李 玲,范廷玉,周金龙,等.干旱区含氟地下水微生物群落特征及其环境响应 [J]. 中国环境科学, 2026,46(1):354-364.
Li L, Fan T Y, Zhou J L, et al. Microbial community characteristics and environmental response of fluorinated groundwater in arid areas [J]. China Environmental Science, 2026,46(1):354-364.

干旱区含氟地下水微生物群落特征及其环境响应

李 玲[1],范廷玉[1,2*],周金龙[3],杨长德[1],宫云晓[1] (1.新疆工程学院新疆煤炭资源绿色开采教育部重点实验室,新疆 乌鲁木齐 830023；2.安徽理工大学地球与环境学院,安徽 淮南 232001；3.新疆农业大学水利与土木工程学院,新疆 乌鲁木齐 830052)

摘要：为查明干旱区含氟地下水中微生物群落结构、功能特征及其与水化学环境因子之间的作用关系,以和田河流域绿洲区 LF 组($\rho(F^-)$≤1.0mg/L)、MF 组(1.0mg/L <$\rho(F^-)$≤2.0mg/L)、HF 组($\rho(F^-)$>2.0mg/L)3 组地下水为研究对象,采用 16s RNA 高通量测序技术探究不同氟(F^-)含量水平下地下水细菌群落多样性、结构及功能差异.结果表明:①3 组地下水中细菌群落多样性指数受 F^-含量影响较小,但群落结构差异明显.②变形菌门是 3 组地下水的优势菌门,相对丰度分别为 67.61%(LF 组)、52.02%(MF 组)、41.34%(HF 组);嘉利翁氏菌属、氢噬胞菌属、硝化螺旋菌属、*Ferritrophicum* 等在 LF 组或 MF 组的相对丰度远高于 HF 组;鞘脂菌属是 HF 组的优势菌属,在 LF 组和 MF 组中相对丰度很低.③F^-、HCO_3^-、Ca^{2+}、NO_3^-和 Cl^-为影响含氟地下水细菌群落结构的关键化学指标.④根据 PICRUSt2 功能预测,3 组地下水中主要功能基因均为新陈代谢功能,与 LF 组相比,HF 组的细菌在参与辅因子丰度和维生素代谢的途径中活性显著降低.⑤HF 组相对丰度较高的嘉利翁氏菌属、氢噬胞菌属、硝化螺旋菌属等化能自养型固碳微生物均与 F^-和 HCO_3^-含量呈显著负相关性,与 Ca^{2+}含量呈显著正相关(P<0.01).绿洲区地下水中微生物群落结构、功能差异及其与环境因子的相关性,体现了干旱区含氟地下水中化能自养型固碳微生物对 F^-的迁移与转化过程有显著影响,其相对丰度同时也受到 F^-含量的影响.

关键词：含氟地下水；群落结构；功能预测；化能自养型固碳微生物
中图分类号：X523 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)01-0354-11

Microbial community characteristics and environmental response of fluorinated groundwater in arid areas. LI Ling[1], FAN Ting-yu[1,2*], ZHOU Jin-long[3], YANG Chang-de[1], GONG Yun-xiao[1] (1.Key Laboratory of Xinjiang Coal Resources Green Mining, Ministry of Education, Xinjiang Institute of Engineering, Urumqi 830023, China；2.School of Earth and Environment, Anhui University of Science and Technology, Huainan 232001,China；3.College of Water Conservancy and Civil Engineering, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China). *China Environmental Science*, 2026,46(1)：354~364

Abstract：Microbial community structures, functional characteristics, and their relationships with hydrochemical environmental factors in arid areas of oasis area of the Hotan River Basin with fluoride-containing groundwater were investigated. Three groups of groundwater were analyzed: the LF group ($\rho(F^-)$ ⩽ 1.0mg/L), MF group (1.0mg/L<ρ (F^-) ⩽ 2.0mg/L), and HF group (ρ (F^-)>2.0mg/L). The diversity, structural composition, and functional characteristics of the bacterial communities in the groundwater of the three groups were investigated using high-throughput sequencing. The results showed that ① While the diversity of the bacterial communities in the three groups was less affected by F contents, significant differences in community compositions were observed. ②Proteobacteria represented the dominant phylum in all three groups, with relative abundance of 67.61% (LF group), 52.02% (MF group), and 41.43% (HF group). The dominant bacterial genus in the HF group was *Sphingobium*, which had relatively low abundance in the LF and MF groups. The relative abundance of *Gallionella, Hydrogenophaga, Nitrospira*, and *Ferritrophicum* was markedly higher in the LF or MF groups compared with the HF group. ③ F^-, HCO_3^-, Ca^{2+}, NO_3^-, and Cl^- were key indicators that affected bacterial community structures in F-containing groundwater. ④ PICRUSt2 functional prediction indicated that metabolic functions dominated in all three groups, while bacteria in the HF group showed reduced activities in pathways involved in co-factor abundance and vitamin metabolism compared with the LF group. ⑤ *Gallionella, Hydrogenophaga, Nitrospira*, and other chemoautotrophic carbon-fixing microorganisms , which had relatively high abundance in the HF group were significantly negatively correlated with the F^- and HCO_3^- contents, and significantly positively correlated with the Ca^{2+}content (P<0.01). At the same time, *Nitrospira* was also positively correlated with NO_3^- and negatively correlated with NH_4^+(P<0.01). The structural and functional differences in microbial communities in the groundwater of the oasis area of the Hotan River Basin, as well as their correlations with environmental factors, reflect the bidirectional relationship between chemoautotrophic carbon-fixing microorganisms and groundwater F^- contents in arid areas.

