网络出版时间:2025-12-05 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.06.011

黄河青海流域水体和底泥微生物多样性及其对环境因子的响应

杨闰艳,史国民,陶惠赟,李延灿,刘亚鹏,祁鹤兴
(青海大学 农牧学院,青海 西宁 810016)

[摘 要] 【目的】探究黄河青海流域水体和底泥微生物多样性、群落结构及其对环境因子的响应,为该流域生态保护和治理提供参考。【方法】从黄河青海流域6个不同海拔高度地区采集水体和底泥样本36份,基于Illumina MiSeq测序及生物信息学分析技术,从物种注释、群落多样性和组成分析及环境因子的角度探究微生物的多样性。【结果】从采集的36份水体和底泥样本中注释得到真菌18门181目1 010属,细菌56门454目1 588属。α和β多样性分析结果表明,真菌和细菌的Chao1指数、Shannon指数在不同海拔地区存在显著差异($P<0.05$),且细菌多样性显著高于真菌;海拔对水体细菌的影响较大,海拔越高,细菌多样性和物种组成相似度越高,且样本组间存在极显著差异($P<0.01$)。黄河青海流域水体和底泥微生物中,最优势真菌门为子囊菌门(Ascomycota),最优势细菌门为变形菌门(Proteobacteria);最优势真菌属为枝孢霉属(*Cladosporium*),最优势细菌属为蓝细菌属(*Cyanobium*_PCC-6307)。水体中厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度随着海拔的升高而增加,但枝孢霉属和链格孢属(*Alternaria*)的相对丰度随着海拔的升高逐渐下降。CCA/RDA分析结果表明,全磷(TP)、速效磷(AP)、速效钾(AK)含量和海拔对黄河青海流域水体和底泥微生物群落多样性有极显著影响($P<0.01$),为主要环境因子。【结论】在不同海拔地区,黄河青海流域水体及底泥中细菌的丰富度和多样性均高于真菌,其水体和底泥微生物群落的多样性受海拔和多种环境因子的影响,其中海拔对细菌多样性的影响更为显著,多因素综合作用决定了微生物群落的结构和功能。

[关键词] 黄河青海流域;微生物多样性;Illumina MiSeq测序;环境因子;黄河生态治理
[中图分类号] Q938.1^{+}1 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)06-0105-13

Microbial diversity in waters and sediments and its response to environmental factors in the Qinghai Basin of Yellow River

YANG Runyan, SHI Guomin, TAO Huiyun, LI Yancan, LIU Yapeng, QI Hexing
(*College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining, Qinghai* 810016, *China*)

Abstract: 【Objective】 This research aims to explore the microbial diversity, community structure of waters and sediments in the Qinghai Basin of the Yellow River and their responses to environmental factors, to provide references for ecological protection and governance in this basin. 【Method】 A total of 36 water and sediment samples were collected from six sites at different altitudes in Qinghai Basin of the Yellow River. Based on Illumina MiSeq sequencing and bioinformatics analysis, microbial diversity was explored from the perspectives of species annotation, community diversity, community composition analysis and environmental factors. 【Result】 In the 36 collected water and sediment samples, fungi of 18 phyla, 181 orders and 1 010 genera and bacteria of 56 phyla, 454 orders and 1 588 genera were annotated. The results of α and β diversity analysis indicated that

[收稿日期] 2025-04-11 [修回日期] 2025-06-20
[基金项目] 青海省重大科技专项(2023-NK-A3)
[作者简介] 杨闰艳(2001—),女(土族),青海海东人,在读硕士,主要从事微生物多样性研究。E-mail:3481209136@qq.com
[通信作者] 祁鹤兴(1990—),女,青海湟中人,副教授,博士,主要从事植物病原真菌及病害生物防治研究。
E-mail:qhx390495559@126.com

there were significant differences in the Chao1 index and Shannon index of fungi and bacteria at different altitudes ($P<0.05$), and the diversity of bacteria was significantly higher than that of fungi. Altitude showed a significant impact on bacteria in waters. With increasing altitude, the bacterial diversity and species composition similarity increased, and extremely significant differences were observed among sample groups ($P<0.01$). Among the microorganisms in the water and sediment in the Qinghai Basin of Yellow River, the most dominant phyla of fungi and bacteria were Ascomycota and Proteobacteria, respectively. The most dominant genera of fungi and bacteria were *Cladosporium* and *Cyanobium*_PCC-6307, respectively. The relative abundance of Firmicutes in waters increased with the increase of altitude, while the relative abundance of *Alternaria* and *Trichoderma* gradually decreased with the increase of altitude. The results of CCA/RDA analysis indicated that the contents of total phosphorus (TP), available phosphorus (AP), available potassium (AK), and altitude had extremely significant effects on the diversity of microbial communities in the water and sediment in the Qinghai Basin of Yellow River ($P<0.01$), making them the primary environmental factors.【Conclusion】At regions of different altitudes, the richness and diversity of bacteria in the water and sediment in the Qinghai Basin of Yellow River are higher than those of fungi. The diversity of the microbial communities in the water and sediment is affected by altitude and various environmental factors, among which altitude has a more significant impact on bacterial diversity. The combined effect of these factors determines the structure and function of the microbial communities.

Key words: Qinghai Basin of Yellow River; microbial diversity; Illumina MiSeq sequencing; environmental factor; ecological governance of Yellow River

黄河作为中国的母亲河,是重要的水源涵养区,其流域生态健康状况对整个生态系统具有重要意义,也对维持健康的黄河生态流量具有重要的管理价值[1]。青海省位于青藏高原东北部,属于高原大陆性气候,具有独特的自然地理环境,如海拔高、气温低、氧分浓度低、干燥及紫外线强等。黄河青海流域是位于青海省境内的黄河流域部分,包括青海省境内的黄河干流及其支流所覆盖的区域。因此,在极端环境影响下,黄河青海流域地区的微生物群落可能具有独特的生存适应能力和群落组成差异。

青海高原为黄河源头,对黄河青海流域水体和底泥微生物多样性的研究有助于理解其生态功能及生物地球化学循环。水体是被水覆盖地段的自然综合体,不仅包括水本身,还涵盖水中溶解物质、悬浮物、水生生物等[2-3]。水体中的微生物在生态系统中扮演着重要角色,不仅参与碳、氮、磷和硫等物质的循环过程,还对维持水体生态平衡和生物修复具有重要作用[4]。此外,微生物的组成和数量变化可以反映水质状况,特别是病原菌的存在,通过监测水体中特定微生物的种类和数量,可以评估水体的微生物安全性,从而保护公共健康[5]。底泥是河湖生态系统的重要组成部分,是由泥沙、黏土、有机质以及各种矿物质,经过长期的固相吸附及沉降等作用,在水体传输过程中逐渐沉积于底部而形成的混合物,通过接纳并蓄积了大量的溶解性有机物、营养盐和重金属等,成为记录河流周边人类生产、生活的档案[6-7]。水体和底泥微生物是水域生态系统的重要组成部分,微生物多样性与水质状况密切相关,其群落结构的变化对水质污染及污染物积累有显著响应。陈桂鲜等[8]研究表明,环境压力会导致微生物多样性显著降低,说明微生物多样性可以作为环境健康变化的早期预警信号。因此,水体和底泥中微生物的多样性是衡量水生生态系统稳定性的重要指标之一。

为适应各种生境,微生物衍生出腐生、寄生、共生等多样的生存策略,在生物地球化学循环、生态系统演替与稳定性、环境修复以及人类健康等方面发挥着重要作用[9]。作为生态系统的基础和核心组成部分,微生物群落与生态系统功能息息相关[10]。水体和底泥微生物包括细菌、真菌、病毒、原生动物和显微藻类等[11],在水生生态系统中扮演着至关重要的角色。其中,底泥微生物是底泥污染物降解的主要动力,通过驱动水体和底泥的物质能量循环来调控营养物质的储存和分布,对水体营养水平的调节有重要作用[12]。

在自然界中,大多数微生物无法通过人工培养,传统的分离鉴定方法不仅费时费力,且只能检测可培养微生物[13]。近年来,Illumina Miseq测序技术因错误率低、性价比高、运行速度快、灵活性好等优点,被广泛应用于环境样品中微生物多样性的研

究[14-15]。目前，黄河青海流域不同海拔高度下水体和底泥微生物多样性、群落结构、种类和数量尚不明确，也未见关于环境因子对微生物多样性和群落结构影响的报道。因此，本研究通过 Illumina Miseq 测序及生物信息学技术，分析黄河青海流域不同海拔高度水体和底泥微生物的多样性、群落结构及环境因子对微生物的影响，旨在为后期深入研究该流域水体和底泥微生物的多样性提供参考。

