

金宇琦,李文宝,史玉娇,等.达里湖夏季浮游细菌群落结构及其氮、磷代谢功能[J].中国环境科学,2025,45(6):3268-3279.

Jin Y Q, Li W B, Shi Y J, et al. Structure of bacterioplankton community and its function of nitrogen and phosphorus metabolism in Lake Dali in summer [J]. China Environmental Science, 2025,45(6):3268-3279.

达里湖夏季浮游细菌群落结构及其氮、磷代谢功能

金宇琦¹,李文宝^{1,2*},史玉娇¹,张博尧¹,杜蕾¹,郭鑫¹(1.内蒙古农业大学,水资源保护与利用自治区重点实验室,内蒙古呼和浩特 010018; 2.黄河流域内蒙段水资源与水环境综合治理协同创新中心,内蒙古呼和浩特 010018)

摘要:为分析湖泊不同水深中细菌群落结构对N、P代谢功能丰度的响应,本文以达里湖为研究对象,通过高通量测序技术,开展表、中、底水体中细菌群落结构及N、P相关代谢功能丰度空间分布及相关性特征分析.结果显示,随着水体理化性质出现变化,表、中、底3层水体中优势细菌群落构成差异明显.基于生态网络,在度值和丰度值筛选标准下对前5个优势菌门下的优势菌属及重要菌属进行分析,达里湖不同深度水体中优势菌属发生明显转变,如表、中层水中有3个菌属出现变化,而底层水则有2个菌属出现改变.相对地,表层水中CL500-29_marine_group和栖热菌属,中层水中聚球菌属和norank_o__NB1-n以及底层水中聚球菌属、norank_o__NB1-n和norank_f__CK06-06-Mud-MAS4B-21在两种筛选标准下保持一致.进一步对细菌群落的功能组成进行PICRUSt2预测,得到6种初级功能及12种次级代谢功能.特别地,虽然假单胞菌属、副球菌属及聚球菌属均与N、P代谢功能丰度变化呈现显著正相关,但与不同形态N、P含量之间相关性却存在差异,如假单胞菌属与N、P含量变化呈正相关,副球菌属与N、P含量呈负相关,而聚球菌属则与N元素呈负相关,与P元素呈正相关.整体上,水深变化引起的N、P元素含量差异对N、P代谢功能及优势菌属具有显著影响.

关键词: 细菌; 群落结构; 生态网络; 代谢功能; 达里湖

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2025)06-3268-12

Structure of bacterioplankton community and its function of nitrogen and phosphorus metabolism in Lake Dali in summer.

JIN Yu-qi¹, LI Wen-bao^{1,2*}, SHI Yu-jiao¹, ZHANG Bo-yao¹, DU Lei¹, GUO Xin¹(1.Key Laboratory of Water Resource Protection and Utilisation, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, Inner Mongolia; 2.Collaborative Innovation Center for Comprehensive Management of Water Resources and Water Environment in the Inner Mongolia Section of the Yellow River Basin, Hohhot 010018, Inner Mongolia). *China Environmental Science*, 2025,45(6): 3268-3279

Abstract: In order to analyse the response of bacterial community structure to the abundance of nitrogen (N) and phosphorus (P) metabolic functions in different water depths of lakes, this paper presents a characterization of the spatial distribution and correlation of bacterial community structure and the abundance of N and P related metabolic functions in the surface, middle and bottom waterbodies by high-throughput sequencing technology, with Lake Dali as the object of the study. The results showed that the composition of the dominant bacterial communities in the surface, middle and bottom water layers varied significantly with the changes in the physical and chemical properties of the water. Based on the ecological network, the dominant and important genera under the first five dominant phyla were analysed under the screening criteria of degree and abundance values, and the dominant genera in the different depths of Lake Dali were significantly changed, such as three genera in the surface and middle water, and two genera in the bottom water. Comparatively, CL500-29_marine_group and *Thermus* in the surface water, *Synechococcus* and norank_o__NB1-n in the middle water, and *Synechococcus*, norank_o__NB1-n, norank_f__CK06-06-Mud-MAS4B-21 in the bottom water, remained consistent with the two screening criteria. Further PICRUSt2 prediction of the functional composition of the bacterial community yielded 6 primary functions and 12 secondary metabolic functions. In particular, although *Pseudomonas*, *Paracoccus* and *Synechococcus* showed significant positive correlation with the abundance of N and P metabolic functions, the correlation with the N and P content of different forms was different, such as *Pseudomonas* showed positive correlation with the change of N and P content, *Paracoccus* showed negative correlation with the N and P content, and *Synechococcus* showed negative correlation with N and positive correlation with P elements. Overall, the differences in N and P contents caused by changes in water depth had significant effects on N and P metabolism and the dominant genera.

Key words: bacteria; community structure; ecological networks; metabolic functions; Lake Dali

收稿日期: 2024-11-02

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(52160021);内蒙古自治区科技攻关项目(2020GG0009);内蒙古自治区高等学校“青年科技英才支持计划”项目(NJYT-20-A14);内蒙古自治区自然科学基金资助项目(2021MS005043)

* 责任作者, 教授, tianshiTD@126.com

微生物群落在有机物降解、参与生物地球化学循环和维持生态系统动态平衡等方面发挥着关键的生态作用。光照、水温、氧气等作为影响细菌的关键因素,它们在湖泊不同深度水体中的含量差异不仅对细菌群落结构有着重要的影响,还影响着细菌群落的共存关系和生态功能^[1-2]。对于补给来源不同的湖泊来说,不同深度水体理化性质和营养元素含量存在一定程度的差异,因其补给和排泄过程不同^[3-5],导致湖泊水生态环境出现空间差异,而通过测试不同水深细菌群落结构特征以及相关代谢功能丰度变化,可以分析湖泊垂向水体理化指标变化情况下微生物生态系统的响应特征^[6-7]。目前,湖泊浮游细菌群落特征及其与环境因子关联性等方面的研究较多。已有研究表明,湖泊细菌群落结构的时空分布特征与水体营养状况密切相关,优势菌门对 N、P 等营养元素的响应存在差异。此外,研究还发现湖泊水体细菌群落代谢功能相似,并且浮游细菌群落功能与环境因子间存在联系^[8-11]。对于不同深度水体中的 N、P 代谢功能相对丰度与细菌群落组成间的关系研究较少^[1],不同深度水体理化指标变化下的细菌群落结构特征及其与 N、P 代谢功能基因相对丰度的耦合关系研究相对匮乏^[12-13]。

本文以内蒙古高原封闭内陆型湖泊达里湖为研究区域,以表、中、底 3 层水体为研究对象,在分析不同深度水体中 N、P 元素含量垂向差异的基础上,利用高通量测序技术,讨论了细菌群落结构组成及垂向分布特征,结合 PICRUSt2 预测细菌群落代谢功能,探究了不同水深优势菌属与 N、P 代谢功能丰度变化之间的相互关系,旨在为认识达里湖细菌群落结构的垂向分布特征及其与 N、P 代谢功能丰度间的耦合关系提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

达里湖位于内蒙古自治区赤峰市克什克腾旗,是赤峰市境内最大的湖泊,呈海马状,为封闭式苏达型半盐湖水,流域属温带大陆性气候区^[14]。达里湖属于高原内陆湖,湖水无外泄,主要受地下水及相连的浩来河、亮子河、贡格尔河、沙里河补给。目前,湖泊面积约 189km²,平均水深 7~8m^[5,15]。

1.2 样品采集及测定

根据达里湖的水深、地貌特征及现代水文特征,布设 17 个采样点,从北到南依次命名为 DL-1~DL-17,如图 1 所示,于 2019 年 8 月在每个采样点取表、中、底层湖水各 2L。使用有机玻璃取水器对样品进行采集,其中表层水为湖面 0~10cm 处样品,底层水为底泥以上约 10cm 处样品,中层水则仅对水深大于 5m 的点位进行采集,采集水深二分之一处的样品。依据实际情况,最终获得样品 43 个。利用便携式多参数水质监测仪(YSI,HACH HQ40d,美国)根据水深现场测量每层湖水的水质参数,如水温、pH 值、溶解性总固体(TDS)、溶解氧(DO)等。