Key word：fluorinated groundwater；community structure；functional prediction；chemoautotrophic carbon fixing microorganisms

收稿日期：2025-06-03
基金项目：新疆维吾尔自治区自然科学基金(2023D01A84);国家自然科学基金资助项目(52364021)

* 责任作者, 教授, ayufty@163.com

微生物是地下水系统的重要组成部分[1],它们通过同化、异化作用等代谢活动,积极参与物质循环和能量转换,从而深刻影响着地下水中化学成分的形成与演化[2].目前,围绕微生物作用下地下水中SO_4^{2-}、NO_3^-、Fe、Mn、As 等化学成分的迁移与转化已开展大量研究[3-8].但由于氟具有抗菌活性,可抑制酶的活性、细胞内酸的形成以及营养物质的吸收、转化与利用[9-10],在以往对地下水系统中氟循环的研究,微生物因素未被充分考虑.近年来,随着分子生物学技术的发展,微生物对地下水中氟循环的影响逐渐成为环境水文地质学领域的研究热点.已有研究证实,微生物可通过释放外源性物质降低 pH 值、形成络合离子或改变矿物饱和度,加速萤石、磷灰石、黑云母等含氟矿物中氟的释放,积极参与氟循环[11-14].同时,微生物的生长与环境因素密切相关,水化学特征及水动力条件的变化,将直接影响微生物的生存状态,进而改变水-微生物-矿物相互作用过程,最终对地下水系统内氟的迁移转化产生影响[15],如 Zhang 等[16]对运城市七级镇浅层高氟地下水的调查分析表明,F^-和 TOC 可能在这些地下水微生物群落结构的形成过程中发挥了重要作用;张怀胜等[17]在衡水市桃城区含氟地下水的研究中发现,门级别微生物存在 4 个典型特征类群,且 NO_3^-、F^-与取样深度是影响微生物群落结构的主要因子.陈婷等[18]研究发现新疆奎屯河流域 TDS、COD 和 F^-是影响高氟地下水微生物群落结构的显著因素,并推测微生物可能通过调节地下水的化学环境参与氟的迁移转化[18].然而不同区域含氟地下水的微生物群落特征存在地域差异,其与环境因子的相互作用机制尚未形成统一认知,且缺乏对特定功能菌群与氟迁移转化耦合关系的深入探讨.

全球范围内氟离子含量高于饮用水安全水平(1.5mg/L)是一个广泛存在的问题,但在干旱和半干旱地区最为严重[19].部分区域地下水中 F^-含量甚至超过 10mg/L,远超人体与植物的耐受阈值,此外干旱区高氟地下水常伴生高 Na^+、高 TDS、高 As 或高 I 等,存在毒性协同效应,加剧氟中毒风险[20-21].以新疆南部为例,地下水中氟含量超过 0.5mg/L 时,氟斑牙检出率已达地氟病区标准[22].和田河流域绿洲作为干旱区高氟地下水分布的典型区域,其南部高中山区出露的变质岩系含大量黑云母、角闪石等含氟矿物,为绿洲区地下水中的氟提供充足物质来源,同时在地形地貌、干旱气候影响下经过溶滤、蒸发浓缩等作用,氟迁移至冲洪积细土平原并逐年累积,使氟含量较高成为绿洲区地下水的典型特征.以往针对该区域的研究多集中于地下水中氟含量水平、空间分布、健康风险评估及水文地球化学过程[23],尚未系统开展含氟地下水微生物群落特征及微生物作用下氟的迁移转化规律研究.据课题组前期研究发现,洛浦县地下水中 F^-含量及其人体健康风险指数在绿洲区四个县市中均为最高[24].鉴于此,以和田河流域绿洲区洛浦县为例,结合水文地球化学分析与微生物生态学方法,通过 16S rRNA 高通量测序技术查明不同 F 含量地下水的微生物群落结构与功能特征,重点解析特定功能微生物与氟迁移转化的耦合关系,旨在揭示干旱区含氟地下水微生物群落的环境响应机制,为含氟地下水合理开发利用提供理论支撑,同时完善干旱区地下水氟生物地球化学循环理论体系.

1　材料与方法

1.1　研究区概况

研究区位于和田河流域的冲洪积平原,地处昆仑山北麓,塔里木盆地南缘,紧邻玉龙喀什河;属暖温带大陆性干旱沙漠气候,多年平均气温为 11.5 ℃,多年平均降水量为 34.5mm,年蒸发量为 2226mm[25].地下水类型主要以第四系孔隙潜水为主,在 259.1m 勘探深度内没有揭露到承压含水层.地表覆盖的巨厚第四纪松散堆积物构成了地下水赋存的主要场所,下伏古近纪-新近纪的砂质、粉砂质和泥质岩,构成了相对隔水的基底[24].受地形地貌控制,地下水由南向北流,含水介质南部以卵、砾石为主,向北逐渐过渡为以砂为主,个别地段夹有粉土、粉质黏土薄层或透镜体(图 1).沿地下水流程,地下水埋藏深度逐渐变浅,径流强度逐渐变弱.

研究区干旱少雨,地下水的主要补给来自河流、渠系及田间灌溉水的入渗,其次有山区基岩裂隙水的侧向补给.强烈的地面蒸发和植物蒸腾、侧向潜流补给北部沙漠区以及人工开采是地下水的重要排泄方式.