1　材料与方法

1.1　样本来源

2024 年 7 月，分别从青海省化隆县牙什尕镇、共和县龙羊峡镇、玛沁县拉加镇、久治县智青松多镇、达日县建设乡和玛沁县扎陵湖乡 6 个不同海拔高度地区，采集黄河流域距岸边 5 m、深度 1 m 的水体样本各 2 L，置于无菌塑料瓶中；再使用底泥采样器采集距岸边 5 m 的底泥样本各 500 g，置于无菌塑料罐中，具体采样信息详见表 1。采集水体和底泥样本各 6 组，每个样本 3 个重复。水体和底泥样本置于 4 ℃车载冰箱，及时运回实验室置于－80 ℃冰箱保存备用。

1.2　试验方法

1.2.1　水体和底泥样本 DNA 的提取与 PCR 扩增　使用真空抽滤装置抽滤水体样本[16]，收集沉淀物置于－80 ℃保存备用。分别准确称取 0.2 g 水体样本沉淀物和底泥样本，使用 E.Z.N.A. 土壤 DNA 提取试剂盒提取其基因组 DNA，用 1% 琼脂糖凝胶电泳测定 DNA 提取物[17]，使用 NanoDrop2 000 紫外分光光度计测定 DNA 的浓度和纯度[18]。利用 ABI GeneAmp®9700 PCR 仪，使用引物 ITS1F（5′-CTTGGTCCATTTAGGAGTAA-3′）和 ITS2R（5′-GCTGGTTCTTCATCGATGC-3′）进行真菌 ITS1 序列扩增；利用引物 338F（5′-ATCTACGGGAGGCAGCAG-3′）和 806R（5′-GCATACHVGGGTWTCTAAT-3′）进行细菌 16S rRNA V3－V4 区序列扩增[19]。使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物，利用 DNA 凝胶回收纯化试剂盒（PCR Clean-Up Kit）回收纯化产物，并使用 Qubit 4.0 荧光定量仪对回收产物进行定量检测。

表 1　黄河青海流域采集的水体和底泥样本信息

Table 1　Information on water and sediment samples collected in the Qinghai Basin of Yellow River

采样地点 Sampling site	采样时间 Sampling time	样本名称 Sample ID	经纬度 Longitude and latitude	海拔/m Altitude
化隆县牙什尕镇 Yashiga Town Hualong County	2024-07-22	S_1988 D_1988	36°6′6.64″ N，101°53′19.57″ E	1 998.1
共和县龙羊峡镇 Longyangxia Town Gonghe County	2024-07-23	S_2592 D_2592	36°10′41.81″ N，100°48′26.18″ E	2 592.2
玛沁县拉加镇 Lajia Town Maqin County	2024-07-26	S_3089 D_3089	34°41′18.11″ N，100°39′03.00″ E	3 089.1
久治县智青松多镇 Zhiqing Songduo Town Jiuzhi County	2024-07-27	S_3522 D_3522	33°40′47.01″ N，101°33′11.22″ E	3 522.0
达日县建设乡 Jianshe Township Dari County	2024-07-31	S_4027 D_4027	33°43′31.18″ N，99°20′26.43″ E	4 027.0
玛沁县扎陵湖乡 Zhaling Lake Township Maqin County	2024-07-29	S_4301 D_4301	34°52′18.06″ N，97°10′29.98″ E	4 301.4

注：样本名称中 S 代表水体，D 代表底泥。

Note：S in the sample name stands for water，and D for sediment.

1.2.2　Illumina MiSeq 测序　将纯化的 PCR 扩增产物在 Illumina MiSeq 平台进行双向测序，测序由上海美吉生物科技有限公司完成，原始数据上传至 NCBI SRA 数据库，登录号为：PRJNA1218294。

将 ITS1 和 16S rRNA 基因测序原始 reads 进行多路分解，使用 fastp（v 0.19.6）[20]进行质量过滤，并使用 FLASH（v 1.2.11）[21]进行拼接；使用 UPARSE（v 7.1）[22]对相似度为 97% 的序列进行 OTU 聚类，并识别和删除嵌合序列；使用 RDP Classifier（v 2.2）[23]对序列进行物种分类注释，在 UNITE ITS（v 8.0）数据库和 Silva 16S rRNA（v 138）数据库进行比对，置信阈值为 0.7。采用 mothur 软件[5]在 OTU 水平上分析微生物的丰富度和多样性指数，将占比小于 0.01% 的分类群归为其他。

1.3　测定指标及方法

底泥 pH 采用电位法[24]测定；全氮（TN）含量采用半微量凯氏定氮法[25]测定；全磷（TP）、全钾（TK）含量采用氢氧化钠熔融法[26]测定；速效氮

(AN)含量采用NaOH碱解扩散法测定;速效磷(AP)含量用双酸浸提-钼锑抗比色法测定;速效钾(AK)含量采用醋酸铵浸提-火焰光度计法[27]测定;有机质(OM)含量采用重铬酸钾-浓硫酸高温外热法[28]测定。

1.4 数据处理与分析

使用Microsoft Excel 2016对获得的试验数据进行初步整理,采用IBM SPSS Statistics V24.0中单因素方差分析对不同样品进行差异显著性分析,使用PCA分析(主成分分析)检验样本间微生物群落结构的相似性,使用python(v 2.7.10)进行物种Venn图分析;采用Source tracker[29]软件追踪微生物来源,分析各分类水平上微生物群落结构组成,采用冗余分析或正则对应分析(RDA或CCA)[30],评估土壤理化指标对土壤微生物群落结构的影响。

2 结果与分析

2.1 黄河青海流域水体和底泥微生物测序结果及其α多样性

对36份水体和底泥样本进行Illumina MiSeq测序,得到真菌优化序列2 200 007条,碱基序列563 600 925条,平均序列长度为258 bp;通过物种注释,得到真菌18门181目1 010属。得到细菌优化序列1 951 882条,碱基序列815 158 126条,平均序列长度为417 bp;通过物种注释,得到细菌56门454目1 588属。

对12组水体和底泥样本进行微生物α多样性分析,结果(表2和表3)表明真菌和细菌的覆盖率均为100%,说明测序数据能够完整、真实地反映样本中微生物群落的丰富度和多样性。由表2可知,样本S_3522的ACE指数、Chao1指数显著高于其他样本,说明该样本的真菌物种丰富度显著高于其他样本;样本S_3089的Shannon指数显著高于其他样本,而样本D_1998的Simpson指数显著低于其他样本,说明S_3089和D_1998样本中的真菌群落多样性显著高于其他样本。此外,同一海拔地区水体样本中的真菌ACE指数、Chao1指数均高于底泥样本,说明水体真菌群落的丰富度高于底泥;而底泥样本中的Shannon指数、Simpson指数均高于水体,说明底泥真菌群落的多样性高于水体。

表2 黄河青海流域水体和底泥中真菌的多样性指数

Table 2 Fungal diversity index of waters and sediments in the Qinghai Basin of Yellow River

样本名称 Sample ID	ACE指数 ACE index	Chao1指数 Chao1 index	Shannon指数 Shannon index	Simpson指数 Simpson index	覆盖率/% Coverage rate
S_1998	173.38±42.59 c	173.11±42.30 c	2.19±0.15 b	0.25±0.02 b	100
S_2592	98.90±4.41 d	99.21±5.08 d	1.20±0.02 c	0.46±0.02 a	100
S_3089	321.02±43.49 ab	319.68±42.95 ab	3.08±0.34 a	0.17±0.06 b	100
S_3522	379.52±63.39 a	380.80±66.49 a	2.36±0.22 b	0.20±0.09 b	100
S_4027	254.49±16.99 b	252.41±16.51 b	2.36±0.22 b	0.24±0.05 b	100
S_4301	108.73±33.09 cd	107.66±32.94 cd	1.26±0.43 c	0.46±0.12 a	100
D_1998	192.11±17.68 a	192.68±17.47 a	2.97±0.52 a	0.15±0.09 b	100
D_2592	22.00±27.62 b	27.67±22.03 c	1.64±0.74 b	0.33±0.13 a	100
D_3089	29.00±25.94 b	37.00±13.00 c	2.27±0.25 ab	0.19±0.05 ab	100
D_3522	75.17±9.71 b	75.00±9.54 c	2.19±0.33 ab	0.26±0.06 ab	100
D_4027	137.25±66.53 a	136.94±65.98 b	2.55±0.27 a	0.19±0.03 ab	100
D_4301	31.33±29.67 b	41.67±15.14 c	1.63±0.49 b	0.34±0.11 a	100

注:同列数据后不同小写字母表示不同水体或底泥样本间差异显著($P<0.05$)。表3和表4同。

Note: Different lowercase letters of the data in the same column indicate significant differences among different water or sediment samples ($P<0.05$). The same as in table 3 and table 4.