样品采集完成后带回实验室进一步处理,其中 1L 用于理化指标测定,1L 用于浮游细菌收集(先经 5 μ m 无菌滤膜过滤去除颗粒杂质,再经 0.22 μ m 无菌滤膜过滤收集浮游细菌)^[16-17],将过滤完成的滤膜置于 10mL 无菌管中,在零下 20 $^{\circ}$ C 条件下保存,用于后续细菌群落结构等测试分析。理化指标的测定包括不同形态 N、P 元素(总氮(TN)、总磷(TP)、溶解性总磷(DTP)、溶解性无机磷(DIP))的测定,其中 TN 采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(HJ 636-2012)测定,TP、DTP、DIP 采用钼酸铵分光光度法(GB 11893-89)测定。

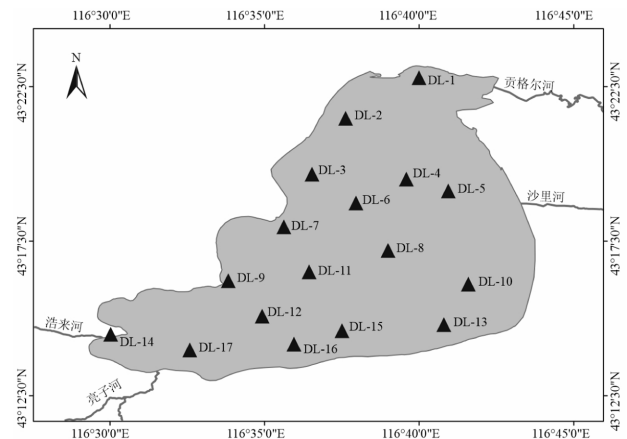


图 1 取样点位置

Fig.1 Location of sampling points

1.3 DNA 提取与高通量测序

采用 FastDNA@Spin Kit for Soil 试剂盒提取水体滤膜样品中的微生物 DNA,接着使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提基因组 DNA,对 16S rRNA 基因 V4-V5 可变区进行 PCR 扩增,引物序列为 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和 806R (5'-

GGACTACVSGGG TATCTAAT-3');反应条件为 95℃预变性 3min,27 个循环(95℃变性 30s,55℃退火 30s,72℃延伸 30s),然后 72℃延伸 10min,最后 4℃进行保存;扩增体系为 20μL,4μL 5*FastPfu 缓冲液,2μL 2.5mM dNTPs,引物(5μM)0.8μL,FastPfu 聚合酶 0.4μL;模板 DNA10ng.测序在上海美吉生物医药科技有限公司的 Illumina MiSeq PE300 平台进行.

1.4 数据分析及处理

利用 Illumina MiSeq 进行测序,原始双端序列经过导入、拼接和数据质控后^[18-19],过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基,设置 50bp 的窗口,如果窗口内的平均质量值低于 20,从窗口开始截去后端碱基,过滤质控后 50bp 以下的 reads,去除含 N 碱基的 reads;根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将对 reads 拼接(merge)成一条序列,最小 overlap 长度为 10bp;拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 0.2,筛选不符合序列;根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品,并调整序列方向,barcode 允许的错配数为 0,最大引物错配数为 2;通过 Uparse 软件对优化序列提取非重复序列,便于降低分析中间过程冗余计算量;去除没有重复的单序列;按照 97%相似性对非重复序列(不含单序列)进行 OTU 聚类,在聚类过程中去除嵌合体,得到 OTU 的代表序列;将所有优化序列 map 至 OTU 代表序列,选出与代表序列相似性在 97%以上的序列^[20].

使用 SPSS 27.0 软件对不同深度 N、P 元素进行差异分析,采用单因素方差分析(ANOVA)中的多重比较法(LSD)进行差异显著性检验;选择 97%相似度的 OTU 或其他分类学水平,利用软件 mothur (version v.1.30.2<https://mothur.org/wiki/calculators/>)计算不同随机抽样下的 Alpha 多样性指数;利用 R 语言工具制作稀释曲线图及韦恩图;多样性指数箱型图由 Origin 软件完成;基于 Bray-Curtis 相似性距离矩阵进行 Mantel_test 分析,检验其相关性及显著性水平;结合软件 Gephi-0.9.2 进行细菌群落的网络拓扑特征分析;通过 Spearman 相关性分析不同形态 N、P 元素对细菌菌属的影响;细菌群落功能基于 PICRUSt2 软件预测;N、P 营养元素数据由 Excel 软件进行分析,并使用 Origin 软件进行绘图;N、P 元素空间分布图由 ArcGis 10.8.1 软件进行绘制.

2 结果与分析

2.1 N、P 元素空间分布特征

如表 1 所示,整体上,各采样点水体中 N、P 含量存在一定空间差异.表层水体的 TN 平均浓度(4.008mg/L)显著低于中层(4.452mg/L)和底层(4.348mg/L)水体,后两者之间无显著差异;而 TP 浓度在不同深度水体之间没有显著差异,平均浓度在 1.933~1.969mg/L 之间;DIP 平均含量在表层水体(1.708mg/L)显著低于中层(1.811mg/L)和底层(1.809mg/L)水体,而 DTP 含量在不同深度水体之间没有显著差异.这些结果表明,水体深度对 N、P 元素含量分布具有显著影响.

表 1 不同深度水体 N、P 元素差异分析

Table 1 Analysis of differences in N and P elements in water bodies of different depths

深度	TN(mg/L)	TP(mg/L)	DIP(mg/L)	DTP(mg/L)
表层	4.008±0.062b	1.969±0.014a	1.708±0.010b	1.790±0.016a
中层	4.452±0.134a	1.933±0.027a	1.811±4.010a	1.754±4.016a
底层	4.348±0.042a	1.944±0.033a	1.809±3.010a	1.783±3.016a

注:表中数值为该深度水体所有样点平均值±标准差;a、b表示不同深度水体之间N、P元素存在显著差异($P<0.05$).

2.2 Alpha 多样性空间差异

基于 sobs 指数(表征实际观测到的物种数目)建立的稀释曲线显示,当样品测序数量接近 5000 时曲线趋向平坦,说明样品量符合要求,结果具有可信度(图 2(a)).在达里湖,表、中、底 3 层水体共享有菌属 448 个,表层水和中层水共享有菌属 465 个,中水和底水共享有菌属 478 个,表水和底水共享有菌属 682 个;相对地,表层水中特有菌属 97 个,中层水特有菌属 30 个,底层水特有菌属 62 个(图 2(b)).不同深度水体中共有菌属数量占总数目的 48.8%.由此可见,表层水中细菌种类最多,其次是底层,中层水中细菌种类最少.

通过群落结构 Alpha 多样性分析,可以获得群落中物种的丰富度、覆盖度和多样性等信息.其中,coverage 指数是指各样本文库的覆盖率,其数值越高,则样本中序列被测出的概率越高,达里湖 3 层水体中 coverage 指数均超过 0.9,代表测试数据可以有效反映样本中细菌群落结构的真实情况(图 2(c)).shannon 指数是用来估算样本中微生物多样性的指数之一,shannon 值越大,说明群落多样性越高,

即达里湖水体细菌群落多样性为表层>底层>中层;sobs 指数为丰富度实际观测值,反映观测到的物种数量,达里湖细菌群落丰富度为底层>表层>中层;

shannoneven 指数反映群落均匀度,可见表层均匀度最好.整体上,表层水体细菌群落多样性最高,底层水体细菌群落丰富度最高(图 2(c)).

