还鉴定出盐棒杆菌属(*Halobaculum*)中的1个新种。国内盐湖研究多集中于新疆、西藏、青海、内蒙古等地的多个盐湖，对于我国中部地区的盐湖研究尚未形成体系。

运城盐湖位于山西省西南部，总面积约132 km²，最深处约6 m，是世界三大硫酸钠型内陆盐湖之一^[9]，属于典型的高盐环境。运城盐湖约有0.5亿年历史，在此期间，含盐类的矿物

质不断沉淀、蒸发聚集在这里，最终形成了今天所见到的盐湖^[10]。运城盐湖作为我国中部的一个典型的极端环境生态系统，其古菌资源尚未得到深入和系统的研究。目前，该盐湖微生物多样性的研究仅有少量报道。例如，Guo等^[11]于2024年从运城盐湖沉积物中分离出一株革兰氏阴性细菌菌株YC-2023-2^T，结合表型、系统发育和化学分类学特征，该菌株被鉴定为科迪蒙氏菌科(*Kordiimonadaceae*)的一个新属新种。Yu等^[12]在2025年从运城盐湖沉积物中分离出3株革兰氏阴性细菌，属假海源菌属(*Pseudidiomarina*)结合表型、化学分类学特征分析，这3株菌被鉴定为*Pseudidiomarina*属的新种。Qiu等^[13]于2013年从运城盐湖中分离出2株古菌新种盐红菌属(*Halorubrum*)的*Halorubrum rubrum* YC87^T和YCA11。Xu等^[14]从运城盐湖中分离菌株红色盐红色菌YC25^T，对其进行了表型测定、化学分类学表征及系统发育和基因组分析，确定其为盐红色菌属(*Halorussus*)的一个新物种。然而，对于运城盐湖土壤沉积物古菌多样性及群落结构鲜有报道。

作为山西省最大的内陆湖泊，运城盐湖是维系当地生态平衡的重要水体和天然屏障。由于长期生态性缺水，运城盐湖已经开始出现日渐萎缩的趋势，这将会对其中的生物种群造成严重破坏^[15]。因此，加快对运城盐湖中的微生物资源挖掘、保存和研究已非常迫切。本研究通过对运城盐湖不同地点土壤沉积物样品中的古菌进行扩增子高通量测序，结合土壤理化因子数据，综合分析运城盐湖土壤沉积物古菌的群落结构和影响因素，以期开展运城盐湖古菌资源的开发、分离培养以及生态环境管理提供理论基础与参考依据。

1 材料与amp;方法

1.1 样品采集

本研究于2024年11月在山西省运城市运

城盐湖使用抓斗取样器采集样品(表 1), 每个采样点各采集 3 个生物学重复, 将每份土样分为两部分: 一部分样品风干, 过 0.25 mm 孔径网筛后, 用于分析土壤理化性质; 另一部分保存于 -80°C 冰箱, 用于土壤基因组的提取。

1.2 土壤理化分析

土壤 pH 采用酸度计测定, 以去除 CO_2 的纯水为浸提剂, 水土比为 2.5:1^[16]; 水溶性盐总量 (total soluble salts, TSS) 采用重量法测定^[17]; 总氮 (total nitrogen, TN) 采用半微量凯氏定氮法测定; 总碳 (total carbon, TC) 使用元素分析仪^[18]进行测定; K^+ 、 Na^+ 采用火焰光度法进行测定; Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 采用 ICP-MS 法进行测定; 总磷 (total phosphorus, TP) 采用钼锑抗比色法测定; CO_3^{2-} 采用双指示剂-中和滴定法进行测定; Cl^- 采用硝酸银滴定法进行测定; SO_4^{2-} 采用硫酸钡比重法进行测定; 硝态氮 (nitrate nitrogen, NO_3^- -N) 和铵态氮 (ammonium nitrogen, NH_4^+ -N) 采用过硫酸钾

氧化-紫外分光光度法进行测定; 总钾 (total potassium, TK) 采用火焰光度法^[19]测定。

1.3 土壤 DNA 提取、PCR 扩增和高通量扩增子测序

使用强力土壤 DNA 提取试剂盒 (MOBIO 实验室), 从运城盐湖土壤沉积物样品中提取基因组 DNA。用琼脂糖凝胶电泳检测提取 DNA 的质量, 并用分光光度法检测 DNA 的纯度和浓度。用正向引物 519F (5'-CAGCCGCCGCGGTA A-3') 和反向引物 915R (5'-GTGCTCCCCGCCA ATTCCT-3') 扩增古菌 16S rRNA 基因的 V4-V5 高变区^[20]。PCR 反应体系 (50 μL): DNA 模板 50 ng, 正、反向引物 (10 $\mu\text{mol/L}$) 各 1 μL , 2 \times Premix *Taq* 25 μL , ddH₂O 补足至 50 μL 。PCR 反应条件: 94°C 5 min; 94°C 30 s, 52°C 30 s, 72°C 30 s, 30 次循环; 72°C 10 min。扩增产物使用 E.Z.N.A.[®] 琼脂糖凝胶回收试剂盒 (Omega Bio-Tek 公司) 进行纯化, 主带长度在 400–450 bp

表1 运城盐湖土壤沉积物样品采集信息

Table 1 Sampling information for sediment samples from Yuncheng Salt Lake

Sample	Sample description	pH	GPS coordinates
LSS1	Murky yellow-green lake water	8.6	35.031 651"N, 111.084 832"E
LSS2	Murky yellow lake water	8.2	35.036 104"N, 111.081 441"E
LSS3	Green lake water	7.9	35.001 974"N, 111.005 754"E
LSS4	Red lake water	8.0	35.037 291"N, 111.073 667"E
LSS5	Green lake water	8.9	35.031 662"N, 111.084 901"E
LSS6	Yellow-green lake water	8.4	35.006 370"N, 111.074 289"E
MSS1	Yellow-green lake water	8.1	34.993 174"N, 111.013 127"E
MSS2	Chestnut brown lake water	8.5	35.006 201"N, 111.074 867"E
MSS3	Gray lake water	7.8	34.987 443"N, 110.979 228"E
MSS4	Turquoise lake water	8.3	34.972 730"N, 110.965 080"E
MSS5	Yellow-green lake water	8.5	35.005 952"N, 111.074 662"E
MSS6	Turquoise lake water	9.1	35.022 238"N, 111.090 701"E
HSS1	Orange-yellow lake water	8.1	35.015 910"N, 111.034 917"E
HSS2	Shallow red lake water	8.2	35.039 694"N, 111.077 959"E
HSS3	Red lake water	8.1	35.023 947"N, 111.021 467"E
HSS4	Murky gray-green lake water	7.9	35.028 068"N, 111.087 033"E
HSS5	Red lake water	8.2	34.970 356"N, 110.949 523"E
HSS6	Pink lake water	8.7	34.999 572"N, 111.004 511"E

的样品可用于进一步实验,并在 Illumina NovaSeq 6000 上对扩增子文库进行测序(2×250 bp)。

1.4 生物信息学分析

测序平台下机的数据经过滤、拼接和质量过滤后,得到有效序列用于后续分析。首先,通过 DADA2^[21]输出操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU),使用 USEARCH 10 的 uparse 算法将高质量测序标签(clean tags)聚类成 OTUs 得到每个聚类(cluster)的序列,并分别随机赋予一个编号(OTU ID)。基于 QIIME 2^[22]中的朴素贝叶斯分类器,使用 SILVA 数据库^[23]比对获得物种注释信息,置信度阈值为 70%。 α 多样性和 β 多样性分别通过 usearch-alpha_div 和 R 软件计算和显示。线性判别分析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)分析使用 MGCloud (<http://tools.magigene.com>)进行,线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)的筛选值为 1.73。将测得的土壤理化数据与样品的古菌多样性进行冗余分析(redundancy analysis, RDA)。测序原始数据已上传 NCBI SRA 数据库(登录号为 SRR36577350–SRR36577297)。

2 结果与分析

2.1 样品理化分析

盐湖土壤沉积物离子成分结果如表 1、表 2 所示。LSS1–HSS6 的 pH 在 7.9–9.1 范围内,其中 LSS3 和 HSS4 的 pH 最低, MSS6 的 pH 最高; HSS1 的含盐量最高,为 0.237 7 g/kg, LSS6 的含盐量最低,为 0.072 6 g/kg,其余样品含盐量在 0.214 5–0.082 7 g/kg 之间。TC 含量最高的是 HSS5,为 35.36 g/kg,显著高于 LSS4 (9.30 g/kg); LSS1–HSS6 的 TP 含量无显著差异,范围在 0.81–1.03 g/kg; LSS3 的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量最高,为 0.086 g/kg, LSS6 的含量最低,为 0.029 g/kg; $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量无显著差异, LSS1 的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量最高,为 0.021 g/kg, HSS1 和 HSS3 的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量最低,为 0.007 g/kg; MSS4 的

TN 含量最高,达 6.52 g/kg, LSS1 的 TN 含量最低,为 1.17 g/kg。在 4 种阳离子中, HSS5 的 Ca^{2+} 含量最高,为 44.39 g/kg; Mg^{2+} 含量最高的是 MSS1,为 17.23 g/kg; TK 含量无显著差异,范围在 2.82–5.55 g/kg, HSS1 的 Na^+ 含量最高。阴离子中, HSS2 的 Cl^- 、 SO_4^{2-} 含量最高,分别为 58.36 g/kg、55.37 g/kg; HSS6 的 Cl^- 含量最低,为 1.39 g/kg; LSS4 的 SO_4^{2-} 含量最低,为 7.68 g/kg,但所有样品均未检测出 CO_3^{2-} 。