由表3可知,样本S_3522和S_4027的ACE指数、Chao1指数均显著高于其他样本,说明这2个样本中细菌的物种丰富度显著高于其他样本;样本D_1998的ACE指数、Chao1指数和Shannon指数均显著高于其他样本,而样本S_2592的Simpson指数显著低于其他样本,说明D_1998和S_2592样本中的细菌群落多样性显著高于其他样本。

2.2 黄河青海流域水体和底泥微生物主成分分析

对黄河青海流域12组水体和底泥样本的微生物在属水平上进行主成分分析(PCA)。真菌PCA结果(图1-A)表明,PC1和PC2的方差贡献率分别为11.31%和8.98%,累计方差贡献率为20.29%,组间差异检验为$R=0.432\ 9$,$P=0.001$,说明样本间存在显著差异。除样本S_3089和S_3522外,其

余 10 组样本在 PC1 轴上均为负值，表明这 10 组样本物种组成差异较小；样本 S_3089 在 PC2 轴上为正值，样本 S_3522 与其相反，表明样本 S_3089 和 S_3522 真菌群落结构差异极显著。

表 3　黄河青海流域水体和底泥中细菌的多样性指数

Table 3　Bacterial diversity index of waters and sediments in the Qinghai Basin of Yellow River

样本名称 Sample ID	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	覆盖率/% Coverage rate
S_1998	275±15.50 c	275±15.50 c	3.61±0.14 d	0.07±0.01 b	100
S_2592	247±9.17 c	247±9.17 c	2.82±0.13 e	0.15±0.02 a	100
S_3089	456±11.93 b	456±11.93 b	4.29±0.07 c	0.03±0.01 c	100
S_3522	595±41.00 a	595±41.00 a	4.84±0.19 ab	0.02±0.01 c	100
S_4027	560±25.38 a	560±25.38 a	4.88±0.16 a	0.02±0.01 c	100
S_4301	462±29.82 b	462±29.82 b	4.63±0.09 b	0.02±0.01 c	100
D_1998	578±12.86 a	578±12.81 a	5.16±0.04 a	0.01±0.01 b	100
D_2592	556±24.79 ab	556±24.79 ab	5.10±0.16 ab	0.01±0.01 b	100
D_3089	543±16.52 ab	543±16.52 ab	5.01±0.02 abc	0.01±0.01 b	100
D_3522	532±0.58 b	532±0.58 b	4.90±0.11 bc	0.01±0.01 b	100
D_4027	561±36.77 ab	561±36.77 ab	5.10±0.17 ab	0.01±0.01 b	100
D_4301	387±28.01 c	387±28.01 c	4.43±0.07 d	0.03±0.01 a	100

细菌 PCA 结果（图 1-B）显示，PC1 和 PC2 的方差贡献率分别为 11.16% 和 9.89%，累计方差贡献率为 21.05%，组间差异检验 R=0.922 9，P=0.001，说明样本间存在极显著差异。样本 D_2592、D_3089 在 PC1 轴上为负值，而其余样本在 PC1 轴上均为正值，表明 D_2592、D_3089 与其余样本间细菌群落结构差异极显著，且除样本 D_2592 和 D_3089 外，其余样本间的物种相似度较高。

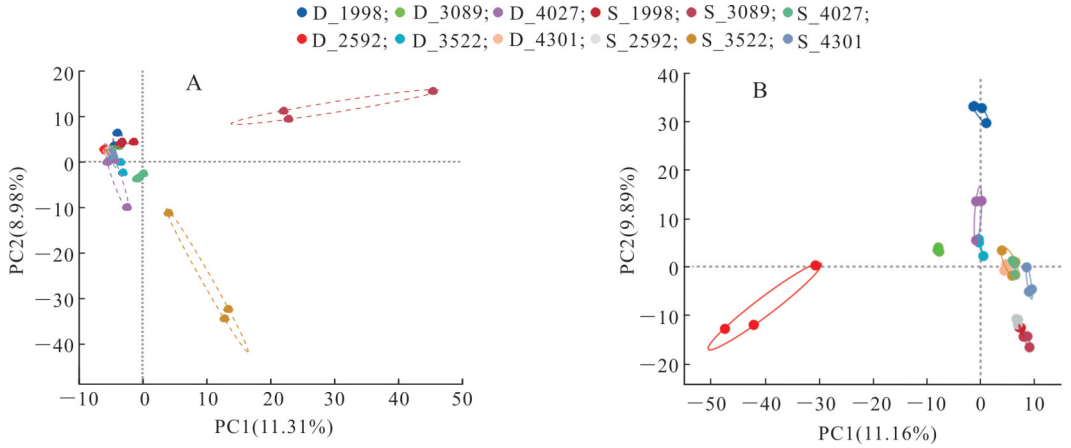


图 1　黄河青海流域水体和底泥微生物真菌（A）和细菌（B）主成分分析

Fig. 1　PCA of microbial fungi (A) and bacteria (B) in the waters and sediments in the Qinghai Basin of Yellow River

2.3　黄河青海流域水体和底泥微生物物种的 Venn 图分析

根据 97% 的相似度对抽平后的序列在属水平上进行 OTU 聚类分析，结果如图 2 所示。由图 2-A 可知，12 组样本共得到 405 个真菌 OTU，共有真菌 OTU 15 个，占真菌 OTU 总数的 3.7%。其中样本 S_3098 和 S_3522 中特有的 OTU 数量较多，分别占 OTU 总数的 25.2% 和 26.9%；样本 S_4301、D_4301 和 D_3522 中特有的 OTU 数量最少，均占 OTU 总数的 0.98%。

由图 2-B 可知，12 组样本共得到 499 个细菌 OTU，共有细菌 OTU 125 个，占细菌 OTU 总数的 25.1%。其中样本 D_2592 中特有的 OTU 数量最多，占 OTU 总数的 15.6%；样本 S_2592 和 D_4301 中特有的 OTU 数量较少，分别占 OTU 总数的 3.0% 和 2.6%。

2.4　黄河青海流域水体和底泥微生物群落的组成

黄河青海流域水体和底泥真菌在门和属水平上的相对丰度如图 3 和图 4 所示。由图 3 可知，在门分类水平上，黄河青海流域水体和底泥微生物主要优势真菌有 5 门，分别为 Fungi_*phy*_*Incertae*_*sedis*、unclassified_*k*_Fungi、子囊菌门（Ascomycota）、担子

菌门(Basidiomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)。其中子囊菌门在样本 D_4301 中相对丰度最高,为 44.23%;担子菌门和罗兹菌门在样本 D_4027 中相对丰度最高,分别为 6.70% 和 13.86%。

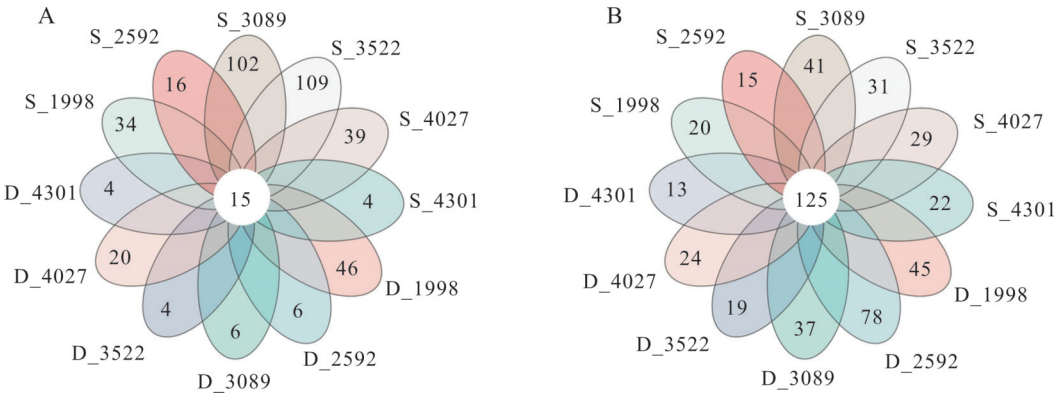


图 2 黄河青海流域水体和底泥微生物真菌(A)及细菌(B)物种 Venn 图

Fig. 2 Venn map of microbial fungi (A) and bacteria (B) species in the waters and sediments in the Qinghai Basin of Yellow River