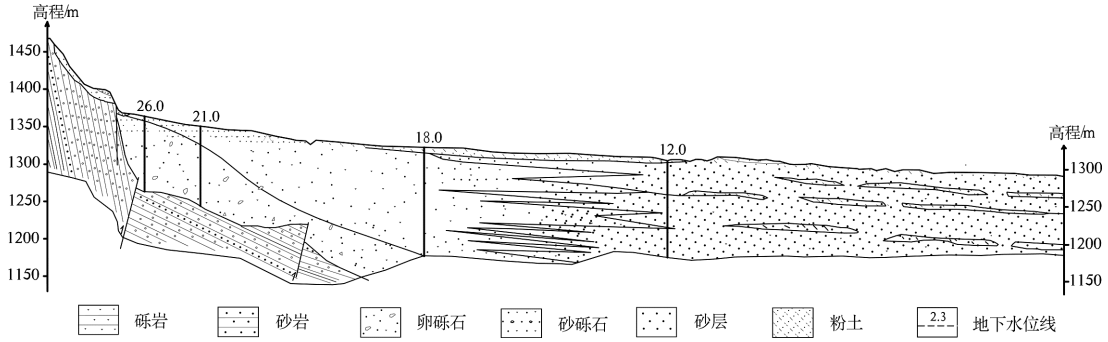


图 1 研究区典型水文地质剖面

Fig.1 Typical hydrogeological profile of the study area

1.2 样品采集与测试

依托“和田地区地下水资源保护与规划”项目,结合研究区地下水流向及实际用水情况,于 2022 年 3 月在洛浦县采集地下水样(均为潜水样,采样深度在 80~120m 之间)51 组用于水化学检测(图 2),检测指标有 TDS、pH 值、Na^+、K^+、Ca^{2+}、Mg^{2+}、Cl^-、SO_4^{2-}、HCO_3^-和 F^-,以分析洛浦县地下水中氟含量及空间分布状况.2024 年 10 月沿地下水流向选取 12 个原位点采集地下水样品,用于水化学及微生物检测,以研究洛浦县含氟地下水中微生物特征.每个点位共采集 3 份样品,一份采用便携式水质分析仪现场测定水温、pH 值等指标;一份按照《生活饮用水标准检验方法》(GB/T 5750−2023)要求[26],检测 TDS、Na^+、K^+、Ca^{2+}、Mg^{2+}、Cl^-、SO_4^{2-}、HCO_3^-、NH_4^+、NO_3^-、NO_2^-、F^-等指标;一份地下水样品(>5L)经 0.22μm 滤膜真空抽滤后放入干冰盒保存,委托上海美吉生物科技有限公司完成 16S rRNA 高通量测序.

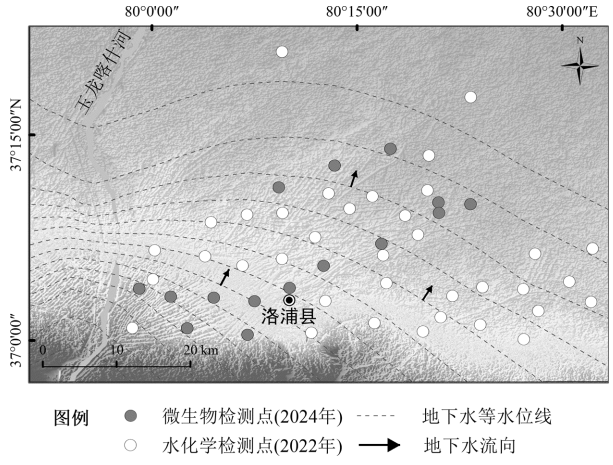


图 2 研究区采样点位置

Fig.2 Distribution of sampling points in the study area

根据 Fast DNA SPIN Kit for Soil 说明书抽取地下水样品的微生物总 DNA.完成 DNA 抽取后,测定 DNA 浓度和纯度,采用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 的完整性.使用正向引物 515F(GTGCCAGCMGCCGCGG)和反向引物 907R (CCGTCAATTCMTTTRAGTTT)对细菌 16S rRNA 基因 V4−V5 区进行 PCR 扩增,PCR 产物纯化后,构建文库并于 Illumina PE300/PE250 平台进行测序[27].对双端原始测序序列进行质控与拼接后的优化序列再进行降噪处理,生成 ASVs 表.

1.3 数据统计与分析

基于 Sliva 16S rRNA 基因数据库,使用 classify−sklearn(Naive Bayes)注释方法对 ASVs 进行物种分类学注释.依据 ASVs 表,计算 Alpha 多样性指数,分析微生物群落丰富度、均匀度等;基于 abund_jaccard 距离算法,通过主坐标分析(PCoA)对群落组成的相似性进行降维可视化,同时采用相似性分析(ANOSIM)检验不同组间群落组成的差异显著性;绘制 Upset 图、群落 Circos 图等,分析细菌群落的结构特征,识别优势菌群;采用 VIF 方差膨胀因子分析去掉共线性环境因子,并进行冗余分析(RDA 分析),识别重要环境因子及与环境变化相关的关键物种;采用 PICRUSt2(2.2.0 版本)软件对 16S 测序数据进行功能预测分析,并对组间功能分类丰度进行 *t*−test 检验[28].

2 结果与分析

2.1 地下水化学特征

洛浦县地下水呈弱碱性,pH 值在 7.15~7.72 之间;TDS 含量高,除 LP45、LP47、LP51 外,其余样品中 TDS 含量均高于 1000mg/L,平均值为 1552.9mg/L,大部分为微咸水.NH_4^+含量平均值为 0.07mg/L,NO_3^-含量平均值为 34.4mg/L,F^-含量在 0.7~2.7mg/L 之间

(表 1).洛浦县西南侧靠近玉龙喀什河以及山前砾质平原,地下水中 F^-含量普遍低于 1mg/L;向东北侧延伸,逐渐远离河道靠近沙漠地区,地下水中 F^-含量普遍高于 1mg/L.洛浦县高氟地下水处于高钠低钙的化学环境中,部分高氟地下水化学类型以 HCO_3·Cl−Na 为主,部分为处于沙漠边缘受蒸发浓缩作用影响强烈的 SO_4·Cl−Na 型水.本研究将地下水样分为 LF($\rho(F^-)\leqslant$1mg/L)、MF(1mg/L<$\rho(F^-)\leqslant$2mg/L)、HF($\rho(F^-)$>2mg/L)3 组,以进一步分析微生物群落特征及其与水化学环境因子间的关系.