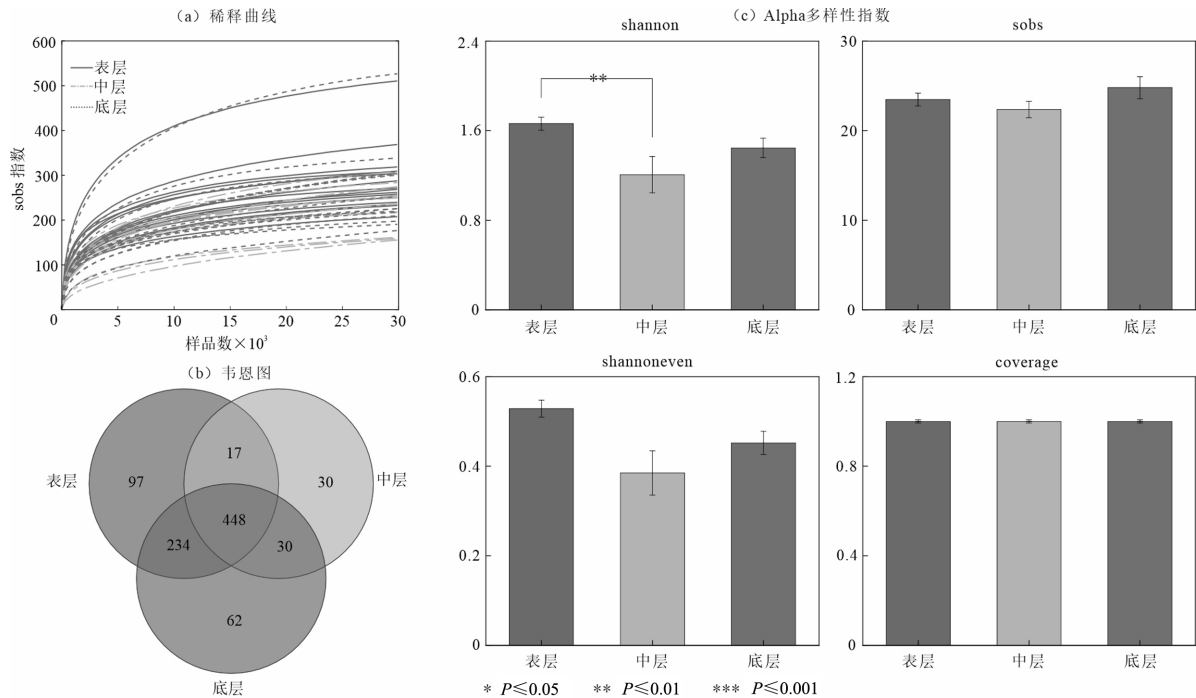


图 2 细菌群落多样性分析

Fig.2 Bacterial community diversity analysis

2.3 细菌群落结构空间差异

达里湖表、中、底 3 层样品经质量控制后,分别获得 849119、547042 和 732328 个有效序列,在对 OTU 进行物种分类学注释,并统计各 OTU 注释结果在每个样本中对应的丰度信息后,最终得到细菌 44 门,107 纲,220 目,403 科,796 属,1218 种和 2219 个 OTU.

首先,在门水平上,对细菌群落相对丰度进行分析(相对丰度<1%的物种统一归为“others”),结果显示,表水中优势菌门为 Proteobacteria(变形菌门,相对丰度占比为 36.1%)、Actinobacteria(放线菌门,相对丰度占比为 24.7%)、Cyanobacteria(蓝藻门,相对丰度占比为 11.2%)、Bacteroidetes(拟杆菌门,相对丰度占比为 6.5%)和 Deinococcus-Thermus(异常球菌-栖热菌门,相对丰度占比为 5.7%),中层和底层水中优势细菌门类则转变为 Proteobacteria(相对丰度占比分别为 57.6 和 46.4%)、Actinobacteria(相对丰度占比分别为 20.7%和 25.0%)、Cyanobacteria(相对丰度占比分别为 8.7%和

9.0%)、Bacteroidetes(相对丰度占比分别为 4.9%和 5.3%)、Tenericutes(软壁菌门,相对丰度占比分别为 2.5%和 3.5%).可以看出,Proteobacteria 相对丰度占比显著高于其他门类,其次 Actinobacteria 也占有重要地位(图 3(a)).

在菌属水平上,不同取样点中优势菌属种类及相对丰度差异更加明显.其中,表水中优势菌属包含 *Paracoccus*(副球菌属,相对丰度占比为 10.9%)、*Synechococcus*(聚球藻,相对丰度占比为 9.7%)、*Thermus*(栖热菌属,相对丰度占比为 5.4%)、*CL500-29_marine_group*(相对丰度占比为 5.0%)、*norank_f_Nitrospirales*(相对丰度占比为 4.6%),中层和底层则为 *Pseudomonas*(假单胞菌属,相对丰度占比分别为 32.6%、和 19.8%)、*Paracoccus*(相对丰度占比分别为 10.4%和 7.0%)、*Synechococcus*(相对丰度占比分别为 6.5%和 7.4%)、*CL500-29_marine_group*(相对丰度占比分别为 5.4%和 6.0%)、*norank_f_Nitrospirales*(相对丰度占比分别为 4.0%和 5.0%)(图 3(b)).

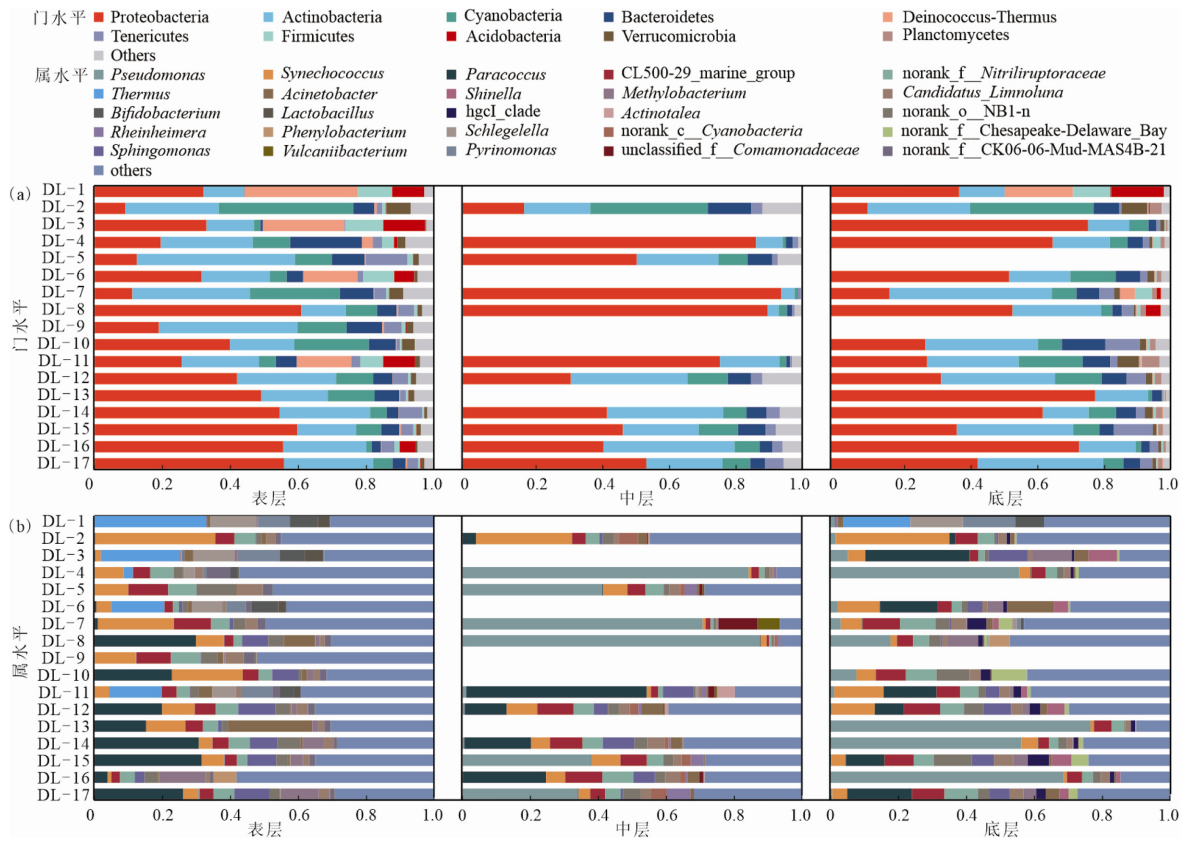


图3 门、属水平上物种相对丰度

Fig.3 Relative abundance of species at the phylum and genus level

2.4 细菌群落空间网络特征

如图4、表2所示,中层水中细菌生态网络的边数(631)、图密度(0.515)和平均聚类系数(0.833)均最高,而平均路径长度则最小(1.352),显示相较于表层和底层,中层水体中细菌生态网络更加集聚.相对应

地,表层水中细菌生态网络的边正相关关系最弱(76.50%),而中层水体的边正相关关系最强(95.20%),说明湖泊水体中细菌群落之间主要为协同关系而非竞争关系,且中、底层水的协同关系要强于表层水(表2).