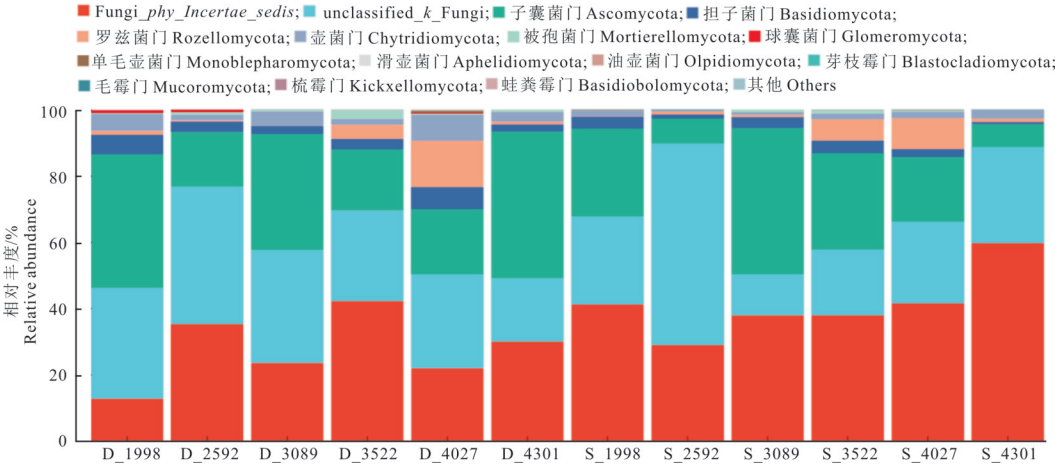


图 3 黄河青海流域水体和底泥真菌在门水平上的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of fungi in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin at the phylum levels

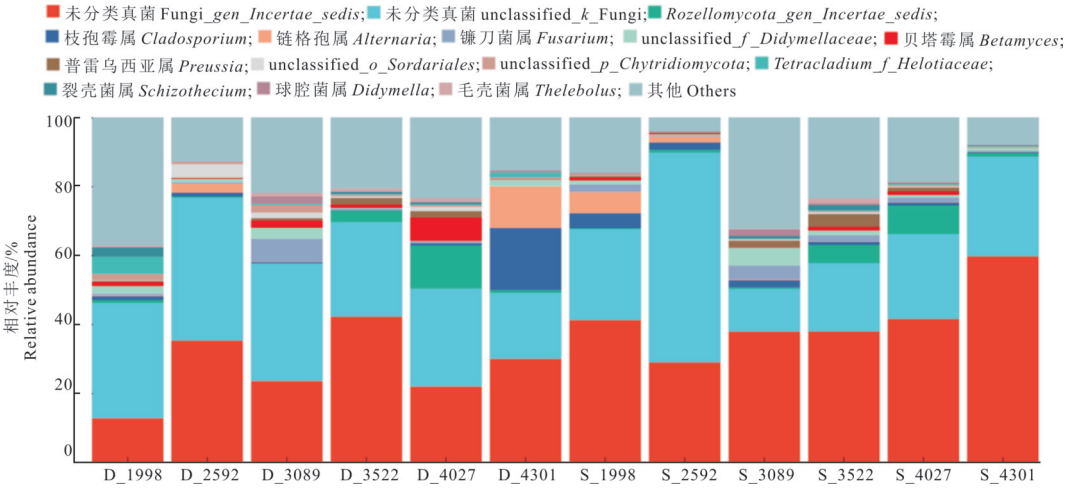


图 4 黄河青海流域水体和底泥真菌在属水平上的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of fungi in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin at the genus levels

由图 4 可知,在属分类水平上,黄河青海流域水体和底泥微生物主要优势真菌有 5 属,分别为 Fungi_*gen_Incertae_sedis*、unclassified_*k*_Fungi、*Rozellomycota_gen_Incertae_sedis*、枝孢霉属(*Cladosporium*)和链格孢属(*Alternaria*)。其中枝孢霉属在样本 D_4301 中相对丰度最高,为 18.07%;其在水体

中的相对丰度随海拔升高而逐渐下降，在底泥中的相对丰度随海拔升高呈先下降后上升趋势。链格孢属在样本 D_4301 中相对丰度最高，为 12.09%；其在水体中的相对丰度随海拔升高逐渐下降，而在底泥中的相对丰度随海拔升高呈先上升后下降再上升趋势。

由图 5 可知，变形菌门（Proteobacteria）、放线菌门（Actinobacteriota）、拟杆菌门（Bacteroidota）、酸杆菌门（Acidobacteriota）和蓝细菌门（Cyanobacteria）为黄河青海流域水体和底泥微生物相对丰度较高的优势门。其中变形菌门在样本 S_3522 中的相对丰度最高，为 63.51%；放线菌门在样本 S_1998 中的相对丰度最高，为 38.41%；拟杆菌门在样本 S_2592 中的相对丰度最高，为 22.43%；酸杆菌门在样本 D_3522 中的相对丰度最高，为 12.89%；蓝细菌门在样本 S_2592 中的相对丰度最高，为 35.03%；厚壁菌门在水体中的相对丰度随海拔的升高而增加。

由图 6 可知，在属水平上，蓝细菌属、unclassified_*f_Comamonadaceae*、*Limnohabitans*、*CL*500-29_*marine*_group 和 *hgcI_clade* 为相对丰度较高的优势属。其中蓝细菌属在样本 S_2592 中的相对丰度最高（32.21%），其在水体中的相对丰度随海拔升高呈先上升后下降再上升趋势；*Limnohabitans* 在样本 S_3089 中的相对丰度最高（12.16%）；*hgcI_clade* 在样本 S_1998 中的相对丰度最高（17.87%），且随海拔升高逐渐减少。

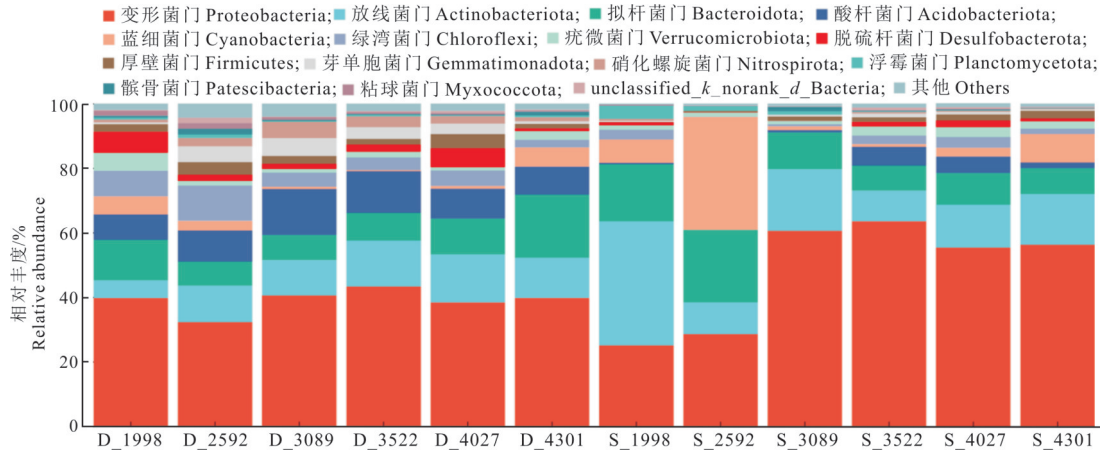


图 5　黄河青海流域水体和底泥细菌在门水平上的相对丰度

Fig. 5　Relative abundance of bacteria in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin at the phylum levels

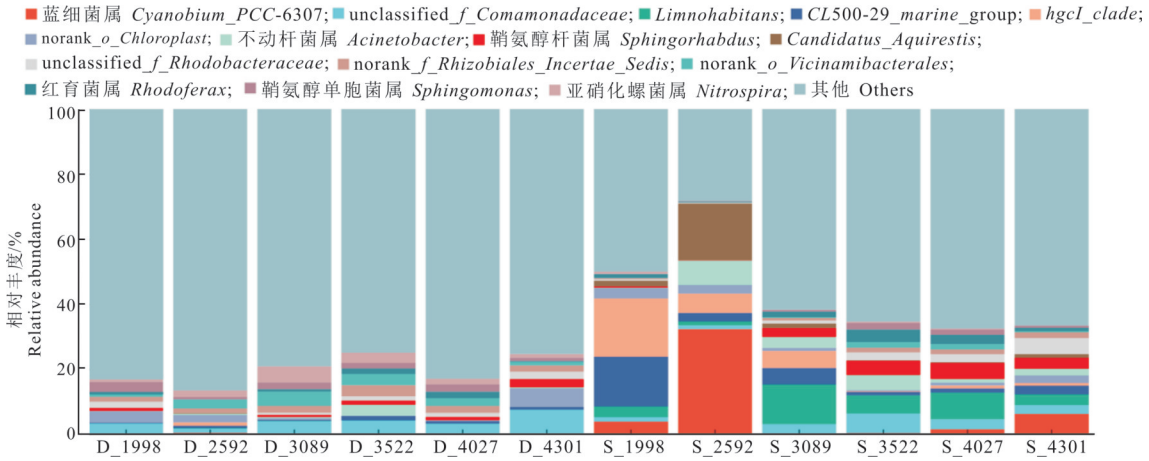


图 6　黄河青海流域水体和底泥细菌在属水平上的相对丰度

Fig. 6　Relative abundance of bacteria in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin at the genus levels