2.2 多样性分析

通过扩增子高通量测序,对运城盐湖 18 个土壤沉积物样品(LSS1–HSS6)的古菌群落结构进行分析。基于 Illumina NovaSeq 6000 测序平台,采用双末端测序(paired-end)的方法构建小片段文库。54 个样品共获得 4 737 381 对序列(reads),双端 reads 经质控、拼接后共产生 4 726 580 条高质量 reads,每个样品至少产生 83 519 条 reads,平均产生 87 529 条 reads。

运城盐湖土壤沉积物古菌 α 多样性指数如图 1 所示。在 18 组样品的 ACE、Chao1、Simpson、Shannon 指数中, MSS6 的 ACE 指数和 Chao1 指数最大值分别为 2 638.09 和 2 235.1, MSS1 的 ACE 指数最小值为 93.99, LSS1 的 Chao1 指数最小值为 82.3。LSS2、HSS1、HSS2、HSS4 无显著性差异, ACE 指数和 Chao1 指数表明其真实物种数已接近测到的物种数, MSS4 和 MSS6 微生物种类丰富度最高。Shannon 指数和 Simpson 指数显示, MSS5 的 Shannon 指数最高,为 8.13, Simpson 指数最低,为 0.007,表明 MSS5 群落更加丰富均匀; MSS1 的 Shannon 指数最低,为 3.93, Simpson 指数最高,为 0.168,表明 MSS1 群落由少数物种主导,系统单一。为了解各样品之间古菌群落组成的相似性和差异性,本研究进一步对 18 组样品古菌进行了 β 多样性分析。主成分分析(principal component analysis, PCA)如图 2 所示, LSS 组主要聚集在 PC1 左侧,且 PC2 集中在 0 附近,表明其样品内部 β 多样性差异较小。MSS 组分布

表2 运城盐湖土壤样品理化因子组成
Table 2 Physicochemical composition of soil samples from Yuncheng Salt Lake

Sample	TC	Ca ²⁺	Mg ²⁺	TN	TP	TK	CO ₃ ²⁻ -Cl ⁻	SO ₄ ²⁻	Na ⁺	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	TSS	
LSS1	12.26±0.52	20.12±0.72	10.72±0.70	1.17±0.65	0.85±0.12	4.76±0.60	ND	8.05±0.74	13.80±0.74	10.77±0.76	0.049±0.014	0.021±0.007	0.097 7±0.006 4
LSS2	14.55±0.68	21.87±0.76	9.77±0.69	2.77±0.73	0.91±0.12	3.44±0.21	ND	7.77±0.65	7.95±0.69	8.22±0.50	0.039±0.008	0.016±0.004	0.094 1±0.005 1
LSS3	27.52±0.77	16.77±0.53	7.85±0.56	3.94±0.71	0.92±0.13	5.00±0.56	ND	5.62±0.70	14.56±0.76	11.01±0.68	0.086±0.013	0.008±0.005	0.093 1±0.006 3
LSS4	9.30±0.79	20.47±0.74	6.22±0.58	3.10±0.67	0.81±0.10	2.82±0.42	ND	9.42±0.60	7.68±0.63	14.77±0.60	0.040±0.010	0.015±0.005	0.092 6±0.005 9
LSS5	12.91±0.77	18.16±0.73	9.09±0.62	4.40±0.59	0.89±0.11	4.09±0.52	ND	4.20±0.63	9.85±0.66	10.05±0.71	0.038±0.007	0.005±0.003	0.082 7±0.004 1
LSS6	15.07±0.75	14.23±0.68	8.95±0.61	1.57±0.60	0.92±0.12	2.90±0.49	ND	4.13±0.58	10.68±0.61	10.98±0.63	0.029±0.007	0.018±0.005	0.072 6±0.004 4
MSS1	30.66±0.74	35.07±0.71	17.23±0.64	3.19±0.77	1.03±0.25	5.55±0.45	ND	8.25±0.64	20.14±0.68	15.64±0.67	0.051±0.011	0.007±0.004	0.130 7±0.003 9
MSS2	26.74±0.79	25.84±0.75	13.92±0.73	3.45±0.72	0.87±0.11	5.15±0.57	ND	13.81±0.72	12.77±0.66	18.34±0.62	0.055±0.011	0.015±0.005	0.123 9±0.006 9
MSS3	16.31±0.72	29.50±0.65	11.69±0.65	1.32±0.57	0.82±0.10	4.22±0.60	ND	7.56±0.64	21.06±0.65	12.30±0.66	0.076±0.014	0.008±0.003	0.119 3±0.007 0
MSS4	21.67±0.83	37.77±0.64	13.16±0.70	6.52±0.72	0.87±0.11	4.66±0.65	ND	2.79±0.69	9.83±0.66	12.26±0.67	0.042±0.009	0.008±0.003	0.115 7±0.006 7
MSS5	18.05±0.81	24.22±0.67	8.00±0.70	5.20±0.70	0.94±0.15	3.69±0.66	ND	10.60±0.71	8.92±0.70	16.40±0.70	0.060±0.012	0.012±0.005	0.103 6±0.007 6
MSS6	22.94±0.70	29.40±0.56	9.45±0.65	2.87±0.65	0.86±0.10	5.22±0.65	ND	1.05±0.68	13.46±0.65	11.39±0.64	0.044±0.009	0.015±0.050	0.100 6±0.007 0
HSS1	13.12±0.73	36.02±0.68	12.30±0.68	2.74±0.70	0.91±0.12	3.90±0.67	ND	34.28±0.71	32.24±0.72	26.17±0.67	0.038±0.008	0.007±0.004	0.237 7±0.007 4
HSS2	17.65±0.70	20.85±0.66	16.12±0.66	2.04±0.67	0.87±0.12	3.38±0.64	ND	58.36±0.70	55.37±0.67	24.60±0.64	0.081±0.029	0.017±0.009	0.214 5±0.007 6
HSS3	14.52±0.69	43.07±0.67	12.06±0.64	3.63±0.67	0.94±0.24	3.21±0.68	ND	23.30±0.65	25.35±0.66	19.49±0.65	0.039±0.010	0.007±0.004	0.170 4±0.007 5
HSS4	9.47±0.67	20.24±0.68	9.05±0.66	3.15±0.67	0.95±0.22	3.56±0.63	ND	27.20±0.68	31.78±0.67	17.78±0.64	0.036±0.010	0.012±0.005	0.163 1±0.007 4
HSS5	35.36±0.72	44.39±0.66	12.20±0.66	5.57±0.66	0.89±0.12	4.39±0.65	ND	4.79±0.68	14.26±0.65	12.90±0.64	0.086±0.030	0.011±0.003	0.156 7±0.007 4
HSS6	19.50±0.68	39.27±0.64	13.05±0.64	1.35±0.65	0.89±0.31	4.40±0.68	ND	1.39±0.66	8.27±0.67	22.56±0.67	0.039±0.010	0.007±0.004	0.153 7±0.007 4

All the units are in g/kg (DW). ND: Not detected.

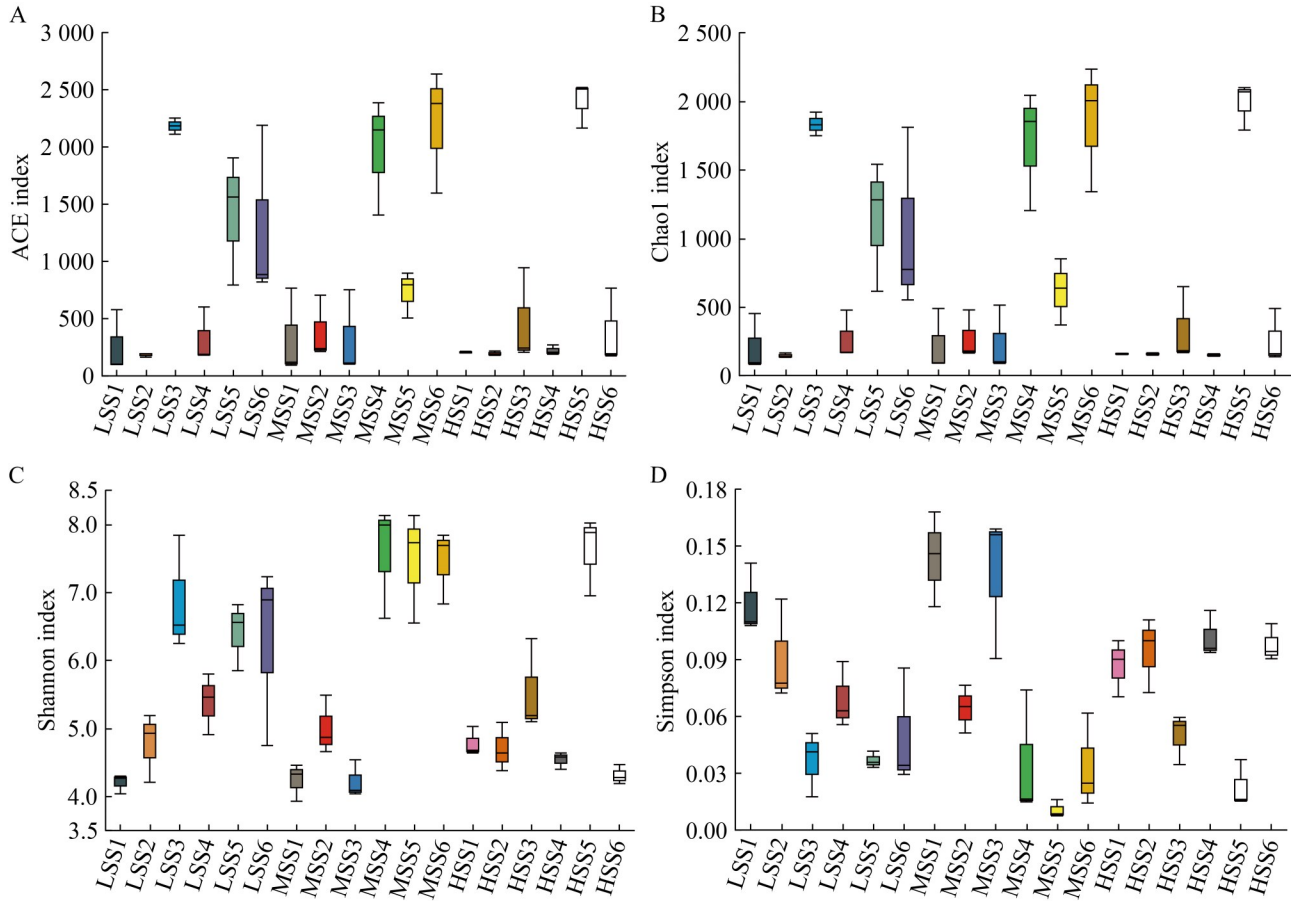


图1 运城盐湖土壤样品古菌群落 α 多样性指数

Figure 1 Alpha diversity index of archaea communities in soil samples from Yuncheng Salt Lake. A: ACE index; B: Chao1 index; C: Shannon index; D: Simpson index.