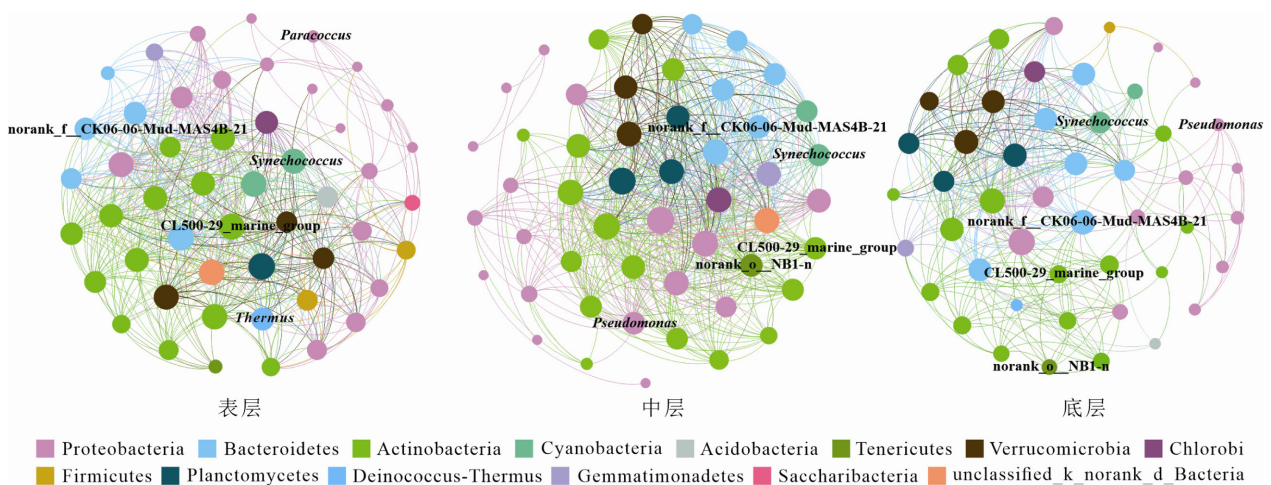


图4 细菌群落空间网络结构特征

Fig.4 Structural characteristics of the spatial network of bacterial communities

图中圆圈越大,表明度值越大;标签为每层优势菌门下的优势菌属

按度值(degree)和相对丰度值(abundance)分别筛选出在 5 个优势细菌门类下的重要菌属和优势菌属.按度值分析,表层水前 5 个重要菌属分别为 unclassified_f_Rhodobacteraceae、norank_c_Cyanobacteria、CL500-29_marine_group、Thermus、norank_f_Saprospiraceae;中层水为 Methylothenera、Synechococcus、ML602J-51、norank_o_NB1-n、norank_f_Saprospiraceae;底层水除 norank_f_Saprospiraceae 转变为 norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21 外,其余与中层水优势菌属保持一致;按丰度值分析,前 5 个优势菌属由表层的 Paracoccus、Synechococcus、CL500-29_marine_group、Thermus、

norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21 转变为中层和底层水中的 Pseudomonas、Synechococcus、CL500-29_marine_group、norank_o_NB1-n、norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21(表 3).

表 2 不同深度水体细菌群落的生态网络属性
Table 2 Ecological network properties of bacterial communities in water bodies of different depths

深度	边	正相关 (%)	负相关 (%)	图密度	平均聚类系数	平均路径长度
表层	541	76.50	33.50	0.442	0.706	1.691
中层	631	95.20	4.80	0.515	0.833	1.352
底层	349	93.40	6.60	0.309	0.714	2.003

表 3 基于生态网络分析的不同水深优势细菌门类下的重要菌属及优势菌属

Table 3 Important and dominant genera under dominant bacterial phyla in different water depths based on ecological network analysis

深度参数	变形菌门	蓝藻门	放线菌门	异常球菌- 栖热菌门	软壁菌门	拟杆菌门
度 表	unclassified_f_Rhodobacteraceae	norank_c_Cyanobacteria	CL500-29_marine_group	Thermus		norank_f_Saprospiraceae
度 中	Methylothenera	Synechococcus	ML602J-51		norank_o_NB1-n	norank_f_Saprospiraceae
度 底	Methylothenera	Synechococcus	ML602J-51		norank_o_NB1-n	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21
丰度 表	Paracoccus	Synechococcus	CL500-29_marine_group	Thermus		norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21
丰度 中	Pseudomonas	Synechococcus	CL500-29_marine_group		norank_o_NB1-n	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21
丰度 底	Pseudomonas	Synechococcus	CL500-29_marine_group		norank_o_NB1-n	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21

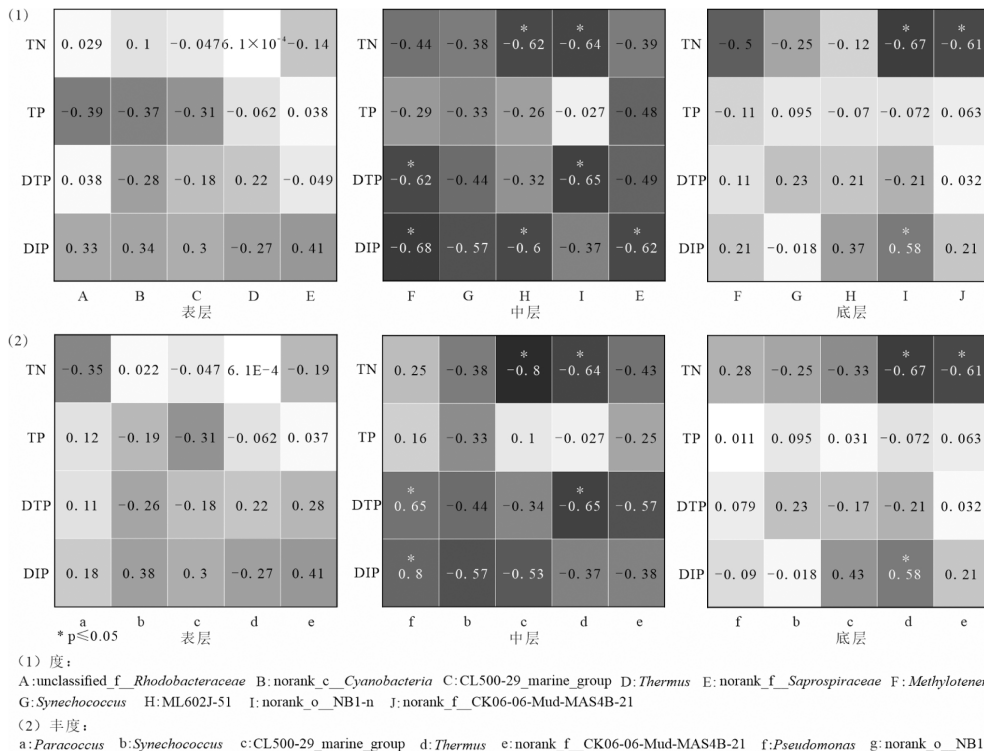


图 5 不同形态 N、P 元素与优势菌属及重要菌属间的相关性

Fig.5 Correlation between different forms of N and P elements and dominant and important bacteria genera

整体上,丰度值筛选下的优势菌属结构相对稳定,仅在 *Proteobacteria* 门下出现差异,而其他细菌门类下的优势菌属在生态网络中的构成没有随水深变化出现演替;度值筛选下的重要菌属随着水深变化,特别是由表层水到中层水,菌属出现明显演替.显然,水深变化对生态网络组成关键节点重要性的影响比较明显,而对优势菌属相对丰度的影响较弱.

研究分析筛选出的优势菌属及重要菌属与 N、P 营养元素之间的响应关系.结果表明,*Paracoccus* 与不同形态 N、P 元素之间的相关关系相反,*Paracoccus* 与 TN 之间关系为负相关($r=-0.35$),而与不同形态 P 元素之间呈现正相关关系;中层水中 *Synechococcus* 与不同形态 N、P 元素均呈现负相关关系,其中与 DIP 的相关性最高($r=-0.57$);中层水中的 *Pseudomonas* 与不同形态 N、P 元素呈现了较好的正相关关系,其中与 DTP($r=0.65$)和 DIP($r=0.80$)的相关性最高(图 5).

2.5 PICRUST2 第二层级功能预测

在达里湖,根据 KEGG 数据库中的信息,运用 PICRUST2 对细菌群落功能进行预测,共获得 6 类初级代谢功能,包括:细胞进程(cellular-process)、环境信息处理(environmental-information-processing)、遗传信息处理(genetic-information-processing)、人类疾病(human-diseases)、代谢(metabolism)和有机体系统(organismal-system).代谢功能是生物体内用来维持生命活动的一系列化学反应过程,其占比最多^[10].