2.5　黄河青海流域水体和底泥微生物的 LEfSe 物种差异

对黄河青海流域 6 个不同海拔地区采集的水体和底泥微生物进行 LEfSe 物种差异性分析（LDA＞3.5，$P<0.05$），真菌 LDA 分析结果（图 7）表明，在门分类水平上，子囊菌门、罗兹菌门分别在样本 D_1998 和 D_4027 中显著富集；在属分类水平上，黑粉菌属（*Filobasidium*）在样本 D_2592 中显著富集。

细菌LDA分析结果(图8)表明,在目分类水平上,根瘤菌目(Rhizobiales)在样本D_3522中显著富集;在门分类水平上,厚壁菌门、酸杆菌门、绿湾菌门(Chloroflexi)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、变形菌门、蓝细菌门、放线菌门分别在样本D_4027、D_3089、D_2592、D_1998、S_3522、S_2592、S_1998中显著富集;在属分类水平上,海鞘氨醇杆菌属(*Sphingorhabdus*)在样本S_4027中显著富集。

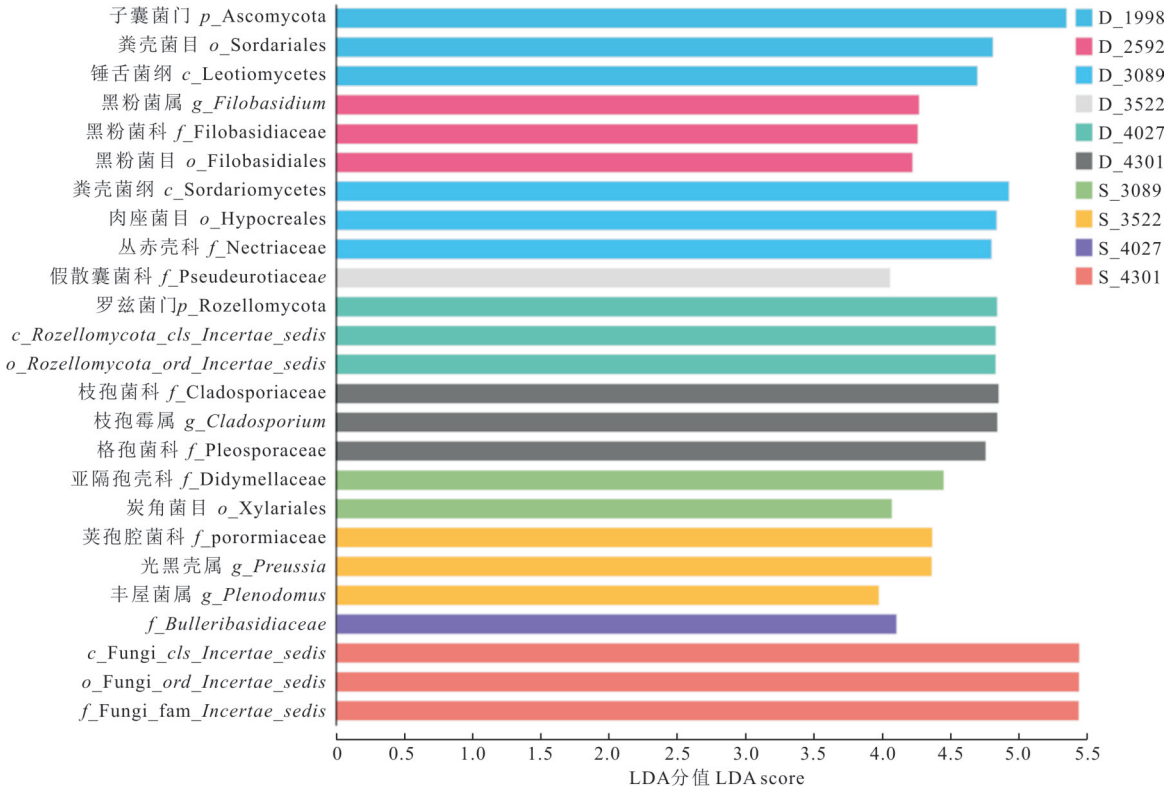


图7 黄河青海流域水体和底泥微生物真菌LDA判别图

Fig. 7 LDA discrimination map of microbial fungi in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin

2.6 黄河青海流域底泥基本理化因子及其与微生物群落的相关性

对黄河青海流域6个不同海拔地区采集的底泥样本进行基本理化因子测定,结果如表4所示。由表4可知,样本D_1998的全氮和全磷含量显著高于其他样本,样本D_4301的全氮和全磷含量显著低于其他样本;D_3089的全钾含量显著高于其他样本,D_4301的全钾含量显著低于其他样本;D_1998的速效氮、速效磷和速效钾含量显著高于其他样本,D_2592的速效氮含量最低,D_4027的速效磷和速效钾含量最低;样本D_1998的有机质含量最高(14.69 g/kg),其次是D_3522(12.57 g/kg),D_3089的有机质含量最低;D_1998的pH为7.73,偏中性,其余地区底泥的pH均大于8,偏碱性。

通过CCA或RDA分析明确底泥样本基本理化性质与微生物群落组成之间的相关性,结果见图9。图9-A表明,两主坐标分别解释21.02%和12.05%的真菌群落与底泥环境因子的关系,共解释属水平33.07%的分布差异。除样本D_1998外,其余样本集中在原点附近,说明这些样本在CCA1和CCA2所代表的环境变量的综合作用下,具有相似的特征,且均与pH和海拔呈正相关。样本D_1998的真菌群落组成与有机质、全氮、速效氮、速效钾、速效磷含量呈正相关。pH、海拔以及全氮、全磷、速效磷、速效钾、速效氮含量对真菌物种分布有极显著影响($P<0.01$),有机质含量对真菌物种分布影响显著($P<0.05$),而全钾含量对真菌物种分布影响不明显。

由图9-B可知,两主坐标分别解释34.67%和16.76%的细菌微生物群落与环境因子的关系,共解释细菌属水平51.43%的分布差异。样本D_1998与速效钾、速效磷含量呈正相关,D_2592与全磷、全钾含量呈正相关,D_3089、D_3522、D_4027均与pH呈正相关。全磷、全钾、速效钾含量及海拔对细菌物种分布有极显著影响($P<0.01$),速效磷含量对细菌物种的分布影响显著($P<0.05$),pH以