表 1　研究区地下水主要离子含量

Table 1　Concentrations of principal ions in the groundwater of the study area

分组	编号	pH 值	TDS	Na^+	Ca^{2+}	Mg^{2+}	Cl^-	SO_4^{2-}	HCO_3^-	NH_4^+	NO_3^-	NO_2^-	F^-
LF	LP39	7.35	1236.9	224.0	120.2	77.8	237.5	307.4	380.8	0.04	79.6	—	1.0
	LP46	7.30	3302.4	670.9	360.7	72.9	611.5	1488.9	164.8	0.05	15.0	—	0.7
	LP47	7.72	846.0	154.5	88.2	43.7	163.1	230.5	280.7	0.04	25.6	—	1.0
	LP51	7.70	1248.5	229.5	152.3	53.5	258.8	307.4	378.3	0.05	57.8	—	0.9
	LP58	7.32	983.1	194.8	96.2	53.5	205.6	240.2	360.0	0.04	12.7	—	1.0
MF	LP02	7.38	1206.3	257.9	96.2	72.9	226.9	278.6	463.8	0.04	41.8	0.1	1.9
	LP03	7.40	1393.3	303.6	121.8	62.2	317.6	355.4	463.8	0.27	0.4	—	1.5
	LP10	7.46	1862.0	488.5	64.1	99.6	475.0	451.5	561.4	0.04	2.6	—	1.9
	LP45	7.72	637.8	125.6	56.1	36.4	134.7	163.3	225.8	0.05	2.7	—	1.9
HF	LP17	7.33	1385.1	264.6	112.2	98.2	297.8	349.7	476.0	0.04	24.6	—	2.2
	LP38	7.15	2998.2	703.6	192.4	165.2	779.9	826.1	549.2	0.08	56.0	0.3	2.7
	LP40	7.36	1534.9	309.5	57.7	144.8	282.2	384.2	524.8	0.04	93.8	0.3	2.4

注:除pH值外 , 单位:mg/L , “−”表示“未检出”.

2.2　细菌群落多样性分析

不同 F^-含量地下水的 Sobs 指数、Shannon 指数、Simpson 指数差异性如图 3 所示.Sobs 指数反映细菌种类的丰富度,HF 组略高于 MF 和 LF 组,平均值分别为 1178, 1141, 1076.Shannon 指数值越大,说明群落多样性越高,HF 组在细菌种类多样性方面略占优势,MF 组、LF 组相差不大.Simpson 指数值越大则说明群落多样性越低,3 组地下水样品的 Simpson 指数大小顺序为 LF 组>HF 组>MF 组,与 Shannon 值反映的情况相一致(图 3).

研究区 3 组地下水样中细菌种类的丰富度和多样性受 F^-含量影响较小,但细菌群落结构存在显著性差异(r=0.758,P=0.001).通过 PCoA 分析发现,HF 组、MF 组和 LF 组聚集在一起,没有重叠部分且相距较远[29](图 4).

2.3　细菌群落结构分析

对 ASVs 进行物种分类学注释,研究区 3 组地下水中共鉴定出 63 个门、196 个纲、491 个目、811 个科、1628 个属、3287 个种,总计 ASV 24008 个.

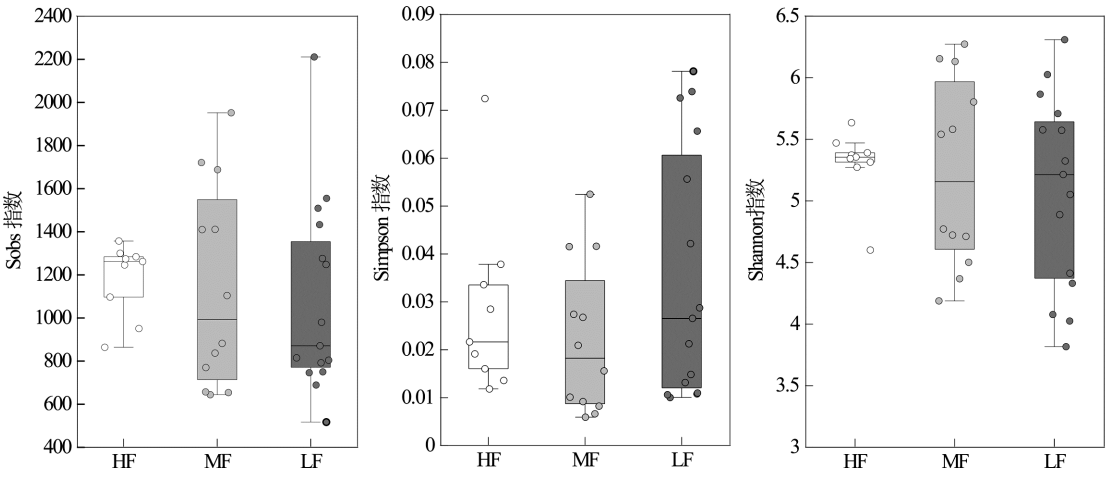


图 3　地下水细菌 Alpha 多样性指数箱型

Fig.3　Box plot of alpha diverity indices of groundwater bacterial communities

Upset 矩阵图显示了 3 组地下水中特有及共有的 ASV 和属数量.特有 ASV 数量大小顺序为 LF 组(8656 个)>MF 组(8000 个)>HF 组(5598 个),3 组共有 ASV 数量有 291 个;LF 组与 MF 组共有 ASV 数量(608 个)大于 LF 组与 HF 组共 ASV 数量(333 个)(图 5a).特有属数量的大小顺序也是 LF 组>MF 组>HF 组,共有属数量有 572 个,LF 组与 MF 组共有属个数(211 个)大于 LF 组和 HF 组共有属个数(131 个)(图 5b).由此可见,可能由于受到氟抗菌活性的影响,洛浦县 F^-含量较高($\rho(F^-)$>1mg/L)的地下水中有相当数量菌落不适宜生存,这与张怀胜等对衡水市桃城区深层含氟地下水的研究一致[17].