本文仅对一级功能中的代谢功能层进行第 2 层级划分,包括氨基酸代谢(amino acid metabolism)、能量代谢(energy metabolism)、碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、核苷酸代谢(nucleotide metabolism)、脂质代谢(lipid metabolism)、异种生物降解和代谢(xenobiotics biodegradation and metabolism)等 12 种次级代谢相关功能(图 6).

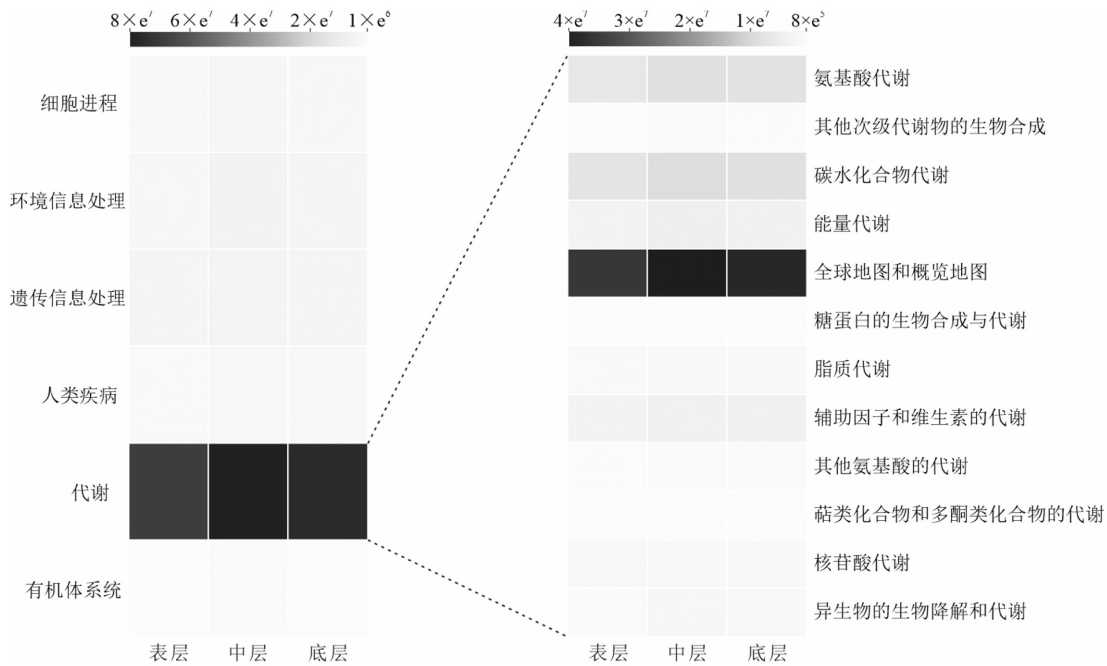


图 6 达里湖不同深度细菌群落一级(左)及二级(右)功能预测

Fig.6 Predicted functions of primary (left) and secondary (right) bacterial communities at different depths in Lake Dali

2.6 不同深度水体 N、P 代谢功能分析

本文基于 PICRUST2 工具对细菌群落功能进行分析,在对第一层级和第二层级代谢功能分析的基础上,重点关注了 N、P 代谢相关功能.

研究结果表明,N、P 代谢功能在不同水深之间

存在明显的空间差异性.表层水在湖泊入河口表现出了较高丰度,而中层水中 N、P 代谢功能在湖心位置丰度较高,底层水南部沿岸丰度较高而北部沿岸丰度较低(图 7).整体上,中层水中 N、P 代谢功能的丰度显著高于表层和底层,表层水中相关功能含量

最低(表 4).由此可见,湖泊生态系统 N、P 代谢功能的分布呈现出明显的垂直分层特征.

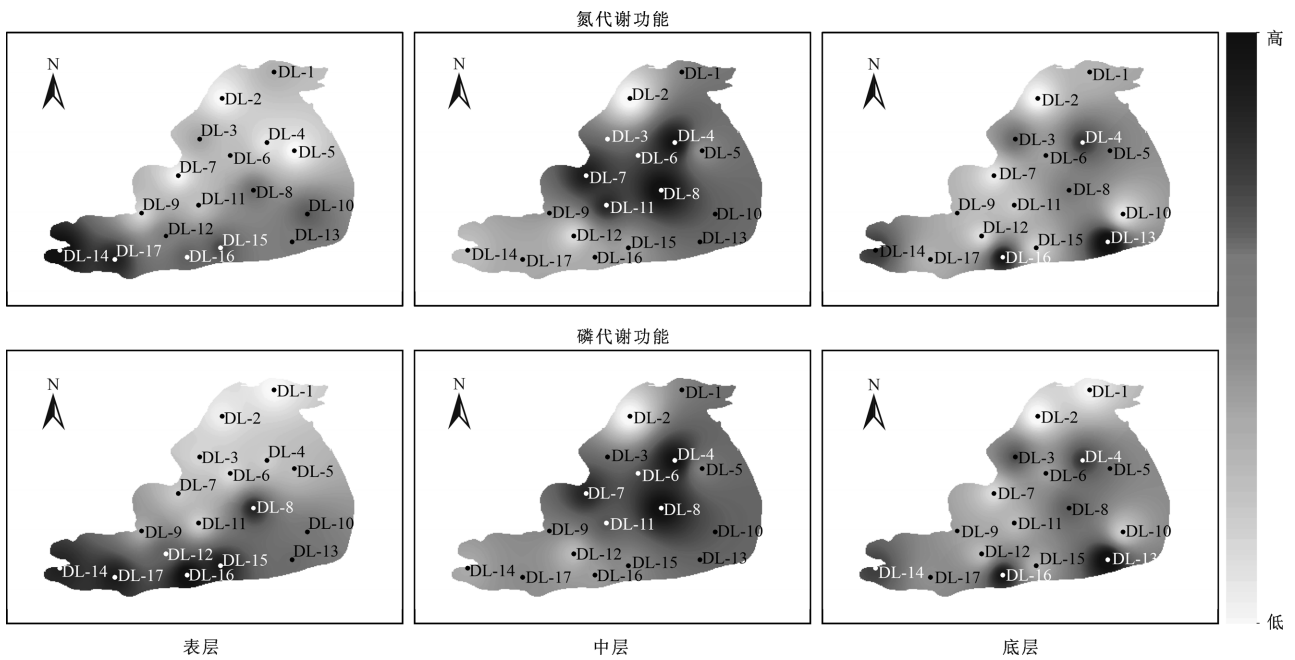


图 7 氮磷代谢相关功能空间分布

Fig.7 Spatial distribution of functions related to nitrogen and phosphorus metabolism

表 4 不同水深氮磷代谢功能丰度

Table 4 Functional abundance of nitrogen and phosphorus metabolism at different water depths

项目	表层	中层	底层
氮代谢功能	333154.3	475496.1	389997.4
磷代谢功能	1952195.0	2400112.1	2223891.3

2.7 优势菌属及重要菌属与 N、P 代谢功能间的相关性

细菌群落参与湖泊中的 N、P 循环,故细菌群落与氮磷代谢功能之间的关系对于湖泊水环境的健康至关重要.研究分析在生态网络中筛选出的优势菌属及重要菌属与 N、P 相关代谢功能之间的响应关系(图 8).结果显示,表层水中 *Paracoccus* 与 N、P 相关功能均呈现了较好的正相关关系,相关系数分别为 0.572 和 0.649;中层水中 *Synechococcus* 与 N、P 相关功能呈现了正相关关系,相关系数分别为 0.614 和 0.730, *Methylotenera* 与 N、P 相关功能也呈现了显著的正相关关系,相关系数分别为 0.760 和 0.819; *Pseudomonas* 在中层和底层水中均与 N、P 相关功能具有显著正相关,相关系数在中层水中分别

为 0.442 和 0.543,底层水中分别为 0.681 和 0.594 (表 5).