较分散，MSS6 在 PC1 中间区域形成相对独立的聚类，MSS3 与 LSS1、LSS2、HSS1、HSS2 和 HSS4 有重叠，表明这几组样品存在一定的相似性。HSS6、HSS3、MSS2 和 LSS5 位于 PC1 右侧，且 PC2 值偏低，与其余几组样品分布区域几乎无重叠，说明这几组样品与其余几组样品 β 多样性差异较大。

2.3 样品间古菌群落组成

本研究对前期获得的 21 789 个 OTUs 所对应的序列进行分类学统计得出，18 组样品的微生物主要分布在 14 门 27 纲 37 目 51 科 102 属。LSS1-HSS6 与门水平丰度前 10 (top 10) 的物种组成关系如图 3 所示，热变形菌门(*Thermoproteota*)、盐

杆菌门(*Halobacteriota*)和蛭微菌门(*Nanobdellota*)为 18 组样品在门水平上的优势类群，相对占比分别为 42%、27% 和 20%。未分类的古菌、热原体门(*Thermoplasmata*)和阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)分别占比 2%、7% 和 2%。

如图 4A 所示，从各样品门水平群落相对丰度组成可以看出，各古菌门在不同样品的相对丰度存在显著差异，在 LSS5、LSS6、MSS2、HSS3 和 HSS6 样品中，盐杆菌门(*Halobacteriota*)在该环境中占据主导地位。热变形菌门(*Thermoproteota*)在 MSS1 中相对丰度最高 (88.45%)，而在 LSS5 中占比最低 (1.14%)。蛭微菌门(*Nanobdellota*)在 LSS3 (37.32%)、LSS4

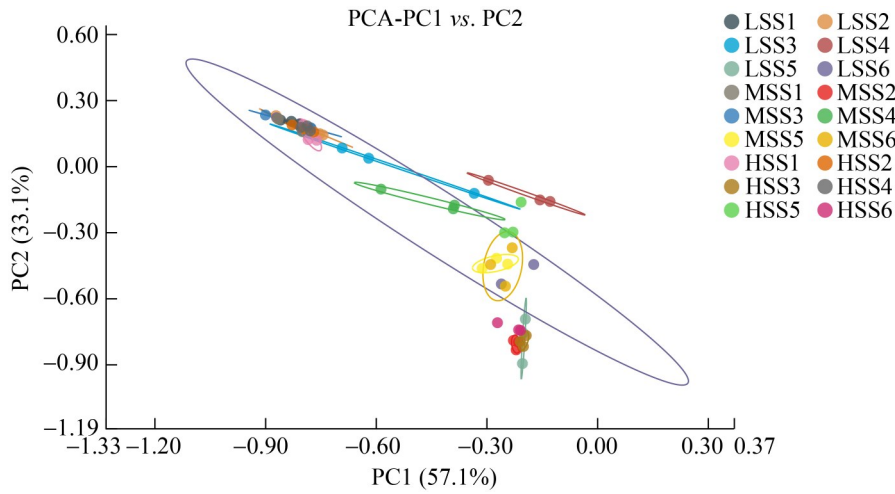


图2 运城盐湖土壤样品古菌群落β多样性分析

Figure 2 Analysis of soil archaeal community beta diversity on the Yuncheng Salt Lake. PCA was based on phylum level, ellipses represent 95% confidence intervals.

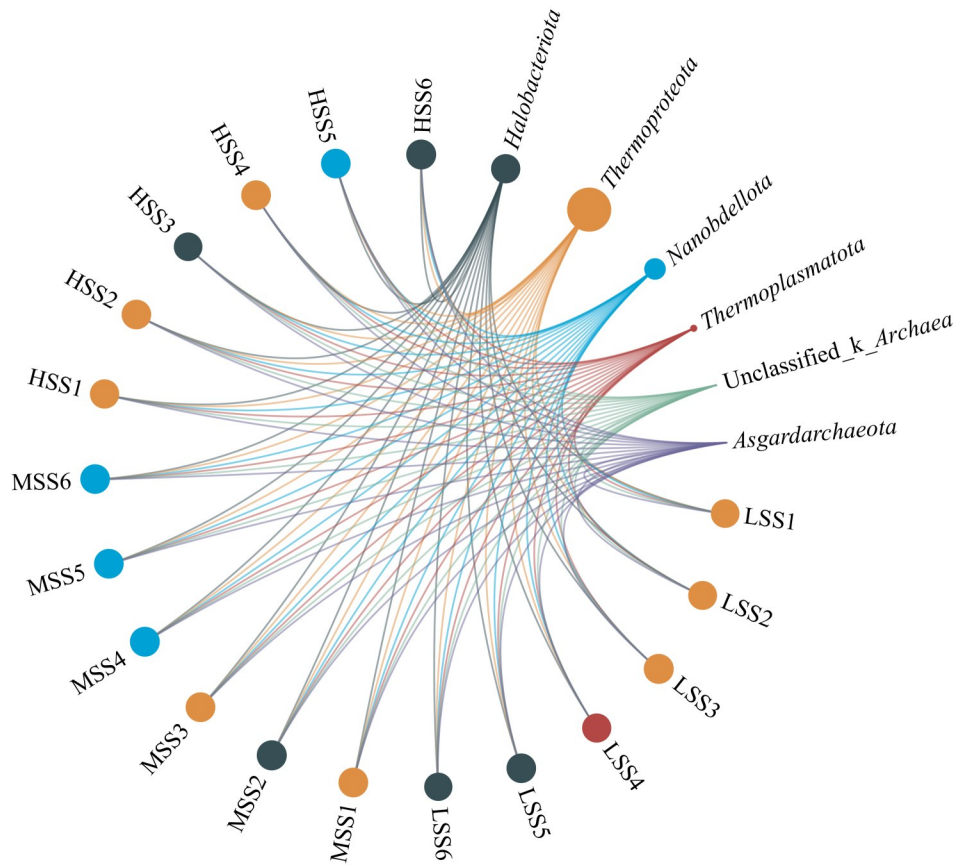


图3 运城盐湖土壤样品与门水平丰度前10古菌的物种关系

Figure 3 Species relationship between Yuncheng Salt Lake soil samples and the top 10 archaea species by abundance at the phylum level.