及全氮、速效氮、有机质含量对细菌物种分布影响　　不明显。

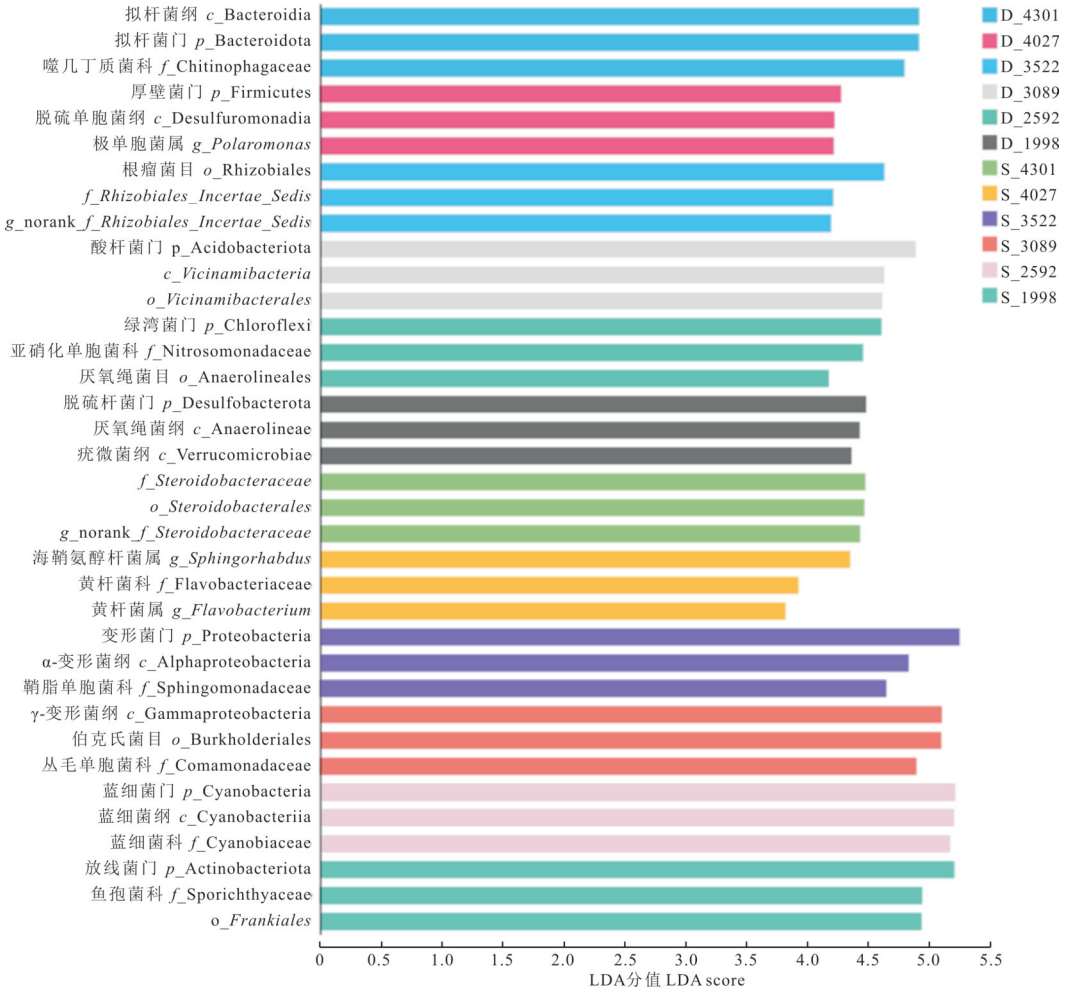


图 8　黄河青海流域水体和底泥微生物细菌 LDA 判别图

Fig. 8　LDA discrimination map of microbial bacteria in the waters and sediments of the Yellow River Qinghai Basin

表 4　黄河青海流域底泥的基本理化因子测定结果

Table 4　Determination results of basic physicochemical factors of sediments in the Yellow River Qinghai Basin

样本名称 Sample ID	全氮含量/(g·kg^{-1}) TN content	全磷含量/(g·kg^{-1}) TP content	全钾含量/(g·kg^{-1}) TK content	速效氮含量/(mg·kg^{-1}) AN content
D_1998	0.88±0.01 a	0.75±0.01 a	8.47±0.06 b	98.33±0.15 a
D_2592	0.25±0.01 d	0.54±0.01 bc	7.92±0.27 c	13.28±0.59 d
D_3089	0.24±0.00 d	0.56±0.00 b	9.31±0.05 a	14.65±0.61 d
D_3522	0.57±0.00 b	0.51±0.01 c	8.00±0.19 c	44.65±1.34 b
D_4027	0.28±0.00 c	0.51±0.01 c	6.66±0.08 d	22.45±0.79 c
D_4301	0.20±0.01 e	0.33±0.01 d	4.74±0.11 e	14.32±0.39 d

样本名称 Sample ID	速效磷含量/(mg·kg^{-1}) AP content	速效钾含量/(mg·kg^{-1}) AK content	有机质含量/(g·kg^{-1}) OM content	pH
D_1998	7.29±0.14 a	122.17±2.79 a	14.69±0.26 a	7.73±0.01 e
D_2592	4.97±0.02 bc	67.87±0.00 b	3.96±0.12 de	8.83±0.01 a
D_3089	4.88±0.10 c	67.88±0.01 b	3.67±0.04 e	8.82±0.00 a
D_3522	5.25±0.12 b	57.93±0.05 c	12.57±0.11 b	8.21±0.01 d
D_4027	4.00±0.05 d	57.90±0.03 c	5.05±0.18 c	8.28±0.01 c
D_4301	5.03±0.07 bc	57.91±0.02 c	4.18±0.11 d	8.66±0.01 b

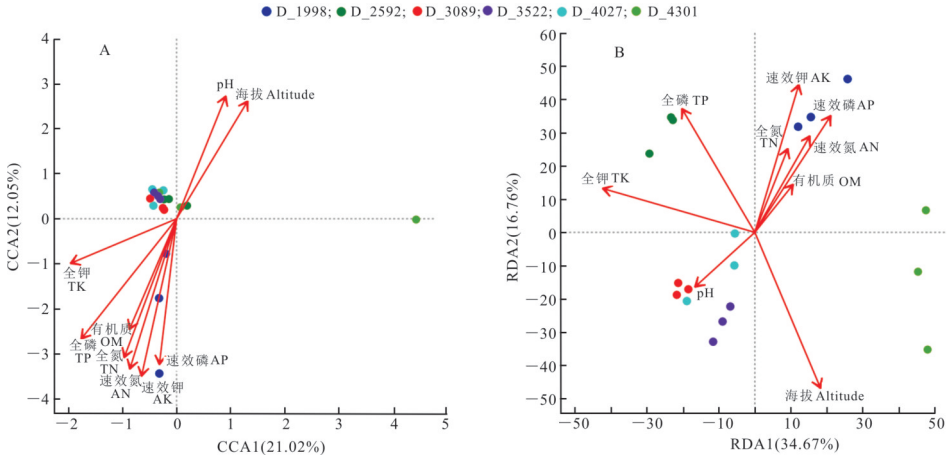


图 9 黄河青海流域底泥真菌(A)和细菌(B)CCA 或 RDA 分析

Fig. 9 CCA or RDA analysis of fungi (A) and bacteria (B) in the sediments of the Yellow River Qinghai Basin

3 讨论与结论

黄河流域是中国水流域的重要组成部分,对生态安全具有重要影响。青海省作为黄河的源头区和干流区,每年向中下游地区输出约 264.3 亿 m^3 的优质源头活水,是最大的水源涵养和产流区,对黄河流域水资源可持续开发利用具有决定性影响[31]。作为一种特殊的生物环境,底泥是各种微生物参与物质交换且具有高度生物活性的区域,是水体的重要组成部分。作为环境物质的重要宿体,底泥时刻与上层水体进行能量和物质交换[32-33]。明确水体和底泥中微生物群落分布特征,对于阐明微生物群落与其生境的关系,有针对性地开展污染系统的生物修复具有重要意义[34]。

微生物群落在驱动多种生态系统功能和生态过程方面发挥着核心作用,目前越来越多的研究倾向于 Illumina Miseq 测序技术分析微生物多样性[35]。基于此,本研究利用 Illumina Miseq 测序技术,对黄河青海流域不同海拔地区水体和底泥微生物多样性进行探究,旨在揭示微生物多样性、群落结构及其与环境因子的相互作用。对 12 份底泥和水体样本进行 Illumina Miseq 测序,物种注释得到真菌 18 门 181 目 1 010 属,细菌 56 门 454 目 1 588 属,表明黄河青海流域水体和底泥中细菌占主导地位。该结果与袁雅姝等[36]对北方水厂清水池底泥微生物菌群结构的研究结果基本一致。α 多样性分析结果表明,在同一海拔地区,水体真菌群落的丰富度高于底泥,而底泥真菌群落的多样性高于水体;底泥细菌群落的丰富度和多样性均高于水体;细菌的丰富度和多样性高于真菌。该结果与魏念鹏[37]的研究结果基本一致。本研究还发现,不同海拔地区底泥细菌群落结构存在差异,这说明底泥细菌具有通过调整自身群落结构以适应环境条件变化的生存机制[38]。

生态系统中的优势菌群通常被认为会更多地执行某些生态功能[39]。本研究发现,子囊菌门、担子菌门和罗兹菌门为黄河青海流域水体和底泥真菌的优势菌门;变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、蓝细菌门为细菌的优势菌门。JIANG 等[40]研究发现,中国上海青草沙水库水体微生物优势真菌门为未分类真菌(unclassified_*k*_Fungi)、担子菌门和子囊菌门,这与本研究结果一致;杨桂钦等[41]对宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构特征的分析发现,优势细菌门为变形菌门、绿湾菌门、放线菌门、拟杆菌门、热脱硫杆菌门(Thermodesulfobacteria)、厚壁菌门和酸杆菌门。这些优势菌门在生态系统中发挥着重要作用,其中子囊菌门不仅能够分解多种有机物质,还能产生多种次级代谢产物[42-43];变形菌门利用有机物分解产生的氨气、甲烷等营养物质进行生长代谢活动;放线菌的次级代谢产物具有抗菌、杀虫、免疫抑制等活性,广泛应用于医疗、农业、食品等领域[44-45]。本研究中,枝孢霉属在底泥中的相对丰度随着海拔升高呈先下降后上升趋势,链格孢属则呈先上升后下降再上升趋势;枝孢霉属、链格孢属在水体中随着海拔的升高逐渐下降。此外,*hgcI_clade* 在水体中的相对丰度随海拔升高逐渐减少;蓝细菌属在水体中的相对丰度随海拔升高呈先上升后下降再上升趋势。在海拔 4 301.4 m 的底泥样本(D_4301)中,子囊菌门的相对丰度最大;而在海拔 3 522 m 的底泥样本(D_3522)中,被孢菌门(Mortierellomycota)的相对丰度最大,这与