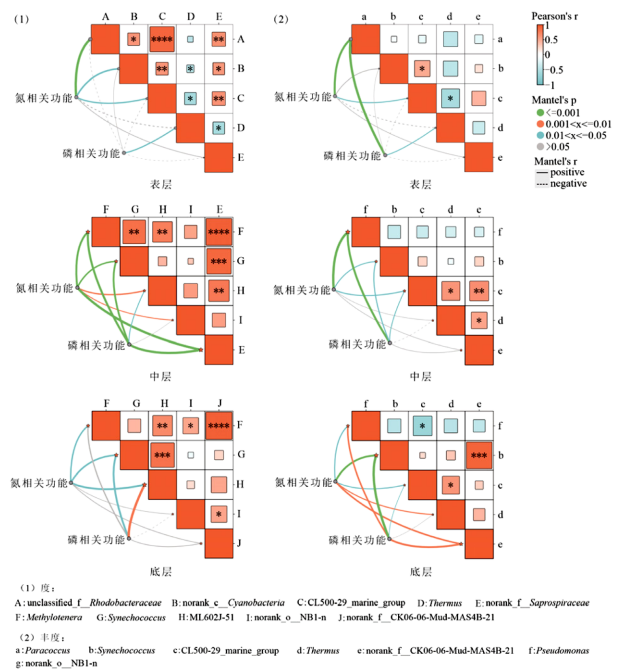


图 8 优势菌属及重要菌属与 N、P 代谢功能间的相关性
Fig.8 Correlation between dominant and important genera and N and P metabolism function

表 5 优势菌属及重要菌属与 N、P 代谢功能的 Mantel_test 检验分析
Table 5 Mantel_test test analysis of dominant bacterial genera and N and P metabolism functions

深度	丰度值				度值					
	优势菌属	氮代谢功能		磷代谢功能		优势菌属	氮代谢功能		磷代谢功能	
		r	p	r	p		r	p	r	p
表层	<i>Paracoccus</i>	0.572	0.001	0.649	0.001	unclassified_f_Rhodobacteraceae	0.461	0.001	-0.020	0.537
	<i>Synechococcus</i>	0.158	0.125	0.037	0.309	norank_c_Cyanobacteria	0.289	0.015	0.027	0.326
	CL500-29_marine_group	0.225	0.026	-0.033	0.607	CL500-29_marine_group	0.225	0.026	-0.033	0.607
	<i>Thermus</i>	-0.123	0.875	0.206	0.03	<i>Thermus</i>	-0.123	0.875	0.206	0.03
	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4 B-21	0.106	0.208	-0.029	0.521	norank_f_Saprospiraceae	0.088	0.185	-0.005	0.473
中层	<i>Pseudomonas</i>	0.442	0.016	0.543	0.005	<i>Methylotenera</i>	0.760	0.001	0.819	0.001
	<i>Synechococcus</i>	0.614	0.001	0.730	0.001	<i>Synechococcus</i>	0.614	0.001	0.730	0.001
	CL500-29_marine_group	0.409	0.013	0.304	0.025	ML602J-51	0.548	0.003	0.442	0.015
	norank_o_NB1-n	0.417	0.008	0.254	0.095	norank_o_NB1-n	0.417	0.008	0.254	0.095
	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4 B-21	0.545	0.004	0.614	0.004	norank_f_Saprospiraceae	0.890	0.001	0.875	0.001
底层	<i>Pseudomonas</i>	0.681	0.001	0.594	0.001	<i>Methylotenera</i>	0.208	0.044	0.184	0.061
	<i>Synechococcus</i>	0.242	0.046	0.283	0.022	<i>Synechococcus</i>	0.242	0.046	0.283	0.022
	CL500-29_marine_group	0.276	0.021	0.201	0.046	ML602J-51	0.272	0.019	0.350	0.007
	norank_o_NB1-n	0.067	0.258	-0.032	0.532	norank_o_NB1-n	0.067	0.258	-0.032	0.532
	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4 B-21	0.099	0.209	0.098	0.231	norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B -21	0.099	0.209	0.098	0.231

3 讨论

3.1 不同深度水体中细菌群落结构分布特征

达里湖不同深度水体中优势细菌群落组成出现了差异,前 5 大优势细菌门类中,表层水体的 *Deinococcus-Thermus* 在中层和底层水体中被更替为 *Tenericutes*(图 3(a)),这种现象可能是由于水体环境差异所致^[2]。前人研究发现 *Deinococcus-Thermus* 常见于温度较高的区域^[21-22],相较于中层和底层水体,表层水体光照及氧气充足,温度相对较高,有利于 *Deinococcus-Thermus* 的生长繁殖,导致 *Deinococcus-Thermus* 的相对丰度在表层水体中较中层水和底层水更高。*Proteobacteria* 在湖水细菌群落组成中相对丰度占比最高,这与大多数研究结果保持一致。*Proteobacteria* 拥有的较厚细胞壁和产胞外多糖能力,使其成为一类环境适应能力强、生长迅速的微生物类群,独特的形态和生理特征促进其成为最具优势的细菌门类^[23]。进一步,在属水平上,优势菌属的相对丰度占比随水深增加也发生了变化(图 3(b))。如 *Paracoccus* 作为一类好氧型细菌^[24-25],在中层和底层中丰度较表层有所减少,而 *Thermus* 通常存在于中性到碱性的温泉和天然水中^[26]。显然,夏季达里湖

表层水体受阳光直射,水温升高,且与外界交换频繁,表层水中的溶解氧含量明显高于中层和底层水体,因此水体温度的升高更适宜 *Thermus* 生存,而含氧量的升高会导致 *Paracoccus* 相对丰度占比上升^[27-29]。

在夏季开放条件下,外界环境的复杂性,如大气降水集中增加、外源输入增加以及人类活动的频繁,这些因素均可能对湖泊水体产生扰动,特别是表层水受外界影响最为直接,从而影响细菌群落的稳定性和丰富度,这对应了达里湖表层水体细菌群落多样性最高的结果(图 2(c)),这与李文宝等人在达里湖的研究结果一致^[30];此外,水动力条件是影响生物群落结构和功能的关键环境因素,相对稳定的水体环境有利于微生物的生长和繁殖^[31-32],这导致相对封闭的底层水体的水动力较弱,而与沉积物的长期接触(沉积物中的有机物质和营养盐为细菌提供了丰富的营养来源),这可能是底层水体细菌群落丰富度较高的主要诱因^[33]。

3.2 不同深度水体中生态网络结构特征

在达里湖,细菌群落的相互作用模式同样随水深增加表现出显著的差异:中层和底层水体细菌群落之间的协同作用强度明显高于表层(表 2),可能与

表层水体对大气沉降等外源物质的更高吸收率有关.中层水体的细菌群落展现出了高度的网络紧密性,这说明中层水体细菌在能量、物质和信息交换方面具有更高的效率^[34].显然,稳定的生存环境在维持细菌群落结构和功能过程中起到关键作用^[35].

根据细菌菌属在生态网络中的重要性和相对丰度占比,筛选出每层水体中的优势菌属及重要菌属,每层水体中均能发现在两种筛选标准下一致的菌属(表 3):一方面可能是因为细菌菌属在特定生境中展现出的适应性优势,使得它们能够在这一生境中占据显著地位^[36-37];另一方面这些菌属在生态竞争中因为其独特的生理特性或代谢途径而获得优势,导致它们在生态网络中的度值和丰度值均表现出较高的水平.显然,这些菌属在生态系统中的功能和地位更为重要,其在细菌群落结构和功能中扮演着关键角色.例如,*Thermus* (属于 *Deinococcus-Thermus*) 可能因为其耐高温的特性而在水温相对较高的表层水体中具有优势^[21,26].虽然,物种度值和丰度值之间的相关关系可能是由多种生态、环境和人为因素共同作用的结果^[38],在不同筛选条件下,优势菌属的组成存在一定差异,但在资源有限的环境中,具有较高生态网络重要性的细菌菌属或许会更有效地参与资源竞争或者与其他物种形成共生关系,从而提高自身的生存和繁殖能力.

3.3 优势细菌群落对 N、P 代谢功能丰度变化的响应

细菌介导的 N、P 循环和转化过程对维持湖泊生态平衡具有重要作用^[39].通过分析不同深度优势菌属与不同形态 N、P 之间的响应关系,揭示了细菌群落与 N、P 代谢相关功能丰度之间的变化特征.

Paracoccus 是一种具有多种代谢途径的革兰氏阴性菌,能够利用不同形态的氮源进行生长和代谢^[40],但在达里湖表现出对磷的需求更高,与不同形态的磷元素呈现正相关关系(图 5).表明 *Paracoccus* 可能利用环境中的有机磷化合物作为磷源,而对氮的需求相对较低.相较于中层和底层水体,表层湖水中 *Paracoccus* 与 N、P 相关功能之间的关系更为密切(图 8),这或许与其是好氧反硝化菌有关,需要维持一定的 DO 以进行有效的代谢活动^[41].