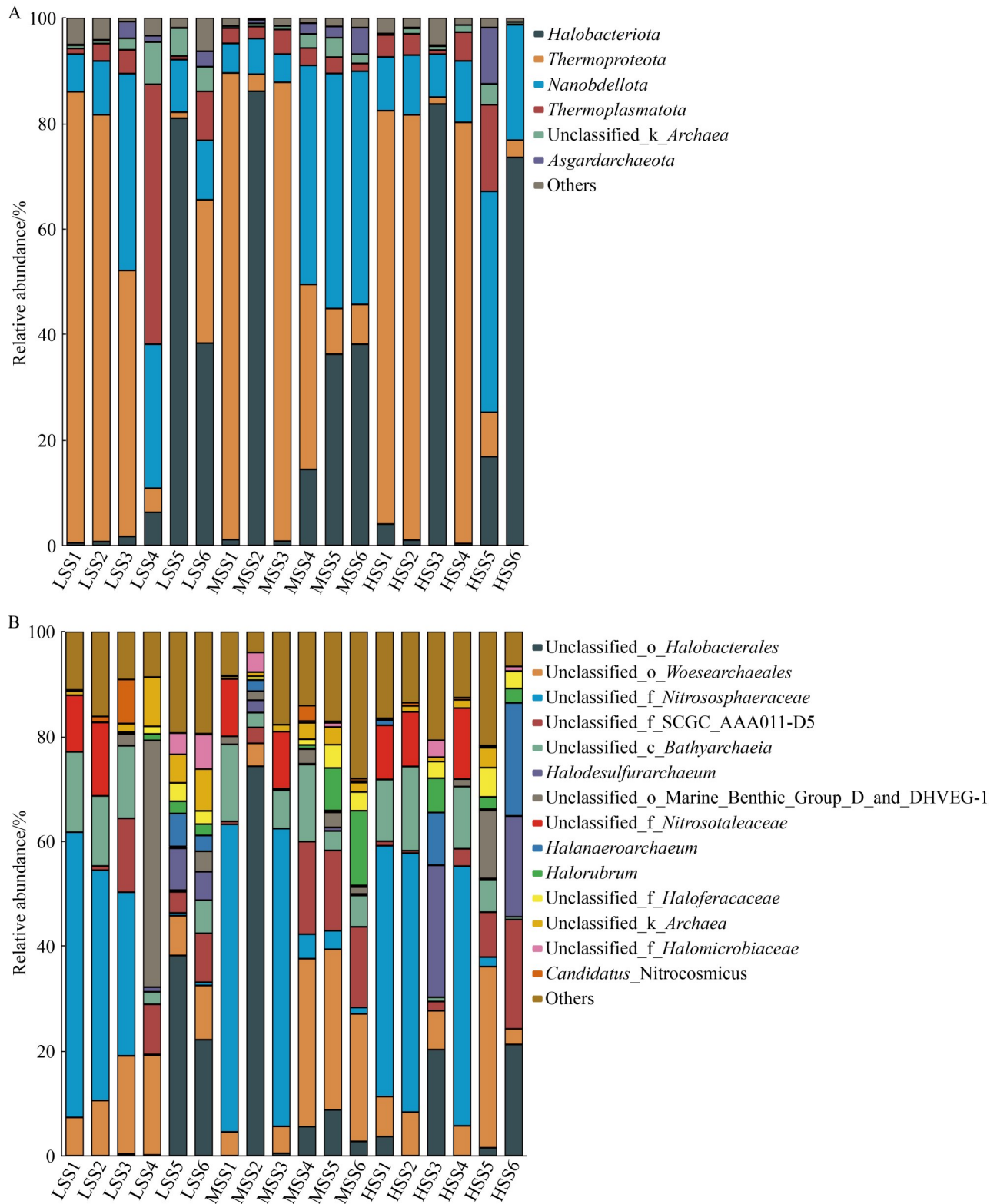


图4 各土壤样品古菌优势菌门(A)和优势菌属(B)相对丰度

Figure 4 Relative abundance of dominant archaea phyla (A) and genera (B) in soil samples.

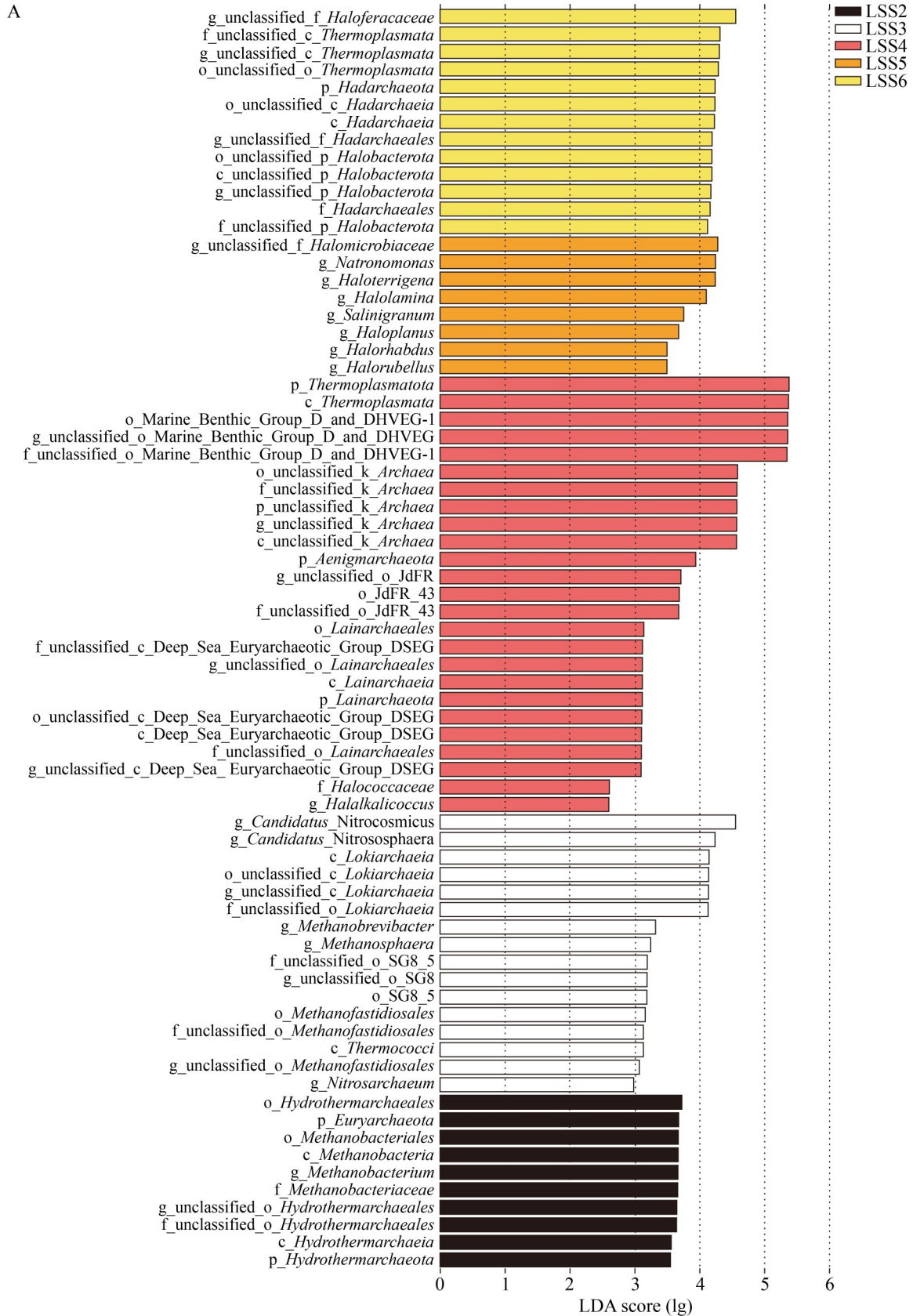
(27.30%)、MSS4 (41.52%)、MSS5 (44.54%)、MSS6 (44.20%)和 HSS5 (41.91%)样品中表现出较高的丰富度。热原体门(*Thermoplasmatota*)主要在 LSS4 (49.27%)、LSS6 (9.29%)和 HSS5 (16.40%)等样品中存在明显占比, 其余样品占比无显著差异。阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)和未分类古菌仅在样品中占据较低比例, others 的占比整体也较低。

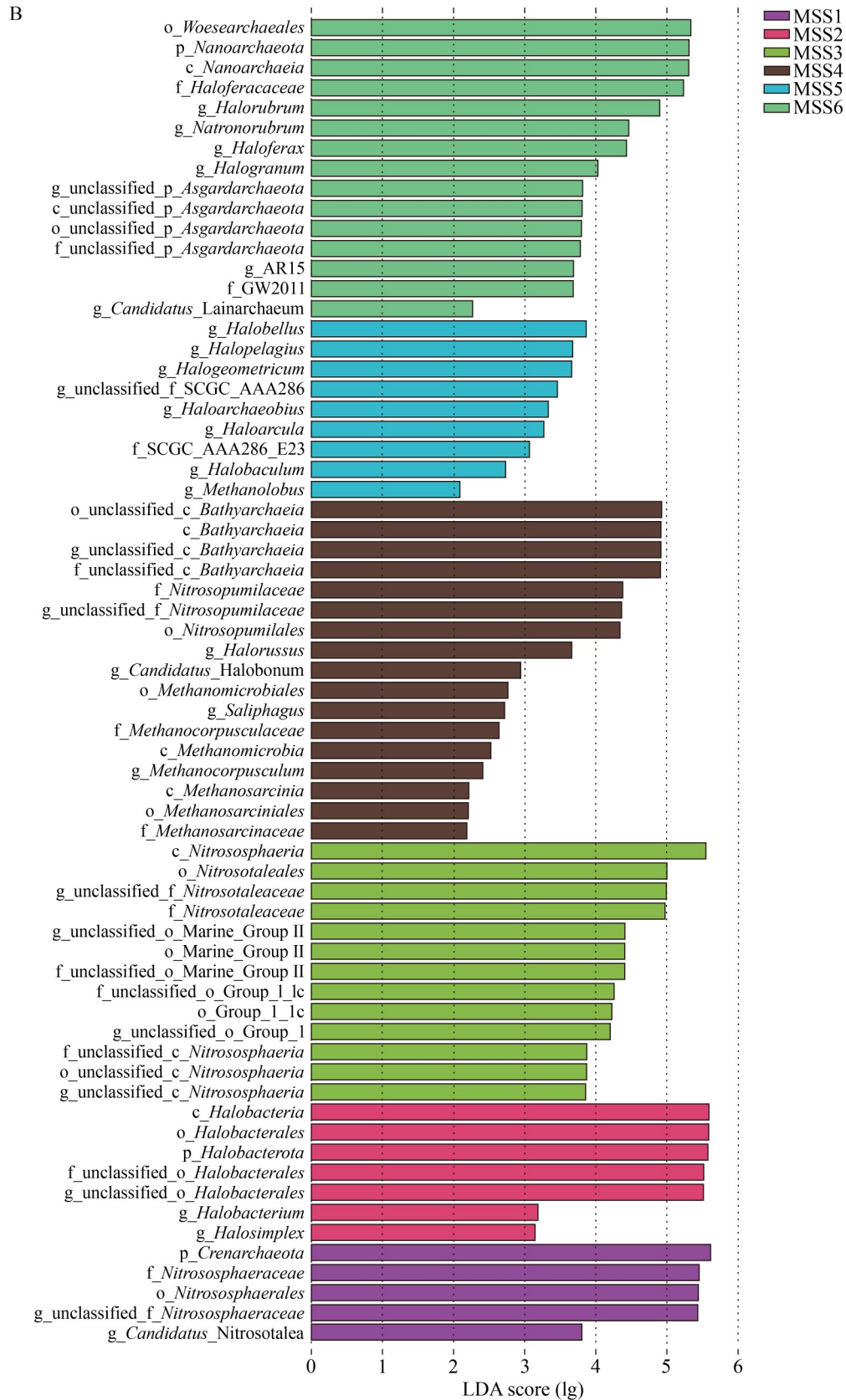
在属水平的微生物组成分析中(图 4B), 18 组样品展现出明显的差异。海盐脱硫古菌属(*Halodesulfurarchaeum*)在 HSS3 样品中占据主导地位, 相对占比达 23.67%, 而在 HSS4 样品中几乎未检测到。厌氧嗜盐古菌属(*Halanaeroarchaeum*)为 HSS6 中的主导类群, 相对占比达到 20.75%, 而在除 HSS6、HSS3 和 LSS5 之外的样品中几乎未检测到(<0.02%)。盐红菌属(*Halorubrum*)在 MSS6 样品中的丰度最高 (15.69%), 同样在除 MSS5、HSS3 及 HSS6 以外的样品中均几乎无法检测到。候选硝基宇宙菌属(*Candidatus_Nitrocosmicus*)在各个样品中的丰度均低于 0.07%。