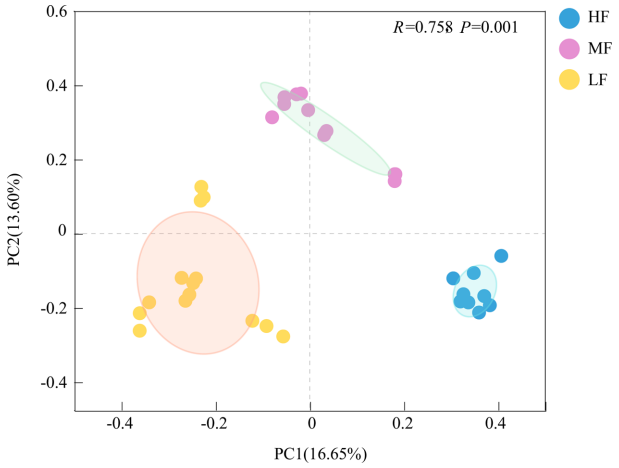


图 4 不同 F^-含量地下水细菌群落 PCoA 分析

Fig.4 PCoA of bacterial communities in groundwater with different fluoride contents

绘制门水平和属水平 HF 组、MF 组和 LF 组地下水的细菌群落 Circos 图.如图 6a 所示,门水平上 3 组地下水的优势菌门有所不同,HF 组中相对丰度前五的是变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetota)、放线菌门(Actinobacteriota)和 unclassified_k_norank_d_Bacteria;MF 组中相对丰度前五的是变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、脱硫细菌门(Desulfobacterota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota);LF 组中相对丰度前五的是变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、硝化螺旋门(Nitrospirota)、放线菌门(Actinobacteriota)、浮霉菌门(Planctomycetota).其中变形菌门是 3 组地下水中的绝对优势菌门,相对丰度分别为 67.61%、52.02%、41.34%,随 F^-含量升高其相对丰度逐渐降低;拟杆菌门的相对丰度同样也是随 F^-量升高而减低,而绿弯菌门相对丰度的大小顺序是 HF 组>MF 组>LF 组,其中 HF 组远高于其余两组.HF、LF 组中浮霉菌门和放线菌门的相对丰度高于 MF 组;厚壁菌门和脱硫酸细菌门在 MF 组的相对丰度高于其他两组;硝化螺旋体门为 LF 组的优势菌门,但在 MF 组和 HF 组中相对丰度很低.



图 5 不同 F^-含量地下水细菌群落 Upset 图

Fig.5 Upset plot of bacterial communities in groundwater with different fluoride contents

左边水平柱状图表示各样本 ASV(a)或属(b)的统计数值,中间矩阵中,单个点表示某个样本特有的 ASV 或属,点和点之间的连线表示不同样本特有的交集,竖直柱状图中则分别表示对应的交集的统计数值

洛浦县含氟地下水中相对丰度排名前五的优势菌属,大多属于变形菌门.属水平上,HF 组中的优势菌属(相对丰度>4%)为鞘脂菌属(*Sphingobium*)、unclassified_*k_norank_d_Bacteria*、无色杆菌属(*Achromobacter*)和 *norank_o_RBG-13-54-9*、

Candidatus_Omnitrophus;MF 组中优势菌属(相对丰度>4%)有嘉利翁氏菌属(*Gallionella*)、未分类氢噬胞菌属(*norank_f_Hydrogenophilaceae*)、*Ferritrophicum*;嘉利翁氏菌属(*Gallionella*)、无色杆菌属(*Achromobacter*)、氢噬胞菌属(*Hydrogenophaga*)、硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)、*Ferribacterium*、*unclassified_f_Gallionellaceae* 为 LF 组的优势菌属(相对丰度>4%)(图 6b).

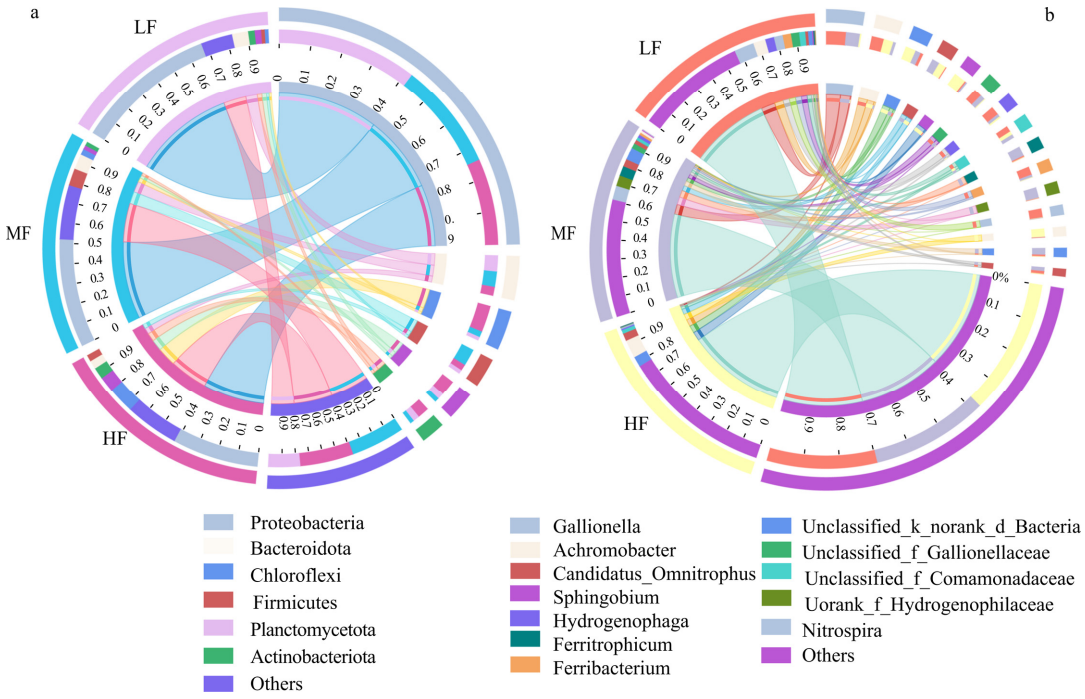


图 6　不同 F^-含量地下水细菌群落 Circos 图

Fig.6　Circos plot of bacterial communities in groundwater with different fluoride contents