Synechococcus 是海洋生态系统中的重要初级生产者^[42].在达里湖中层水中,*Synechococcus* 与不同

形态的 N、P 元素均呈现负相关关系,且与 DIP 的相关性最高(图 5).这表明 *Synechococcus* 生长受到磷限制,而中层水中磷含量相对较低,限制了其对磷的利用,进而影响了其相对丰度^[41].此外,*Synechococcus* 通过光合作用固定氮和磷等营养元素,并通过细胞内循环机制有效利用这些营养元素,从而减少了对环境中氮和磷的需求,维持其生长和代谢的平衡^[43].

Pseudomonas 是一种广泛存在于土壤和水中的革兰氏阴性杆菌,能够有效利用多种氮和磷元素,促进其生长繁殖^[44].在本研究中,中层水中的 *Pseudomonas* 与不同形态的 N、P 元素呈现了较好的正相关关系,其中与 DTP 和 DIP 的相关性最高(图 5).这与 *Pseudomonas* 具有较强的分解有机物能力,能够将复杂的有机氮和磷转化为可利用的无机形式的特性密切相关^[45-46].

总体来看,这些菌属在湖泊生态系统中扮演着关键角色,通过不同的代谢途径参与氮磷循环,影响着湖泊的营养状态和生态平衡.*Paracoccus* 在表层水体中的适应性表明了其在氮磷代谢中的重要性,而 *Synechococcus* 和 *Pseudomonas* 在中层水体中的作用则揭示了它们在磷循环中的关键角色.这些细菌群落和代谢功能之间的差异反映了达里湖不同水层中氮磷循环的复杂性和多样性,为深入理解湖泊生态系统中细菌介导的营养物质循环提供了重要参考.

4 结论

4.1 达里湖夏季水体浮游细菌主要由 44 门,107 纲,220 目,403 科,796 属组成.其中表层水体的细菌群落多样性最高,底层水体细菌群落丰富度最高.优势菌属由表层的 *Paracoccus*、*Synechococcus*、*Thermus*、CL500-29_marine_group、norank_f_Nitiriliruptoraceae 转变为中层和底层的 *Pseudomonas*、*Paracoccus*、*Synechococcus*、CL500-29_marine_group、norank_f_Nitiriliruptoraceae.

4.2 生态网络中,不同深度水体的细菌群落之间主要是协同作用占主导.度值筛选下的重要菌属和丰度值筛选下的优势菌属结果显示,CL500-29_marine_group、*Thermus*、*Synechococcus*、norank_o_NB1-n 和 norank_f_CK06-06-Mud-MAS4B-21 在两种筛选下保持一致,反映了特定微生物类群在

特定生境中的适应性优势及其在竞争中的独特生理特性。*Thermus* 等菌属在高温环境中的优势地位进一步强调了环境因素对微生物群落结构和功能的影响。

4.3 对湖泊水体浮游细菌群落的功能组成进行 PICRUS2 预测,得到 6 种初级功能及 12 种次级代谢功能。进一步对第二层级 N、P 相关的代谢功能进行分析,其不同水深之间存在明显的空间差异性,中层水中 N、P 代谢功能的丰度显著高于表层和底层,表层水中含量最低,表明了稳定的生存环境在维持细菌群落结构和功能中的关键作用。

参考文献:

- [1] Dong X, Peng Y, Wang M, et al. Evolutionary ecology of microbial populations inhabiting deep sea sediments associated with cold seeps [J]. *Nat Commun*, 2023,14(1):1127.
- [2] 杜蕾,李文宝,杨旭,等.达里诺尔湖夏季水体浮游细菌群落垂直变化特征差异 [J]. *地球科学*, 2020,45(5):1818-1829.
Du L, Li W B, Yang X, et al. Vertical changes of planktonic bacteria community and predictive functional analysis in summer Dali-Nor Lake [J]. *Journal of Earth Science*, 2020,45(5):1818-1829.
- [3] 杨旭.冰封期达里诺尔湖菌群结构特征与环境因子响应研究 [D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2018.
Yang X. Response of bacterial community structure and environmental factors in Dali-Nor Lake during the freezing season [D]. Hohhot:Inner Mongolia Agricultural University, 2018
- [4] Qin B, Zhou J, Elser J J, et al. Water Depth Underpins the Relative Roles and Fates of Nitrogen and Phosphorus in Lakes [J]. *Environ Sci Technol*, 2020,54(6):3191-3198.
- [5] 李文宝,刘志娇,杨旭,等.内蒙古高原达里诺尔湖夏季水体稳定同位素变化特征 [J]. *湖泊科学*, 2019,31(2):539-550.
Li W B, Liu Z J, Yang X, et al. Changes of stable oxygen and hydrogen isotopes in summer Dali-nor Lake in Inner Mongolia of Northern China [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2019,31(2):539-550.
- [6] Baatar B, Chiang P W, Rogozin D Y, et al. Bacterial Communities of Three Saline Meromictic Lakes in Central Asia [J]. *PLoS One*, 2016, 11(3):e0150847.
- [7] Faust K, Sathirapongsasuti J F, Izard J, et al. Microbial co-occurrence relationships in the human microbiome [J]. *PLoS Comput Biol*, 2012,8(7):e1002606.
- [8] 王雪,刘晋仙,柴宝峰,等.宁武亚高山湖泊细菌群落的时空格局及驱动机制 [J]. *环境科学*, 2019,40(7):3285-3294.
Wang X, Liu J X, Chai B F, et al. Spatio-temporal patterns of microbial communities and their driving mechanisms in Subalpine Lakes, Ningwu, Shanxi [J]. *Environmental Science*, 2019,40(7):3285-3294.
- [9] 李文宝,郭鑫,张博尧,等.达里湖表层水体浮游细菌群落结构的夏-冬季节差异 [J]. *环境科学*, 2021,42(12):5814-5825.
Li W B, Guo X, Zhang B Y, et al. Characteristics of Planktonic Bacteria Community Between Summer and Winter Surface Water in Dali Lake [J]. *Environmental Science*, 2021,42(12):5814-5825.
- [10] 王敏,张雨桐,黄晨,等.西安市景观湖泊水体细菌群落结构分析与代谢功能预测 [J]. *环境科学*, 2023,44(2):847-856.
Wang M, Zhang Y T, Huang C, et al. Bacterial community structure and the prediction of metabolic function in Landscape Lake Water in Xi'an [J]. *Environmental Science*, 2023,44(2):847-856.
- [11] 孟华旦,薛墨,郭小芳,等.西藏纳木错沿岸表层水体浮游细菌群落结构及生态功能预测 [J]. *冰川冻土*, 2023,45(1):254-266.
Meng H D S, Xue Z, Guo X F, et al. Structure of bacterioplanktonic community and ecological function prediction in coastal surface water of Nam Co lake, Tibet [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2023,45(1):254-266.
- [12] 杨文焕,甄玉,姚植,等.高原盐化湖泊沉积物氮代谢特征解析 [J]. *中国环境科学*, 2023,43(3):1328-1339.
Yang W H, Zhen Y, Yao Z, et al. Characterization for nitrogen metabolism of sediments in highland saline lake [J]. *China Environmental Science*, 2023,43(3):1328-1339.
- [13] Ylla I, Peter H, Romani A M, et al. Different diversity-functioning relationship in lake and stream bacterial communities [J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2013,85(1):95-103.
- [14] 尹源,范雪松.1990-2019 年达里诺尔湖水体面积变化遥感监测 [J]. *安徽农业科学*, 2022,50(2):92-94.
Yin Y, Fan X S. Remote sensing monitoring of water area changes in Darinore Lake from 1990 to 2019 [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2022,50(2):92-94.
- [15] 刘志娇.达里诺尔湖水动力条件及氢氧稳定同位素试验研究 [D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学, 2015.
Liu Z J. Tests of Hydrodynamics and hydrogen and oxygen stable isotopes in Lake Dalinuoer [D]. Hohhot:Inner Mongolia Agricultural University, 2015.
- [16] 史玉娇,李文宝,张博尧,等.河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征 [J]. *环境科学*, 2022,43(3):1424-1433.
Shi Y J, Li W B, Zhang B Y, et al. Characteristics of bacterial community structure in Wuliangsu Lake during an irrigation interval in Hetao Plain [J]. *Environmental Science*, 2022,43(3):1424-1433.
- [17] 杜蕾,李畅游,李文宝,等.夏季达里诺尔湖浮游细菌群落表、底层结构特征及其关键驱动因子 [J]. *生态科学*, 2021,40(6):13-20.
Du L, Li C Y, Li W B, et al. Surface and bottom characteristics of bacterioplankton community in summer Dali-nor Lake and its key driving factors [J]. *Ecological Science*, 2021,40(6):13-20.
- [18] Chen S, Zhou Y, Chen Y, et al. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor [J]. *Bioinformatics*, 2018,34(17):i884-i890.
- [19] Magoc T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. *Bioinformatics*, 2011,27(21):2957-2963.
- [20] Zhou L, Wang P, Huang S, et al. Environmental filtering dominates bacterioplankton community assembly in a highly urbanized estuarine ecosystem [J]. *Environ. Res.*, 2021,196:110934.
- [21] Tian B, Hua Y. Carotenoid biosynthesis in extremophilic *Deinococcus-Thermus* bacteria [J]. *Trends Microbiol.*, 2010,18(11):512-520.
- [22] Weisburg W G, Giovannoni S J, Woese C R. The *Deinococcus-*