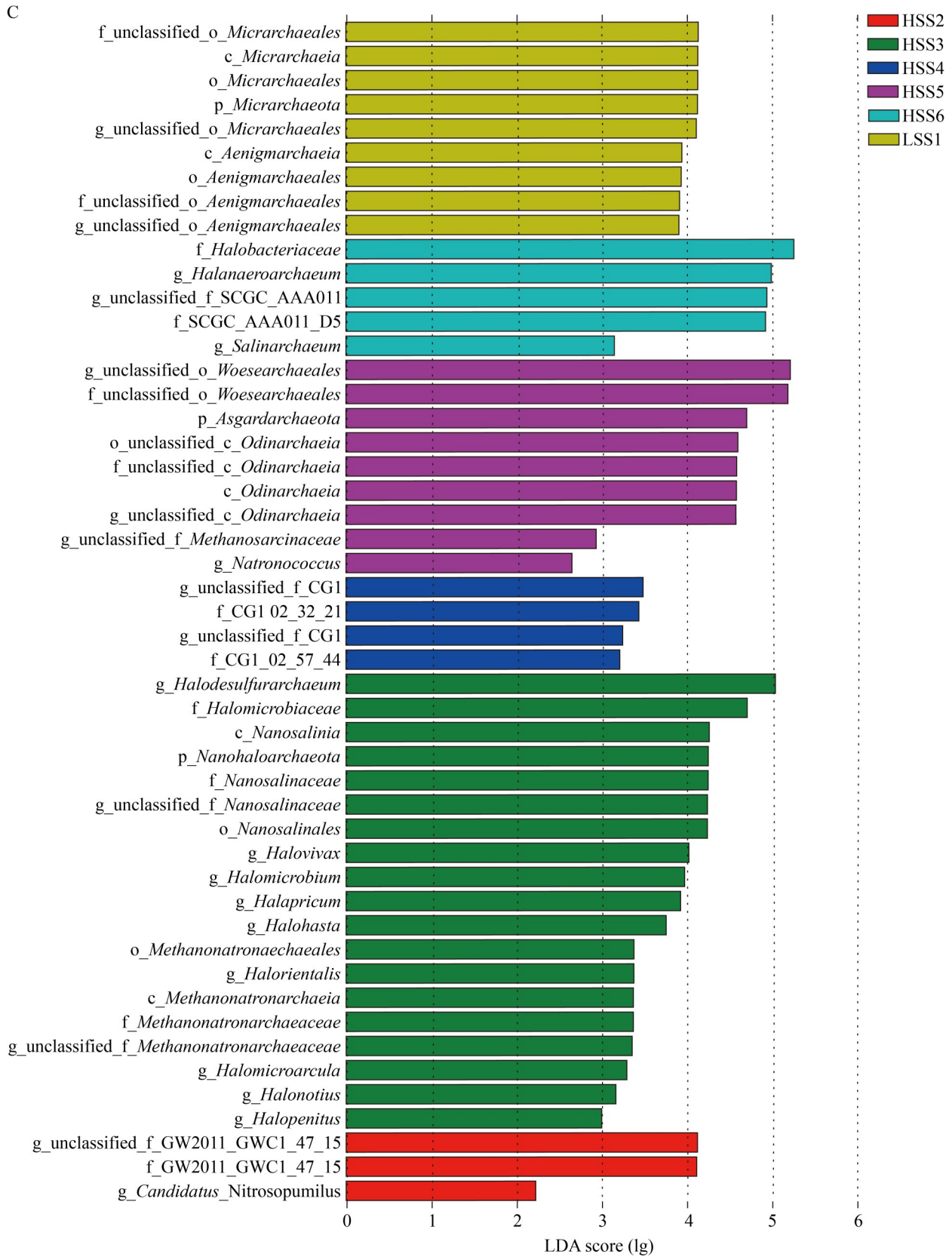
2.4 样品间古菌分布特征

本研究对不同生境的微生物群落进行了 LEfSe 分析(图 5), 18 组土壤微生物在 187 个不同分类水平上的古菌群落存在显著差异, 其中, LSS1 有 9 个生物标记物, 如门水平上的嗜热微菌门(*Microcaldota*), 目水平上的微古菌目(*Micrarchaeales*)和谜古菌目(*Aenigmarchaeales*), 纲水平上的微古菌纲(*Micrarchaeia*)和谜古菌纲(*Aenigmarchaeia*), 以及科和属水平上未分类的物种; LSS2 有 10 个生物标记物, 其中有属水平上的甲烷杆菌属(*Methanobacterium*), 门水平上的热泉古菌门(*Hydrothermarchaeota*)和甲烷杆菌门(*Methanobacteriota*)以及科、目、纲水平和未分类的物种; LSS3 有 16 个生物标记物, 属水平上有甲烷短杆菌属(*Methanobrevibacter*)、甲烷球形属(*Methanosphaera*)和亚硝化古菌属(*Nitrosarchaeum*), 目水平上有甲烷迟缓菌目

(*Methanofastidiosales*), 纲水平上有洛基古菌纲(*Lokiarchaeia*)和热球菌纲(*Thermococci*), 还有 2 个暂定属(硝基宇宙菌属和亚硝化球菌属)以及一些未分类的物种; LSS4 样品的生物标记物最多, 共有 25 个类群, 如门水平上的热原体门(*Thermoplasmatota*)、谜古菌门(*Aenigmarchaeota*)和莱纳古菌门(*Iainarchaeota*), 其中热原体门(*Thermoplasmatota*)与热原体纲(*Thermoplasmata*)、海洋底栖 D 组与 DHVEG-1 (Marine_Benthic_Group_D_and_DHVEG-1)和 7 个未分类物种的类群显著富集, 还有科与属水平和一些未分类的物种; LSS5 有 8 个生物标记物, 主要集中在属水平, 共有 4 个类群显著富集, 分别为嗜盐碱单胞菌属(*Natronomonas*)、盐土生古菌属(*Haloterrigena*)、盐薄片形菌属(*Halolamina*)和 1 个盐微菌科(*Halomicrobiaceae*)下的未分类的属级类群; LSS6 有 13 个生物标记物, 其中厚古菌门(*Hadarchaeota*)、厚古菌纲(*Hadarchaeota*)和厚古菌目(*Hadarchaeales*)以及 10 个未分类的物种都显著富集; MSS1 有 5 个生物标记物, 如门水平上的热变形菌门(*Thermoproteota*)、科水平上的亚硝化球形菌科(*Nitrososphaeraceae*)、目水平上的亚硝化球形菌目(*Nitrososphaerales*)和 1 个属级物种显著富集; MSS2 有 7 个生物标记物, 盐杆菌门(*Halobacteriota*)、需盐小杆菌纲(*Halobacteria*)、需盐小杆菌目(*Halobacteriales*)和 2 个未分类物种显著富集, 还有 2 个属; MSS3 有 13 个生物标记物, 如纲水平上的亚硝化球形菌纲(*Nitrososphaeria*)、目水平上的硝化杆菌目(*Nitrosotaleales*)和科水平上的硝化杆菌科(*Nitrosotaleaceae*)以及其他未分类和未培养的物种; MSS4 有 17 个生物标记物, 如纲水平上的深古菌纲(*Bathyarchaeia*)、甲烷微菌纲(*Methanomicrobia*)和甲烷八叠球菌纲(*Methanosarcinia*), 目水平上的亚硝化侏儒菌目(*Nitrosopumilales*)、甲烷微菌目(*Methanomicrobiales*)和甲烷八叠球菌目(*Methanosarciniales*), 属水平上的盐红色菌属