2.4　细菌群落与环境因子相关性分析

选取相对丰度排名前 5 的优势菌属与地下水化学环境因子进行冗余分析(RDA),如图 7 所示,第一和第二坐标轴对群落的解释率分别为 22.00%和 11.32%,表明水化学环境对细菌群落影响显著[18].其中 F^-、NO_3^-、Ca^{2+}、Cl^-和 HCO_3^-在显著性水平上解释了细菌群落结构的差异性(r^2=0.6348,P<0.001;r^2=0.4616,P<0.001;r^2=0.3037,P<0.05;r^2=0.2255,P<0.05;r^2=0.2216,P<0.05)[30]. F^-和 HCO_3^-与嘉利翁氏菌属、*unclassified_f_Gallionellaceae*、氢噬胞菌属、无色杆菌属的相对丰度均呈负相关,仅与 *unclassified_knorank_d_Bacteria* 的相对丰度呈正相关;NO_3^-与嘉利翁氏菌属、*unclassified_f_ Gallionellaceae* 的相对丰度呈负相关,与无色杆菌属和氢噬胞菌属的相对丰度呈正相关;Ca^{2+}与嘉利翁氏菌属、*unclassified_f_ Gallionellaceae* 的相对丰度呈正相关,与无色杆菌属、*unclassified_knorank_ d_Bacteria* 的相对丰度呈负相关;Cl^-与氢噬胞菌属和无色杆菌属的相对丰度均呈负相关,与嘉利翁氏菌属、*unclassified_f_Gallionellaceae*、*unclassified_ knorank_d_Bacteria* 的相对丰度之间的相关性较弱(图 7).

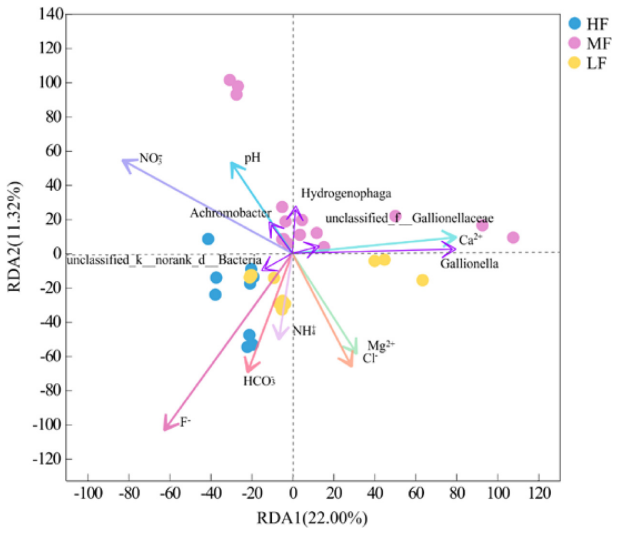


图 7　地下水优势菌属与环境因子的 RDA 分析

Fig.7　RDA chart of dominant bacterial genera in groundwater and associations with environmental factors

2.5 细菌群落功能预测分析

采用 PICRUSt2 功能预测地下水中细菌群落的功能组成及丰度,结果显示所有样品细菌群落的 KEGG 代谢通路共包括新陈代谢、遗传信息处理、环境信息处理、细胞过程、有机系统和人类疾病这 6 类一级代谢功能,46 类二级代谢功能和 418 类三级代谢功能.在二级代谢功能中全局和概览通路、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、辅因子和维生素代谢、膜运输所占比例最高(>3.0%),且其所属一级功能层均为新陈代谢(图 8).

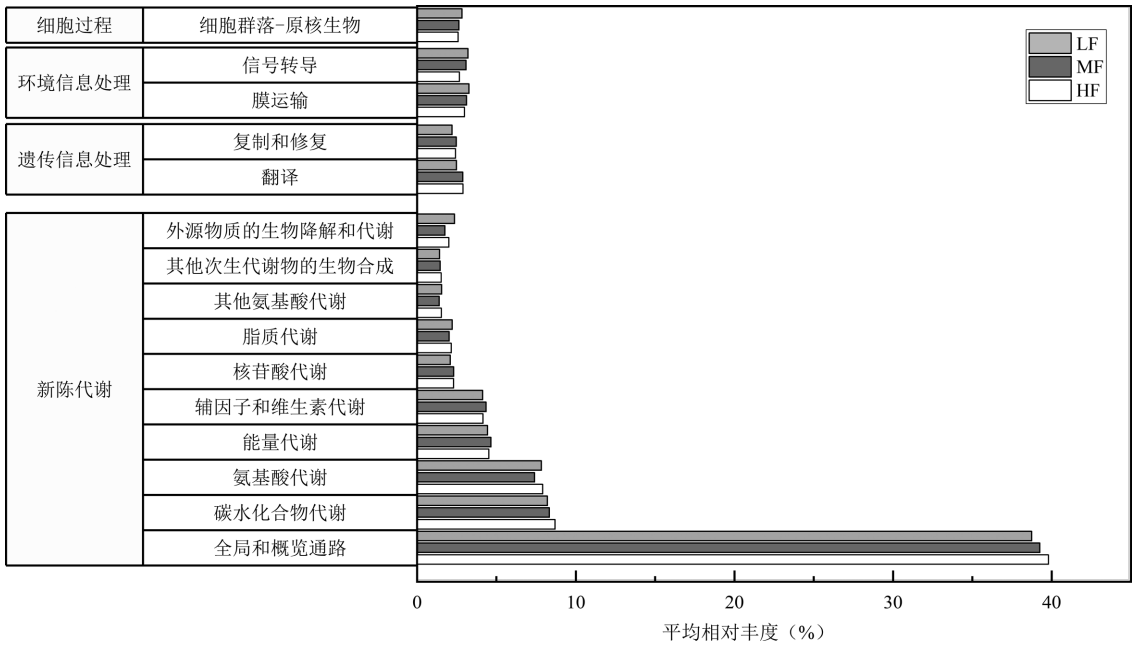


图 8 不同 F^-含量地下水细菌群落 KEGG 通路注释结果

Fig.8 KEGG pathways associated with bacterial communities in groundwater with different fluoride contents