- Thermus phylum and the effect of rRNA composition on phylogenetic tree construction [J]. *Syst. Appl. Microbiol.*, 1989,11:128-134.
- [23] Gupta R S. The phylogeny of proteobacteria: relationships to other eubacterial phyla and eukaryotes [J]. *FEMS Microbiol. Rev.*, 2000, 24(4):367-402.
- [24] John P, Whatley F R. *Paracoccus denitrificans* and the evolutionary origin of the mitochondrion [J]. *Nature*, 1975,254(5500):495-498.
- [25] John P, Whatley F R. The bioenergetics of *Paracoccus denitrificans* [J]. *Biochim. Biophys. Acta*, 1977,463(2):129-153.
- [26] Henne A, Bruggemann H, Raasch C, et al. The genome sequence of the extreme thermophile *Thermus thermophilus* [J]. *Nat. Biotechnol.*, 2004,22(5):547-553.
- [27] Lalucat J, Bennisar A, Bosch R, et al. Biology of *Pseudomonas stutzeri* [J]. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 2006,70(2):510-547.
- [28] 吴庆龙,江和龙.中国湖泊微生物组研究 [J]. 中国科学院院刊, 2017,32(3):273-279.
- Wu Q L, Jiang H L. China Lake Microbiome Project [J]. *Bulletin of Chinese Academy of Sciences*, 2017,32(3):273-279.
- [29] 史玉娇,李文宝,郭 鑫.黄河内蒙段开河期细菌群落结构特征研究 [J]. 中国环境科学, 2024,44(3):1487-1496.
- Shi Y J, Li W B, Guo X. Characterization of bacterial community structure during the opening period of the Yellow River in Inner Mongolia [J]. *China Environmental Science*, 2024,44(3):1487-1496.
- [30] 李文宝,杨 旭,田雅楠,等.冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异 [J]. 环境科学, 2021,42(5):2276-2286.
- Li W B, Yang X, Tian Y N, et al. Changes in the bacterioplankton community between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake [J]. *Environmental Science*, 2021,42(5):2276-2286.
- [31] 胡佳欣,陈 瑜,袁伟皓.太湖入湖河口表层沉积物细菌群落结构和功能演变规律研究 [J]. 环境科学学报, 2023,43(10):371-381.
- Hu J X, Chen Y, Yuan W H. Research on the variation of bacterial community structure and function in the estuarine surface sediment of Taihu Lake [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2023,43(10):371-381.
- [32] Feng C, Lu J, Jia Y, et al. Changes in Freeze-Thaw Environments in a Cold Lake: Eliciting New Insights into the Activity and Composition of Bacterial Communities [J]. *Diversity*, 2024,16(6):311.
- [33] Guo L, Wang G, Sheng Y, et al. Groundwater microbial communities and their connection to hydrochemical environment in Golmud, Northwest China [J]. *Sci. Total Environ.*, 2019,695:133848.
- [34] 张博尧,李文宝,郭 鑫,等.冰封-非冰封条件下达里湖 TDS 空间变化及影响因素 [J]. 干旱区资源与环境, 2024,38(8):149-158.
- Zhang B Y, Li W B, Guo X, et al. Spatial variation of TDS in Lake Dali under ice-covered-non-ice-covered conditions and its influencing factors [J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2024,38(8):149-158.
- [35] 李 新,焦 燕,代 钢,等.内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性 [J]. 中国环境科学, 2016,36(1):249-260.
- Li X, Jiao Y, Dai G, et al. Soil bacterial community diversity under different degrees of saline-alkaline in the Hetao Area of Inner Mongolia [J]. *China Environmental Science*, 2016,36(1):249-260.
- [36] 刘 欢,杨晨曦,秦树敏,等.C/N对HN-AD菌藻颗粒污泥体系处理农村污水的影响 [J]. 中国环境科学, 2024,44(3):1296-1306.
- Liu H, Yang C X, Qin S M, et al. Effects of C/N on the treatment of rural wastewater by HN-AD bacterial-algal granular sludge system [J]. *China Environmental Science*, 2024,44(3):1296-1306.
- [37] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria [J]. *Ecology*, 2007,88(6):1354-1364.
- [38] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities [J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2006,103(3):626-631.
- [39] 郑 鑫.不同盐度滨海水体浮游植物及微生物对氮磷的响应过程研究 [D]. 烟台:中国科学院大学(中国科学院烟台海岸带研究所), 2023.
- Zheng X. Phytoplankton and microbial response processes to nitrogen and phosphorus in coastal waters at different salinities [D]. Yantai: University of Chinese Academy of Sciences(Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences), 2023.
- [40] 王宝茹,王 旭,王伟波,等.Cu-NiR 与 cd₁-NiR——两类反硝化亚硝酸还原酶研究进展 [J]. 植物科学学报, 2021,39(3):324-334.
- Wang B R, Wang X, Wang W B, et al. Cu-NiR and cd₁-NiR: Advances in two kinds of denitrifying nitrite reductase [J]. *Plant Science Journal*, 2021,39(3):324-334.
- [41] 马 奔.好氧反硝化菌脱氮过程研究 [D]. 西安:西安建筑科技大学环境科学与工程, 2021.
- Ma B. The processes of nitrogen removal by aerobic denitrifier [D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology Environmental Science and Engineering, 2021.
- [42] 石 凤,周玉婷,李佳霖,等.海洋聚球藻对不同硝酸盐浓度的响应特征 [J]. 海洋科学, 2023,47(11):110-120.
- Shi F, Zhou Y T, Li J L, et al. Response characteristics of marine *Synechococcus* under different nitrate concentrations [J]. *Marine Sciences*, 2023,47(11):110-120.
- [43] 郑 强,贺博闻,史文卿,等.海洋超微型蓝细菌聚球藻的生态学研究进展 [J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2023,62(3):301-313.
- Zheng Q, He B W, Shi W Q, et al. Ecological research progress on marine picocyanobacterial *Synechococcus* [J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science)*, 2023,62(3):301-313.
- [44] Holmes A J, Costello A, Lidstrom M E, et al. Evidence that particulate methane monooxygenase and ammonia monooxygenase may be evolutionarily related [J]. *FEMS Microbiol. Lett.*, 1995,132(3):203-208.
- [45] 慕庆峰,文波龙,贝丽霞,等.一株反硝化聚磷菌的脱氮、除磷能力及其固定化净化水体的研究 [J]. 湿地科学, 2013,11(2):227-232.
- Cai Q F, Wen B L, Bei L X, et al. Nitrogen and phosphorus removal ability of a denitrifying phosphate accumulating bacteria and its immobilization on water purification [J]. *Wetland Science*, 2013, 11(2):227-232.
- [46] 李庭芳,周 蕾,吴永红,等.周丛生物在土水界面碳氮磷元素迁移转化中的作用 [J]. 水生态学杂志, 2024,45(4):28-39.
- Li T F, Zhou L, Wu Y H, et al. Role of periphyton in migration and transformation of carbon, nitrogen, and phosphorus elements at soil-water interface [J]. *Journal of Hydroecology*, 2024,45(4):28-39.

作者简介: 金宇琦(2000-),女,内蒙古赤峰人,内蒙古农业大学,硕士研究生,主要研究方向为湖泊水环境演变及修复. r190608qi@163.com.