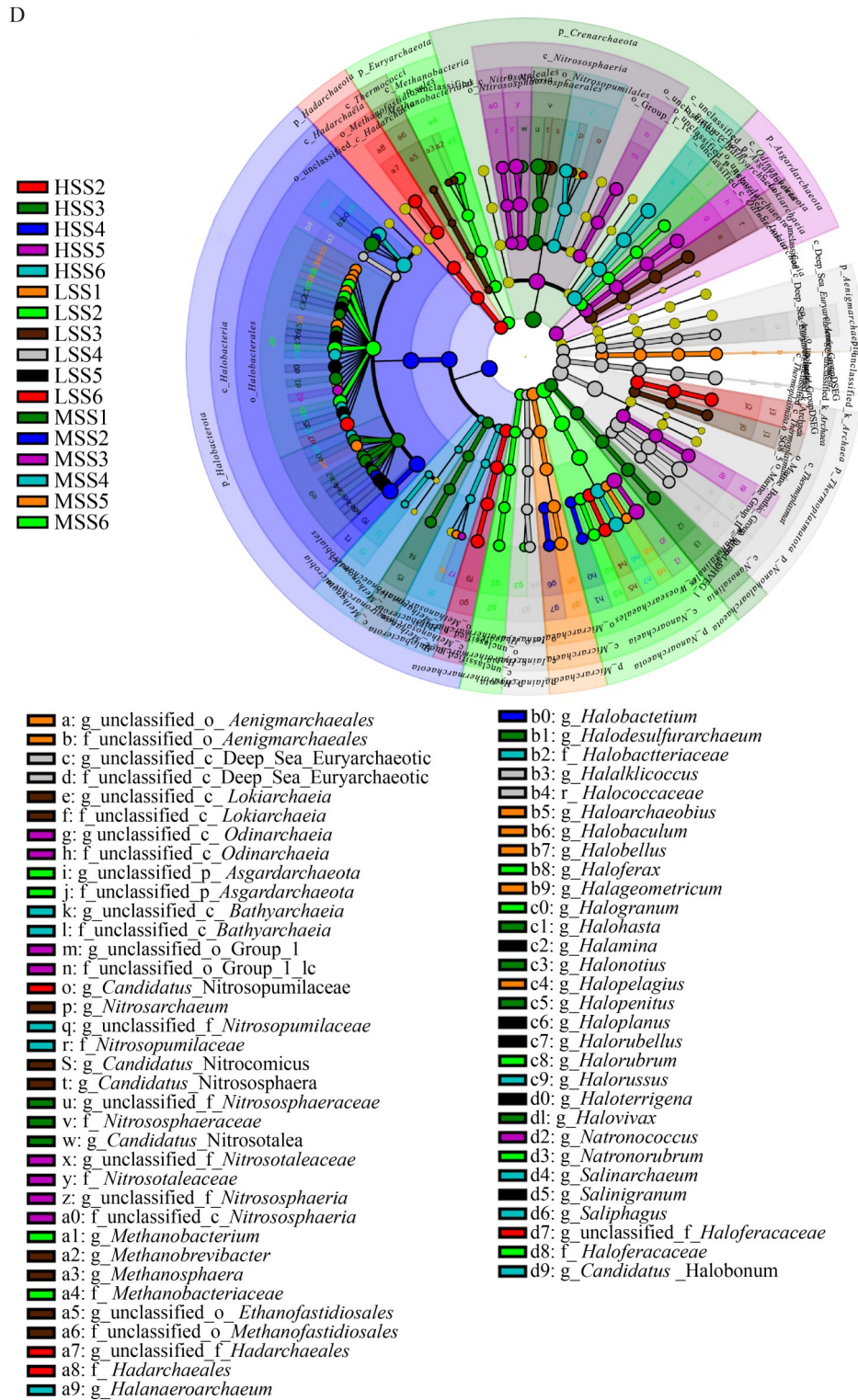


图5 不同样品间古菌的LEfSe差异分析

Figure 5 LEfSe analysis of archaea differences among samples. A, B, C: Histogram of LDA scores calculated for the differentially abundant microbes with a threshold value of 1.73; D: Cladogram.

(*Halorussus*)、噬盐菌属(*Saliphagus*)和甲烷粒菌属(*Methanocorpusculum*), 以及一些未分类的物种; MSS5 有 9 个生物标记物, 主要集中在属水平上, 如美丽盐菌属(*Halobellus*)、海盐菌属(*Halopelagius*)、盐几何形菌属(*Halogeometricum*)、盐古生菌属(*Haloarchaeobius*)等, 以及一些未分类的物种; MSS6 有 15 个生物标记物, 其中有 8 个类群显著富集, 如门水平上的蛭微菌门(*Nanobdellota*)、纲水平上的纳古菌纲(*Nanoarchaeia*)、目水平上的伍斯古菌目(*Woesearchaeales*)、科水平上的富盐菌科(*Haloferacaceae*)、属水平上的盐红菌属(*Halorubrum*)、嗜盐碱红菌属(*Natronorubrum*)、富盐菌属(*Haloferax*)和盐颗粒形菌属(*Halogramum*), 以及 7 个未分类的和未命名的类群; HSS2 有 3 个生物标记物, 均为未分类和未命名的物种; HSS3 有 19 个生物标记物, 其中有 7 个类群显著富集, 分别为门水平上的纳盐古菌门(*Nanohaloarchaeota*)、纲水平上的纳言菌纲(*Nanosalinia*)、科水平上的盐微菌科(*Halomicrobiaceae*)和纳盐菌科(*Nanosalinaceae*)、属水平上的海盐脱硫古菌属(*Halodesulfurarchaeum*)以及 1 个未分类的科级物种, 还有 8 个属、1 个纲、1 个目、1 个科和 1 个未分类物种; HSS4 有 4 个生物标记物, 4 个类群均为未分类及未命名的物种; HSS5 有 9 个生物标记物, 如门水平上的阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)、纲水平上的奥丁古菌纲(*Odinarchaeia*)和属水平上的嗜盐碱球菌属(*Natronococcus*), 以及 6 个未分类的物种; HSS6 有 5 个生物标记物, 如科水平上的盐杆菌科(*Halobacteriaceae*)、属水平上的厌氧嗜盐古菌属(*Halanaeroarchaeum*)和盐场古菌属(*Salinarchaeum*), 以及 3 个未分类和未命名的物种。

2.5 土壤理化因子对不同样品微生物多样性的影响

图 6A 展示了门水平丰度前 14 的类群与各

理化因子的相关性, 盐杆菌门(*Halobacteriota*)在 MSS2 样品中的丰度最高, 其与 TN 和 Ca^{2+} 呈显著正相关, 与 NO_3^- -N 和 SO_4^{2-} 呈显著负相关; 热变形菌门(*Thermoproteota*)在 MSS1 中相对丰度最高, 其与 NO_3^- -N 和 SO_4^{2-} 呈显著正相关, 与 TN 呈显著负相关。蛭微菌门(*Nanobdellota*)在 LSS3-4、MSS4-6 和 HSS5 中富集度最高, 其与 TN、TC 和 NH_4^+ -N 呈显著正相关, 与 Mg^{2+} 、 Cl^- 和 SO_4^{2-} 呈显著负相关; 热原体门(*Thermoplasmata*)在 LSS4、LSS6 和 HSS5 中富集度较高, 其与 NO_3^- -N 和 Cl^- 呈显著正相关, 与 TK 呈显著负相关。阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)、哈达古菌门(*Hadarchaeota*)、纳米嗜盐古菌门(*Nanohaloarchaeota*)、伊恩古菌门(*Iainarchaeota*)和蛭微菌门(*Nanobdellota*)与 NO_3^- -N、 Mg^{2+} 、 Cl^- 和 SO_4^{2-} 均呈负相关, 与 TN 呈正相关。 NO_3^- -N 对高古菌门(*Altiarchaeota*)、甲烷杆菌门(*Methanobacteriota*)、嗜热微菌门(*Microcaldota*)和谜古菌门(*Aenigmarchaeota*)呈正相关, 但以上类群对 Na^+ 都呈负相关。谜古菌门(*Aenigmarchaeota*)与 NO_3^- -N 和 Cl^- 呈正相关, 与其他离子均为负相关。嗜热微菌门(*Microcaldota*)与 Na^+ 和 Cl^- 呈负相关, 与其他离子均为正相关。

为了揭示土壤沉积物古菌群落结构对不同理化因子的响应关系, 本研究根据 18 组土壤沉积物古菌群落组成与土壤理化因子进行 RDA 分析。结果显示(图 6B), 第一和第二排序轴分别解释了 71.8% 和 24.0% 的古菌群落结构变异, 说明本研究所选取的环境因子具有一定的代表性。总体来看, TN、TC、 NH_4^+ -N 和 SO_4^{2-} 对土壤微生物多样性的影响最大, 其次为 Cl^- 、 NO_3^- -N、 Mg^{2+} 和 Na^+ , Ca^{2+} 、TP 和 TK 的影响较小。LSS5、LSS6、MSS2、HSS3 和 HSS6 主要分布在第一象限, 受 Ca^{2+} 的制约作用最强。LSS1、LSS2、MSS1、MSS3、HSS1、HSS2 和 HSS4 主要分布在第三象限, 与 NO_3^- -N 的垂直投影点相近, 表明约束作用最强。LSS3、LSS4、