VÉLEZ 等[46]的研究结果一致。子囊菌门对高海拔地区的环境压力具有较好的抵御能力，而被孢菌门对温度和湿度的适应范围较窄，中海拔地区的气候条件能够满足其生长和繁殖需要[47]。样本 S_2592 中蓝细菌属的相对丰度最高，这表明该样区水体污染较为严重。王晓凤等[48]研究表明，蓝细菌大量繁殖不仅会引起水质恶化，造成鱼类大量死亡，而且有些蓝细菌种类，如微囊藻还会产生微囊藻毒素，危害生物甚至人类健康。

由底泥微生物群落结构和环境因子的 CCA 或 RDA 分析结果可知，环境因子对微生物群落交互影响显著。pH、海拔以及全氮、全磷、速效磷、速效钾、速效氮、有机质含量显著影响真菌群落；而全磷、全钾、速效磷、速效钾含量和海拔显著影响细菌群落；pH 是全球微生物多样性和丰富性的最佳预测因子[49]，在接近中性 pH 的土壤中，微生物多样性达到最高[49-50]。TIAN 等[51]研究发现，pH 以及有机质、氮、磷、钾含量以及盐度等环境因子对微生物群落的分布有重要影响，这与本研究结果一致，进一步证实了环境因子在微生物群落分布中的关键作用。

本研究通过对黄河青海流域不同海拔高度水体和底泥微生物多样性、群落结构变化特征进行研究，结果表明在不同海拔高度下，细菌的丰富度和多样性高于真菌，且不同样本真菌及细菌群落组成存在显著差异。在门水平下，子囊菌门和变形菌门为优势种群，其中变形菌门在不同海拔高度细菌群落中的相对丰度最大。CCA 和 RDA 分析发现，全磷、速效磷、速效钾含量和海拔是影响真菌和细菌群落分布的主要驱动因子，尤其是海拔对微生物群落组成和结构具有极显著影响。该研究结果丰富了对黄河青海流域水体和底泥微生物多样性的了解，为该流域的生态保护和治理提供了新的视角和科学依据，为监测和评估流域生态健康状况提供了新的生物指标，也为今后黄河流域的生态治理奠定了理论基础。

[参考文献]

[1] 王艳芬，陈怡平，王厚杰，等. 黄河流域生态系统变化及其生态水文效应[J]. 中国科学基金，2021，35(4)：520-528.
WANG Y F，CHEN Y P，WANG H J，et al. Ecosystem change and its ecohydrological effect in the Yellow River Basin[J]. Bulletin of National Natural Science Foundation of China，2021，35(4)：520-528.

[2] 李素英. 环境生物修复技术与案例[M]. 北京：中国电力出版社，2015.
LI S Y. Environmental bioremediation techniques and cases[M]. Beijing：China Electric Power Press，2015.

[3] 河海大学《水利大辞典》编辑修订委员会. 水利大辞典[M]. 上海：上海辞书出版社，2015.
Edited by the Editing and Revision Committee of Water Conservancy Dictionary，Hehai University. Water conservancy dictionary[M]. Shanghai：Shanghai Dictionary Publishing House，2015.

[4] 郑焕春，周青. 微生物在富营养化水体生物修复中的作用[J]. 中国生态农业学报，2009，17(1)：197-202.
ZHENG H C，ZHOU Q. Function of microorganism in bioremediation of eutrophic water[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture，2009，17(1)：197-202.

[5] PANDEY P K，KASS P H，SOUPIR M L，et al. Contamination of water resources by pathogenic bacteria[J]. AMB Express，2014，4：51

[6] 蔡彩媛. 生物炭/白腐霉真菌对底泥堆肥中重金属稳定性的影响[D]. 广州：广州大学，2020.
CAI C Y. Effect of biochar/white rot fungi on the stability of heavy metals in sediment compost[D]. Guangzhou：Guangzhou University，2020.

[7] 肖艳春，于会彬，宋永会. 河流底泥 DOM、营养盐与重金属空间分异特征及响应关系[J]. 环境科学，2022，43(5)：2489-2499.
XIAO Y C，YU H B，SONG Y H. Spatial differentiation characteristics and response relationship of DOM，nutrients，and heavy metals in river sediments[J]. Environmental Science，2022，43(5)：2489-2499.

[8] 陈桂鲜，吴传发，葛体达，等. 土壤多功能性对微生物多样性降低的响应[J]. 环境科学，2022，43(11)：5274-5285.
CHEN G X，WU C F，GE T D，et al. Response of soil multifunctionality to reduced microbial diversity[J]. Environmental Science，2022，43(11)：5274-5285.

[9] 高程，郭良栋. 微生物物种多样性、群落构建与功能性状研究进展[J]. 生物多样性，2022，30(10)：168-180.
GAO C，GUO L D. Progress on microbial species diversity，community assembly and functional traits[J]. Biodiversity Science，2022，30(10)：168-180.

[10] 曹鹏，贺纪正. 微生物生态学理论框架[J]. 生态学报，2015，35(22)：7263-7273.
CAO P，HE J Z. A preliminary theoretical framework of microbial ecology[J]. Acta Ecologica Sinica，2015，35(22)：7263-7273.

[11] 张磊，王中玉，王华林，等. 淡水湖泊底泥微生物优势属及其生态位分析：以八里河为例[J]. 环境工程，2020，38(5)：8-12，35.
ZHANG L，WANG Z Y，WANG H L，et al. Analysis on the dominant genera and niche of sediment microorganisms in freshwater lakes：a case study in lake Balihe[J]. Environmental Engineering，2020，38(5)：8-12，35.

[12] 贺纪正，王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征[J]. 生态学报，2015，35(20)：6575-6583.
HE J Z，WANG J T. Mechanisms of community organization and spatiotemporal patterns of soil microbial communities[J].

Acta Ecologica Sinica,2015,35(20):6575-6583.

[13] 邢磊,赵圣国,郑楠,等. 未培养微生物分离培养技术研究进展[J]. 微生物学通报,2017,44(12):3053-3066.
XING L,ZHAO S G,ZHENG N,et al. Advance in isolation and culture techniques of uncultured microbes: a review[J]. Microbiology China,2017,44(12):3053-3066.

[14] 梁剑锋,李亚,宾月景,等. 基于Illumina MiSeq高通量测序技术解析六堡茶产品中真菌群落特征[J]. 中国食品添加剂,2024,35(4):74-80.
LIANG J F,LI Y,BIN Y J,et al. Analysis of fungal community characteristics of Liupao tea based on Illumina MiSeq high throughput sequencing technology [J]. China Food Additives,2024,35(4):74-80.

[15] 杨林子,卢云浩,何强. 基于培养鉴定法和高通量测序技术分析郫县豆瓣微生物群落结构演替[J]. 中国调味品,2020,45(6):63-68.
YANG L Z,LU Y H,HE Q. Study on analysis of microbial community structure succession of Pixian broad bean paste based on culture identification method and high-throughput sequencing technique[J]. China Condiment,2020,45(6):63-68.

[16] 何立彬,郭冉,于志文,等. 不同密度下凡纳滨对虾工厂化养殖水体微生物多样性动态变化[J]. 黑龙江水产,2022,41(6):14-21.
HE L B,GUO R,YU Z W,et al. Study on the dynamic thedynamic change of microbial diversity in industrial culture water of *Litopenaeus vannamei* at different density[J]. Northern Chinese Fisheries,2022,41(6):14-21.

[17] 王佳,彭剑峰,宋永会,等. 浑河底泥微生物群落的季节性变化特征[J]. 环境科学研究,2016,29(2):202-210.
WANG J,PENG J F,SONG Y H,et al. Seasonal changes of microbial community distribution in sediments of Hun River[J]. Research of Environmental Sciences,2016,29(2):202-210.

[18] 薛嬗,王兰,孟华旦尚,等. 色林错表层水体真核微生物多样性和群落分布格局[J]. 冰川冻土,2023,45(5):1652-1666.
XUE Z,WANG L,MENG H D S,et al. Diversity and community distribution pattern of eukaryotic microbes in surface water of Selin Co[J]. Journal of Glaciology and Geocryology,2023,45(5):1652-1666.