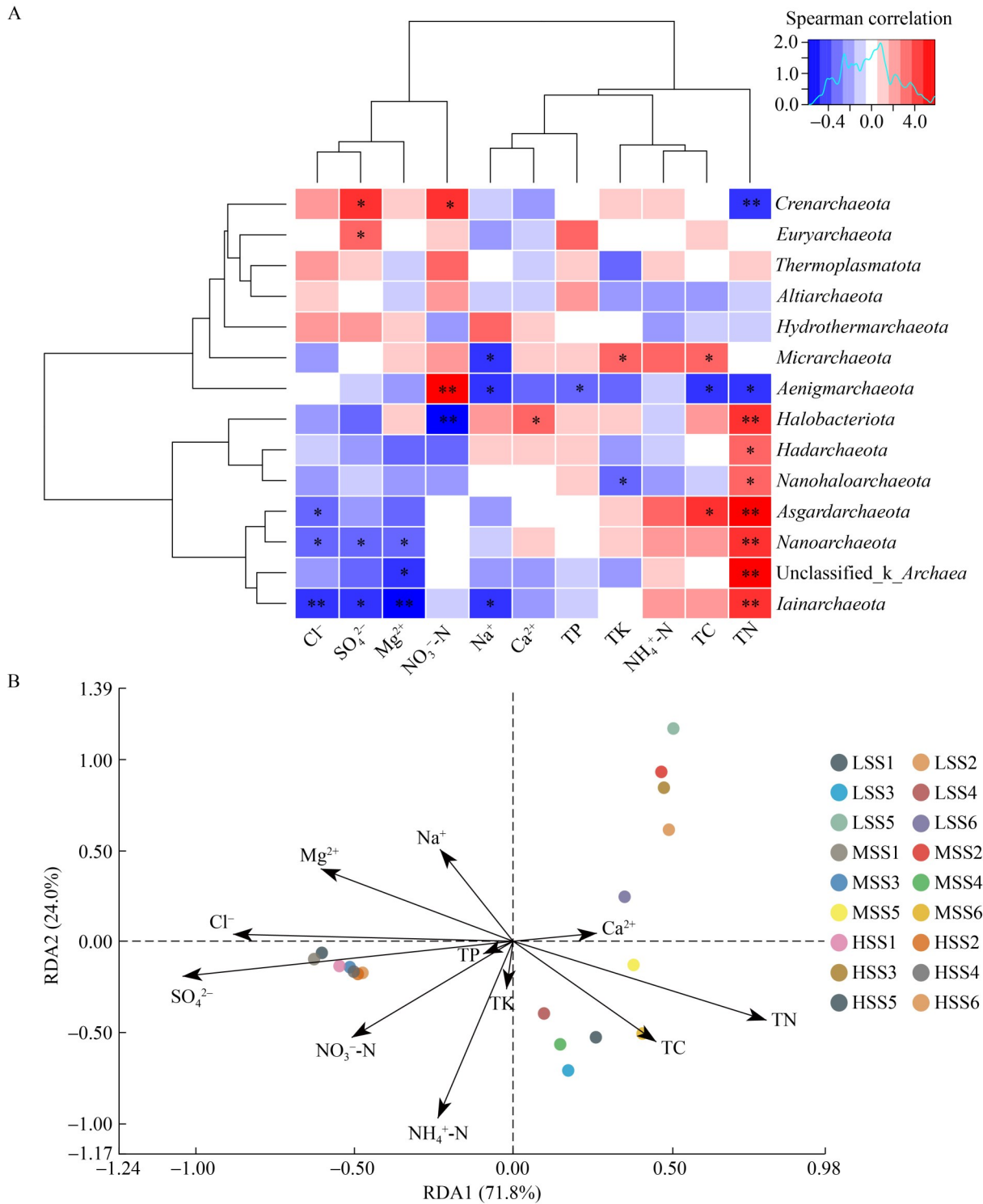


图6 土壤沉积物古菌群落与理化因子的相关性热图(A)和各组样品与理化因子的RDA分析(B)

Figure 6 Analysis of the correlation analysis between samples and physical and chemical factors. A: Heat map of correlation between archaeal communities and physicochemical factors in soil sediments (*: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$); B: RDA analysis between samples and soil physicochemical factors.

MSS4、MSS5、MSS6 和 HSS5 分布在第四象限，其中 TC 与 MSS5 和 MSS6 垂线投影点相近，表明制约作用最强。

3 讨论与结论

3.1 土壤沉积物中的古菌群落具有典型的硫酸钠型盐湖微生物的群落结构

本研究利用 Illumina 高通量测序技术研究了运城盐湖 18 组土壤沉积物样品的古菌多样性，对前期获得的 21 789 个 OTUs 所对应的序列进行分类学统计得出，18 组样品的微生物主要分布于 14 门 27 纲 37 目 51 科 102 属。多样性分析表明，MSS4 和 MSS6 的微生物丰度明显高于其他样品，而 Shannon 指数进一步显示 MSS4 和 MSS6 的群落结构更加丰富和均匀。这可能与 MSS4 和 MSS6 的土壤理化条件相对适宜，Cl⁻ 浓度相对较低有关，为更多微生物提供了生存空间。盐杆菌门(*Halobacteriota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)、蛭微菌门(*Nanobdellota*)、热原体门(*Thermoplasmatota*)和阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)是主要类群，其中盐杆菌门(*Halobacteriota*)和热变形菌门(*Thermoproteota*)为优势类群，这与同为硫酸钠型内陆湖泊的巴里坤湖微生物群落结构基本吻合^[24]。Liu 等^[25]在青藏高原湖泊沉积物的古菌群落中发现，产甲烷的甲烷杆菌门(*Methanobacteriota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)和盐杆菌门(*Halobacteriota*)为主要类群。Jiang 等^[26]以中国西北青藏高原的茶卡盐湖为研究对象，发现其沉积物中以热变形菌门(*Thermoproteota*)为主，甲烷杆菌门(*Methanobacteriota*)是高盐沉积物中的最重要类群。陈庆颖等^[27]研究运城黑泥微生物多样性发现，未灭菌的黑泥古菌门水平中同样以盐杆菌门(*Halobacteriota*)、热原体门(*Thermoplasmatota*)、阿斯加德古菌门(*Asgardarchaeota*)、蛭微菌门(*Nanobdellota*)为主。

各样品门水平间的类群差异较小，但在属水平上 18 组样品展现出明显的差异。盐脱硫古菌属(*Halodesulfurarchaeum*)在 HSS3 样品中占据主导地位，相对占比达 23.67%，而在 HSS4 样品中几乎未检测到。厌氧古菌属(*Halanaeroarchaeum*)为 HSS6 中的主导类群，相对占比达到 20.75%，而在除 HSS6、HSS3 和 LSS5 之外的样品中几乎未检测到(<0.02%)。盐红菌属(*Halorubrum*)在 MSS6 样品中的丰度最高(15.69%)，同样在除 MSS5、HSS3 及 HSS6 以外的样品中均几乎无法检测到。候选硝基宇宙菌属(*Candidatus_Nitrocosmicus*)在各个样品中的丰度均低于 0.07%。

样本中微生物群落的属水平分类存在显著的“未分类特征”：大量类群仅能被注释至科、目甚至门水平(如“unclassified_o_Halobacteriales”“unclassified_o_Woeseearchaeales”“unclassified_f_Nitrososphaeraceae”等)，未被精确分类到属的类群累计相对丰度可达较高比例(如从图 4B 中 others 及各类 unclassified 类群的累计占比超 50.00%)，表明该环境中存在丰富的未被充分认知的微生物多样性。这一现象可能与两方面因素相关：一方面，现有微生物参考 SILVA 数据库中许多环境微生物的基因组信息或 16S rRNA 基因序列尚未被完整收录，导致部分类群无法匹配到已知属级分类单元；另一方面，运城盐湖可能蕴含大量特有或未培养微生物，其分类学信息仍属空白。

从群落结构来看，这些未分类类群并非随机分布，而是在不同样本中呈现出特定的丰度差异[如 MSS2 样本中“unclassified_o_Halobacteriales”占比显著高于其他样本(73.71%)，LSS 组和 HSS 组中“unclassified_f_Nitrososphaeraceae”占比突出]，暗示其可能参与特定的生态功能或对环境因子存在响应，是群落中潜在的功能类群。因此，此类未分类类群的存在不仅反映了当前微生物分类学研究的局限性，也提示该生境具有

较高的微生物资源挖掘潜力, 后续可结合宏基因组、单细胞测序等技术进一步解析其分类地位与生态功能。

3.2 土壤理化因子对古菌群落多样性的影响

土壤的理化因子对古菌群落的多样性具有显著影响^[28], 因此结合理化因子指标分析不同样品间古菌群落多样性对于深入了解并开发运城盐湖具有重要意义。本研究结合 pH、TC、TN、TP、TK、TSS、Ca²⁺、Na⁺、Mg²⁺、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N、CO₃²⁻、Cl⁻和 SO₄²⁻共 14 种土壤理化参数对各样品以及门水平主要类群进行了相关性分析。结果表明, TN、TC、NH₄⁺-N 和 SO₄²⁻对土壤微生物多样性的影响最大, 其次为 Cl⁻、NO₃⁻-N、Mg²⁺和 Na⁺, Ca²⁺、TP 和 TK 的影响较小。LSS5、LSS6、MSS2、HSS3 和 HSS6 样本中的盐脱硫古菌属 (*Halodesulfurarchaeum*) 和厌氧古菌属 (*Halanaeroarchaeum*) 与 Ca²⁺因子呈正相关; 盐红菌属 (*Halorubrum*) 在样本 LSS5、MSS5、MSS6、HSS3 和 HSS6 中占比较高, 与 Ca²⁺、TN 和 TC 因子呈正相关; 亚硝化球菌科中未分类到属级别的类群 (*unclassified_f_Nitrososphaeraceae*) 在 LSS1、LSS2、MSS1、MSS3、HSS1、HSS2 和 HSS4 占比较高, 与 SO₄²⁻、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 等理化参数呈正相关, 受 Ca²⁺的制约作用明显, 在 LSS5、MSS2、HSS3 和 HSS6 样本中几乎无该类群 (<0.02%); 乌斯古菌目中未分类到属级别的类群 (*unclassified_o_Woearchaeales*) 在各样本中都有一定占比, 其中 LSS3、LSS4、MSS4、MSS5、MSS6 和 HSS5 中占比较高 (>19.01%), 与 TN 和 TC 呈正相关; 张欣等^[29]在对茶卡盐湖微生物多样性的研究中也表明, 盐湖古菌的群落分布受到诸多因素的综合制约影响, 且不同类群制约因素有所差异。与郭浩然等^[30]在研究

运城盐湖土壤微生物多样性及影响因素研究中发现 TN、TC 和 SO₄²⁻对土壤微生物多样性影响最大的结论基本吻合。

本研究通过对运城盐湖 18 种土壤沉积物样本的扩增子高通量测序, 结合多种土壤理化指标, 综合分析了运城盐湖土壤古菌的多样性及影响因素, 发现古菌群落组成以盐杆菌门 (*Halobacteriota*)、热变形菌门 (*Thermoproteota*)、蛭微菌门 (*Nanobdellota*)、热原体门 (*Thermoplasmata*) 和阿斯加德古菌门 (*Asgardarchaeota*) 为主要类群。发现 TN、TC、NH₄⁺-N 和 SO₄²⁻对土壤微生物多样性的影响最大, 其次为 Cl⁻、NO₃⁻-N、Mg²⁺和 Na⁺, Ca²⁺、TP 和 TK 的影响较小。本研究结果将为运城盐湖土壤古菌群落组成及影响因素提供新的认识, 以期对运城盐湖的纯培养物挖掘能够起到一定的参考。

作者贡献声明

魏嘉倅: 数据收集及分析、论文撰写和修改; 郭欣: 样品采集、测序、数据收集; 杨艳艳: 样品采集、数据分析; 王传旭: 参与论文讨论、提供技术支持; 王卓: 参与论文讨论、论文审阅; 杨静: 参与论文讨论、论文修改; 郭浩然: 参与论文修改; 李新: 研究构思和论文修改。

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] 李沛霖, 李力. 极端微生物及其应用研究进展[J]. 福建轻纺, 2024(2): 48-54.
- [2] Wang YQ, Bao GY. Diversity of prokaryotic microorganisms in alkaline saline soil of the Qarhan Salt Lake area in the Qinghai-Xizang Plateau[J]. Scientific Reports, 2022, 12: 3365.
- [3] Xu Y, Wang Z, Xue Y, Zhou P, Ma Y, Ventosa A, Grant WD. *Natrialba hulunbeirensis* sp. nov. and *Natrialba chahannaoensis* sp. nov., novel haloalkaliphilic archaea

- from soda lakes in Inner Mongolia Autonomous Region, China[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001, 51(5): 1693-1698.
- [4] 崔恒林. 新疆两盐湖可培养嗜盐古菌多样性与16S rRNA基因多态性[D]. 北京: 中国科学院微生物研究所, 2007.
- [5] 张现辉, 孔凡晶. 西藏扎布耶盐湖细菌多样性的免培养技术分析[J]. *微生物学报*, 2010, 50(3): 334-341.
Zhang XH, Kong FJ. Bacterial diversity in zabuye salt lake of Xizang by culture-independent approaches[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2010, 50(3): 334-341 (in Chinese).
- [6] 范华鹏, 薛燕芬, 曾艳, 周培瑾, 马延和. 西藏扎布耶茶卡盐碱湖古菌多样性的非培养技术分析[J]. *微生物学报*, 2003, 43(4): 401-408.
Fan HP, Xue YF, Zeng Y, Zhou PJ, Ma YH. Archaeal diversity of zabuye lake in Xizang analyzed by culture-independent approach[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2003, 43(4): 401-408 (in Chinese).
- [7] 罗明, 韩剑, 蒋平安, 武红旗. 新疆罗布泊地区可培养嗜盐细菌多样性[J]. *生物多样性*, 2009, 17(3): 288-295.
Luo M, Han J, Jiang PA, Wu HQ. Diversity of culturable halophilic bacteria isolated from Lop Nur region in Xinjiang[J]. *Biodiversity Science*, 2009, 17(3): 288-295 (in Chinese).
- [8] 李杨. 大连盐场与茶卡盐湖嗜盐古菌多样性及胞外蛋白酶研究[D]. 镇江: 江苏大学, 2018.
Li Y. Biodiversity and extracellular protease of haloarchaea isolated from Dalian marine solar saltern and Chaka salt lake[D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2018 (in Chinese).
- [9] Li CC, Liu T, Xu S, Gao XB, Wang YX. Groundwater salinization in shallow aquifers adjacent to a low-altitude inland salt lake: a case study at Yuncheng Basin, northern China[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2016, 75(5): 370.
- [10] 寇琳琳, 李振宏, 夏彩香, 韦利杰, 董晓朋, 王森, 崔加伟, 黄婷, 南德斌. 运城盐湖形成演化与盐离子来源[J]. *地质力学学报*, 2024, 30(6): 933-951.
Kou LL, Li ZH, Xia CX, Wei LJ, Dong XP, Wang S, Cui JW, Huang T, Nan DB. Formation and evolution of the Yuncheng Salt Lake and sources of the saline ions[J]. *Journal of Geomechanics*, 2024, 30(6): 933-951 (in Chinese).
- [11] Guo HR, Wang F, Yu HY, Wang CX, Wang Z, Fang BZ, Li X, Li WJ. *Yunchengibacter salinarum* gen. nov., sp. nov., a novel bacterium of the family *Kordiimonadaceae* isolated from sediment in Yuncheng salt lake[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2024, 118(1): 4.
- [12] Yu HY, Wei JT, Wang CX, Wang Z, Niu YJ, Li WJ, Fang BZ, Guo HR, Li X. *Pseudidiomarina salilacus* sp. nov., a novel bacterium of the genus *Pseudidiomarina* isolated from sediment in Yuncheng Salt Lake[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2025, 75(7): 006846.
- [13] Qiu XX, Zhao ML, Han D, Zhang WJ, Cui HL. *Halorubrum rubrum* sp. nov., an extremely halophilic archaeon from a Chinese salt lake[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2013, 104(5): 885-891.
- [14] Xu WD, Zhang WJ, Han D, Cui HL, Yang K. *Halorussus ruber* sp. nov., isolated from an inland salt lake of China[J]. *Archives of Microbiology*, 2015, 197(1): 91-95.
- [15] 张宇, 张婕, 郭东罡. 运城盐湖生物多样性研究: 过去、挑战与未来[J]. *新兴科学与技术趋势*, 2024, 3(4): 333-344.
Zhang Y, Zhang J, Guo DG. Research on biodiversity in Yuncheng salt lake: the past, the challenges, and the future[J]. *Emerging Science and Technology*, 2024, 3(4): 333-344 (in Chinese).
- [16] Yang X, Liu JJ, McGrouther K, Huang HG, Lu KP, Guo X, He LZ, Lin XM, Che L, Ye ZQ, Wang HL. Effect of biochar on the extractability of heavy metals (Cd, Cu, Pb, and Zn) and enzyme activity in soil[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23(2): 974-984.
- [17] Peng XH, Tamura K, Asano M, Takano A, Kawagoe M, Kamijo T. Changes in soil physical and chemical properties during vegetation succession on miyake-Jima island[J]. *Forests*, 2021, 12(11): 1435.
- [18] Lee JH, Park KS, Woo HJ. Characteristics of total carbon and total organic carbon using elemental analyzer in hyung-do intertidal zone sediments[J]. *Economic and Environmental Geology*, 2012, 45(6): 673-684.
- [19] 孙美美, 田丽, 乔紫薇, 张雪雅, 高泽文. 内蒙古砒砂岩地区沙棘根际和非根际土壤理化性质及真菌群落特征[J]. *微生物学报*, 2024, 64(6): 1747-1765.
Sun MM, Tian L, Qiao ZW, Zhang XY, Gao ZW. Physicochemical properties and fungal community characteristics of rhizosphere and non-rhizosphere soils of *Hippophae rhamnoides* in Pisha sandstone area of Inner Mongolia[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(6): 1747-1765 (in Chinese).
- [20] Rughöft S, Herrmann M, Lazar CS, Cesarz S, Levick SR, Trumbore SE, Küsel K. Community composition and abundance of bacterial, archaeal and nitrifying populations in savanna soils on contrasting bedrock material in Kruger National Park, South Africa[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1638.
- [21] Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJA, Holmes SP. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. *Nature Methods*, 2016, 13(7): 581-583.
- [22] Eldred LE, Thorn RG, Smith DR. Simple matching using QIIME 2 and RDP reveals misidentified sequences and an underrepresentation of fungi in reference datasets[J]. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12: 768473.
- [23] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J, Glöckner FO. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-

- based tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, 41(D1): D590-D596.
- [24] Cai WQ, Yu K, Yang WT, Mu R, Lian CN, Xie LH, Yan Y, Liao SB, Wang F. Prokaryotic community structure, abundances, and potential ecological functions in a Mars analog salt lake[J]. *Astrobiology*, 2023, 23(5): 550-562.
- [25] Liu YQ, Priscu JC, Xiong JB, Conrad R, Vick-Majors T, Chu HY, Hou JZ. Salinity drives archaeal distribution patterns in high altitude lake sediments on the Xizang Plateau[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, 92(3): fiw033.
- [26] Jiang HC, Dong HL, Yu BS, Liu XQ, Li YL, Ji SS, Zhang CL. Microbial response to salinity change in Lake Chaka, a hypersaline lake on Xizang Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(10): 2603-2621.
- [27] 陈庆颖, 马轲钊, 陈海兰, 李璐, 曹玉华, 李明. 运城盐湖黑泥微生物菌群结构及灭菌方式的影响分析[J]. *安徽农学通报*, 2025, 31(24): 87-94.
Chen QY, Ma KZ, Chen HL, Li L, Cao YH, Li M. Analysis of microbial community structure and sterilization methods in black mud of Yuncheng Salt Lake[J]. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2025, 31(24): 87-94 (in Chinese).
- [28] Zhang MM, Wang N, Hu YB, Sun GY. Changes in soil physicochemical properties and soil bacterial community in mulberry (*Morus alba* L.)/alfalfa (*Medicago sativa* L.) intercropping system[J]. *MicrobiologyOpen*, 2018, 7(2): e00555.
- [29] 张欣, 刘静, 沈国平, 龙启福, 韩睿, 朱德锐. 基于高通量测序研究青藏高原茶卡盐湖微生物多样性[J]. *微生物学通报*, 2017, 44(8): 1834-1846.
Zhang X, Liu J, Shen GP, Long QF, Han R, Zhu DR. Illumina-based sequencing analysis of microbial community composition in Chaka Salt Lake in Qinghai-Xizang Plateau[J]. *Microbiology China*, 2017, 44(8): 1834-1846 (in Chinese).
- [30] 郭浩然, 王帆, 田连祥, 王传旭, 李文均, 房保柱, 李新, 王卓. 山西运城盐湖土壤沉积物细菌多样性及影响因素分析[J]. *微生物学报*, 2024, 64(6): 1891-1905.
Guo HR, Wang F, Tian LX, Wang CX, Li WJ, Fang BZ, Li X, Wang Z. Bacterial diversity and influencing factors in soil sediments of Yuncheng Salt Lake, Shanxi[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(6): 1891-1905 (in Chinese).