[19] HUANG Y X,WU Z J,ZONG Y Y,et al. Mixing with coniferous tree species alleviates rhizosphere soil phosphorus limitation of broad-leaved trees in subtropical plantations[J]. Soil Biology and Biochemistry,2022,175:108853.

[20] CHEN S F,ZHOU Y Q,CHEN Y R,et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics,2018,34(17):884-890.

[21] MAGOČ T,SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics,2011,27(21):2957-2963.

[22] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods,2013,10(10):996-998.

[23] WANG Q,GARRITY G M,TIEDJE J M,et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. Applied and Environmental Microbiology,2007,73(16):5261-5267.

[24] Rayment G E,Higginson F R. Australian laboratory handbook of soil and water chemical methods[M]. Melnone:Inkata Press,1992:63.

[25] TSIKNIA M,TZANAKAKIS V A,OIKONOMIDIS D,et al. Effects of olive mill wastewater on soil carbon and nitrogen cycling[J]. Applied Microbiology and Biotechnology,2014,98(6):2739-2749.

[26] YANU P,JAKMUNEE J. Flow injection with in-line reduction column and conductometric detection for determination of total inorganic nitrogen in soil[J]. Talanta,2015,144:263-267.

[27] RYAN BOND C,MAGUIRE R O,HAVLIN J L. Change in soluble phosphorus in soils following fertilization is dependent on initial Mehlich-3 phosphorus[J]. Journal of Environmental Quality,2006,35(5):1818-1824.

[28] Nelson D W,Sommers L E,Sparks D L. Total carbon,organic carbon,and organic matter[J]. Methods of Soil Analysis,1982,9:961-1010.

[29] HUANG Z Y,CAI D H,SUN Y N. Towards more accurate microbial source tracking via non-negative matrix factorization (NMF)[J]. Bioinformatics,2024,40(S1):i68-i78.

[30] SEGATA N,IZARD J,WALDRON L,et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. Genome Biology,2011,12(6):R60.

[31] 马甜. 黄河上游青海段生态环境协同治理机制研究[D]. 银川:北方民族大学,2022.
MA T. Study on eco-environmental cooperative management mechanism in Qinghai section of the upper reaches of the Ye-llow River[D]. Yinchuan:Beifang University of Nationalities,2022.

[32] 杨浩,张国珍,杨晓妮,等. 水窖沉积物中微生物群落及其与环境因子的相关性[J]. 兰州交通大学学报,2018,37(3):110-115.
YANG H,ZHANG G Z,YANG X N,et al. Microbial community of sediment in cellar water and its correlation with environmental factors [J]. Journal of Lanzhou Jiaotong University,2018,37(3):110-115.

[33] 张旭. 淡水水体底泥微生物群落特征及微生物指标评价研究[D]. 上海:上海大学,2016.
ZHANG X. Study on microbial community characteristics and microbial index evaluation of sediment in fresh water body [D]. Shanghai:Shanghai University,2016.

[34] 朱婷婷,田从魁. 水库底泥中微生物多样性及其与环境因子相关性分析[J]. 北京大学学报(自然科学版),2018,54(3):625-632.
ZHU T T,TIAN C K. Analysis on microbial diversity in the sediments and its relationship with environmental factors in a reservoir[J]. Acta Scientiarum Naturalism Universitatis Pekinensis,2018,54(3):625-632.

[35] 韩霞,方佳丽,孟沈坤儿,等. 高通量测序技术在药用植物微生物多样性研究中的应用进展[J]. 浙江农业科学,2024,65

(2)：329-334.
HAN X，FANG J L，MENG S K E，et al. Application of high-throughput sequencing technology in the study of microbial diversity of medicinal plants[J]. Journal of Zhejiang Agricultural Sciences，2024，65(2)：329-334.

[36] 袁雅姝，杨佳蓉，张黎，等. 高通量测序研究清水池底泥微生物群落多样性[J]. 中国给水排水，2021，37(21)：94-99.
YUAN Y S，YANG J R，ZHANG L，et al. Study on microbial community diversity in sediment of clean water tank by high-throughput sequencing [J]. China Water & Wastewater，2021，37(21)：94-99.

[37] 魏念鹏. 镜泊湖水体中微生物多样性与环境因子的响应关系研究[D]. 哈尔滨：哈尔滨商业大学，2022.
WEI N P. Study on the response relationship between microbial diversity and environmental factors in Jingbo Lake[D]. Harbin：Harbin University of Commerce，2022.

[38] 呼唤，李丹蕾，王玉莹，等. 富砷湖滨湿地底泥细菌群落结构及多样性对水位变化的响应[J]. 环境化学，2021，40(5)：1452-1463.
HU H，LI D L，WANG Y Y，et al. Response of bacterial community structure and diversity in sediment of arsenic-rich lakeside wetland to water level change[J]. Environmental Chemistry，2021，40(5)：1452-1463.

[39] 张起畅，张文飞，殷浩能，等. 宏基因组测序分析东寨港红树林淤泥和水体微生物的多样性 [J]. 基因组学与应用生物学，2020，39(1)：116-122.
ZHANG Q C，ZHANG W F，YIN H N，et al. Revealing microorganism diversity of silt and water in Dongzhaigang Mangroves by metagenome sequencing[J]. Genomics and Applied Biology，2020，39(1)：116-122.

[40] JIANG T T，SUN S N，CHEN Y N，et al. Microbial diversity characteristics and the influence of environmental factors in a large drinking-water source[J]. Science of the Total Environment，2021，769：144698.

[41] 杨桂钦，常洁，郑兰香，等. 宁夏第三排水沟底泥细菌群落结构特征和空间分布[J]. 微生物学通报，2022，49(7)：2457-2469.
YANG G Q，CHANG J，ZHENG L X，et al. Microbial community structure and spatial distribution in sediment of the Third Drainage Ditch in Ningxia[J]. Microbiology China，2022，49(7)：2457-2469.

[42] CHALLACOMBE J F，HESSE C N，BRAMER L M，et al. Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis [J]. BMC Genomics，2019，20(1)：976.

[43] EGIDI E，DELGADO-BAQUERIZO M，PLETT J M，et al. A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide[J]. Nature Communications，2019，10：2369.

[44] 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.
CHEN H S，LIU S P，YANG W Q，et al. Structure and diversity of bacterial community in rhizosphere soil of four dominant species along the bank of the lower reaches of Yarlung Zangbo River [J]. Acta Ecologica Sinica，2022，42(4)：1527-1537.

[45] 夏焕章，翟航. 放线菌次级代谢产物研究进展[J]. 微生物学杂志，2023，43(4)：1-9.
XIA H Z，ZHAI H. Advances in secondary metabolites of actinomycetes[J]. Journal of Microbiology，2023，43(4)：1-9.

[46] VÉLEZ-MARTÍNEZ G A，REYES-ARDILA W L，DUQUE-ZAPATA J D，et al. Soil bacteria and fungi communities are shaped by elevation influences in Colombian forest and páramo natural ecosystems [J]. International Microbiology，2024，27(2)：377-391.

[47] 满百膺，向兴，罗洋，等. 黄山典型植被类型土壤真菌群落特征及其影响因素[J]. 菌物学报，2021，40(10)：2735-2751.
MAN B Y，XIANG X，LUO Y，et al. Characteristics and influencing factors of soil fungal community of typical vegetation types in Mount Huangshan，East China [J]. Mycosystema，2021，40(10)：2735-2751.

[48] 王晓凤，李洁，薛维纳，等. 环境工程微生物学思政教育的实践探讨：以“蓝细菌”教学为例[J]. 首都师范大学学报(自然科学版)，2022，43(4)：75-79.
WANG X F，LI J，XUE W N，et al. A practical discussion on teaching and ideological and political education of environmental engineering microbiology：taking Cyanobacteria as an example[J]. Journal of Capital Normal University (Natural Science Edition)，2022，43(4)：75-79.

[49] LAUBER C L，HAMADY M，KNIGHT R，et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology，2009，75(15)：5111-5120.

[50] SHAO P S，LIANG C，RUBERT-NASON K，et al. Secondary successional forests undergo tightly-coupled changes in soil microbial community structure and soil organic matter[J]. Soil Biology and Biochemistry，2019，128：56-65.

[51] TIAN W，ZHANG H Y，GUO Y H，et al. Temporal and spatial patterns of sediment microbial communities and driving environment variables in a shallow temperate mountain river[J]. Microorganisms，2022，10(4)：816.

（责任编辑：陈丽）