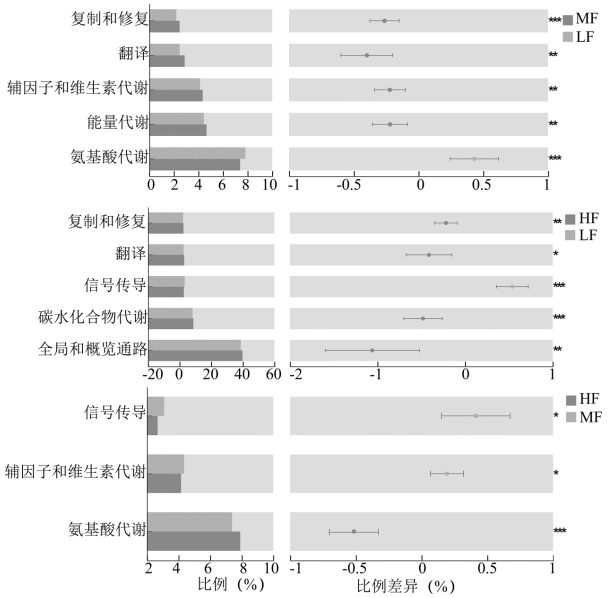


图 9 不同 F^-含量地下水细菌群落二级代谢功能的 t-test 检验柱状

Fig.9 Bar chart showing t-test analysis of the functions of secondary metabolites associated with bacterial communities in groundwater with different fluoride contents

“*”表示 P<0.05 水平下显著差异;“**”表示 P<0.01 水平下显著差异;“***”表示 P<0.001 水平下显著差异

与 LF 组比,HF 组的复制和修复、翻译、碳水化合物代谢、全局和概览通路的相对丰度显著增加,信号传导的相对丰度是显著降低的.与 LF 组比,MF 组的复制和修复、翻译、辅因子和维生素的代谢、能量代谢的相对丰度显著增加,氨基酸代谢的相对丰度是显著降低的.HF 组相对于 MF 组来说,信号传导、辅因子和维生素的代谢的相对丰度显著降低,氨基酸代谢的相对丰度是显著增加的(图 9).

3 讨论

3.1 不同 F^-含量地下水细菌群落特征

目前关于含氟地下水中微生物群落特征的研究表明,其优势菌门在不同地区存在一定的地域差异性.如研究区含氟地下水中的优势菌门为 Proteobacteria、Bacteroidota 和 Chloronlexi, Zhang 等[16]研究发现,运城市七级镇高氟地下水的优势菌门是 Proteobacteria、Bacteroidota 和 Cyanobacteria;而张怀胜等发现,衡水市桃城区深层含氟地下水中 Proteobacteria、Bacteroidota 和 Nitrospirae 是主要的

优势菌门[17];陈婷等[18]研究发现 Proteobacteria、Actinobacteria 和 Bacteroidota 是新疆奎屯河流域含氟地下水的优势菌门.尽管存在地域差异,但变形菌门作为细菌中最大的门类,广泛存在于土壤和水体等自然环境中,在含氟地下水中始终占绝对优势.洛浦县与运城市七级镇含氟地下水中变形菌门的相对丰度随 F^-含量的增加而降低,但在衡水市桃城区深层含氟地下水中变形菌门的相对丰度随 F^-含量而升高.七级镇含氟地下水样是浅层地下水,与外界环境的物质交换频繁,微生物群落更为复杂.当 F^-含量增加时,多种微生物类群可能受到不同程度的影响,使其相对丰度变化趋势不同于深层地下水[27].洛浦县含氟地下水的采样深度在 80~120m,属于中等深度地下水,处于相对封闭的环境,溶解氧含量大幅降低,营养物质相对匮乏,微生物群落结构趋于简单.F^-含量增加可能对变形菌门的代谢过程产生直接抑制作用,但变形菌门可能由于缺乏足够的能量和物质来抵御 F^-的毒性,导致其相对丰度随 F^-含量增加而降低.衡水市桃城区含氟地下水样为深层地下水,且变形菌门与 Fe 和 Mn 等金属离子存在显著的正相关性,可能由于金属离子与 F^-形成络合物,可降低 F^-的生物有效性,从而缓解对变形菌门的抑制[31].

研究区含氟地下水中优势菌属相对丰度与 F^-含量相关性显著(图 7),*Gallionella*、*Hydrogenophaga*、*Nitrospira* 和 *Ferritrophicum* 是 LF 组或 MF 组的优势菌属,在 HF 组的相对丰度普遍较低.其中 *Gallionella* 是一种化能自养的铁氧化细菌,在 LF 组(10.30%)中的相对丰度高于 MF 组(7.26%),但在 HF 组中相对丰度较低(0.55%).*Gallionella* 属于 Gallionellaceae,该菌科含有核糖二磷酸羧化酶/加氧酶(Rubisco),可通过 Rubisco 催化的反应,利用 Fe^{2+}作为电子供体,将 CO_2 或溶解无机碳(DIC)固定为有机碳,完成卡尔文-本森-巴沙姆循环[32-33].此外 *norank_f_Hydrogenophilaceae* 和 *Hydrogenophaga* 也是 LF 组和 MF 组的优势菌属.*Hydrogenophaga* 是 Hydrogenophilaceae 的代表性属,是一种兼性嗜氢自养菌,能够利用 H_2 和 CO_2 或 DIC 合成细胞有机质,其反应如下:

$$HCO_3^- + 2H_2 = CH_2 + H_2O + OH^- \quad (1)$$

$$CO_2 + 2H_2 = CH_2O + H_2O \quad (2)$$

地下水中嗜氢自养微生物的代谢和固碳过程显著影响着 DIC 的浓度[34-35].*Nitrospira* 的相对丰度在 LF 组较高(4.59%),作为典型亚硝酸盐氧化细菌,是氮循环中的关键微生物,可将亚硝酸盐(NO_2^-)氧化为硝酸盐(NO_3^-)[36-37].该过程可驱动化能自养固碳,*Nitrospira* 通过逆三羧酸循环(rTCA cycle)利用亚硝酸盐氧化产生的能量,在低氧或无氧环境中进行无机碳固定[38].研究发现,地下水系统中 rTCA 循环相关基因的丰度与 DIC 浓度呈显著相关性,表明 DIC 与基于 rTCA 固碳途径的化能自养微生物之间存在密切联系[39].硝化作用产生的硝酸盐还可加速碳酸盐岩的溶解,进而影响地下水中 DIC 的浓度.*Ferritrophicum* 是一种铁氧化细菌,在 MF 组(5.08%)中的相对丰度最高,可通过铁氧化产生的能量固定 CO_2 以支持其生长.*Gallionella*、*Hydrogenophaga*、*Nitrospira* 和 *Ferritrophicum* 均属于化能自养型微生物,具有固碳作用,它们在研究区不同氟含量地下水中相对丰度存在显著差异,可推断化能自养型固碳微生物在该区地下水的氟循环中发挥着重要作用,其生态功能与 F^-含量水平存在潜在关联[40-41].

研究区 HF 组地下水中的优势菌属是 *Sphingobium*,相对丰度为 6.34%,在 LF 组(0.66%)、MF 组(0.54%)中相对丰度低,表明 *Sphingobium* 对氟的抗菌活性可能具有一定的耐受性[42].研究发现,部分 *Sphingobium* 菌种具有溶磷功能,能够参与含水介质中磷灰石的溶解[43].萤石(CaF_2)、磷灰石[$Ca_5(PO_4)_3(OH,F,Cl)$]、云母、角闪石、某些黏土和蓝铝石(NaF)的化学风化和溶解作用地下水中是 F^-的主要物质来源,其中氟磷灰石由于其结构中的磷酸盐而容易受到微生物的攻击.具有溶磷功能的微生物可以在营养有限的条件下通过酸解、螯合和封存反应从磷灰石中获得磷酸盐等营养物质的同时[44],还有氟的释放,反应如下:

$$Ca_5(PO_4)_3F + 3H^- = 5Ca^{2+} + 3HPO_4^{2-} + F^- \quad (3)$$

研究区含水介质中有磷灰石的存在,由此可见鞘脂菌属是该区高氟地下水中氟富集的主要贡献者之一,*Sphingobium* 相对丰度与 F^-含量呈正相关性,也证实了这一观点.

3.2　化能自养固碳微生物对地下水中 F^-的影响

研究表明干旱半干旱气候下,地下水中 F^-含量主要受到萤石(CaF_2)及方解石($CaCO_3$)等含钙矿物的溶

解平衡控制[45],二者在水溶液中会发生以下反应:

$$CO_2 + H_2O \leftrightarrow H_2CO_3 \quad (4)$$

$$H_2CO_3 \leftrightarrow H^+ + HCO_3^- \quad (5)$$

$$HCO_3^- \leftrightarrow H^+ + CO_3^{2-} \quad (6)$$

$$CaCO_3(s) \leftrightarrow Ca^{2+} + CO_3^{2-} \quad (7)$$

$$CaF_2(s) \leftrightarrow Ca^{2+} + 2F^- \quad (8)$$

HCO_3^-是地下水中 DIC(溶解性无机碳)的主要组成部分之一,通常占 DIC 总量的 95%以上,其含量受碳酸平衡(式 4、5、6)控制.当 HCO_3^-含量降低时,会使反应(7)向右移动,可促进方解石进一步溶解,从而提高了 Ca^{2+}的活度,最终导致地下水中 F^-含量降低.据图 10a 显示,洛浦县地下水中 HCO_3^-与 F^-呈显著正相关性(P<0.01),表明从水文地球化学角度来看,HCO_3^-是促进该区氟向地下水中迁移和转化的重要化学环境因子;图 10b 显示,Ca^{2+}与 F^-呈负相关性(P<0.1),证实 Ca^{2+}在上述溶解平衡中抑制氟向地下水中迁移.化能自养型固碳微生物通过氧化还原态无机物质(如 Fe^{2+}、H^+、NO_2^-、NH_4^+等)来获取能量,并以溶解性无机碳(DIC)为碳源进行固碳作用,势必影响着地下水中的碳酸平衡,进而影响了含钙矿物的溶解平衡,最终导致 F^-含量的变化(图 11).

研究区含氟地下水中微生物群落组成与化学环境因子的关系也同样支持了上述推断.由图 7 可知,F^-、Ca^{2+}、NO_3^-和 HCO_3^-是影响该区地下水中细菌群落结构差异性最显著的化学环境因子.在 LF 组相对丰度较高的 *Gallionella*、*Hydrogenophaga*、*Nitrospira* 等微生物菌属均与 HCO_3^-和 F^-呈负相关性,与 Ca^{2+}呈正相关(图 11),同时 *Nitrospira* 还与 NO_3^-呈正相关,与 NH_4^+呈负相关[46],充分说明研究区含氟地下水中微生物的固碳作用对 F^-的迁移和转化具有显著影响.HF 组中化能自养固碳型微生物的相对丰度相对较低,可能由于它们对于氟的抗菌活性的耐受性较低,使其固碳代谢活动强度有所降低,从而减少 DIC 的消耗[47].

研究区 3 组不同 F^-含量的地下水中主要功能基因均为代谢相关功能,占比最大,从侧面表明含氟地下水细菌群落主要通过代谢活动对碳水化合物、氨基酸和能量进行消耗,并通过膜运输参与细菌群落间、群落与环境间的能量物质交换来维持群落功能的正常发挥[26].除去代谢功能外,辅因子和维生素代谢所占比例较高.辅因子和维生素的代谢与微生物的固碳作用有关[27],相对于 LF 组,它们在 HF 组相对丰度显著降低,进一步支持了研究区地下水中 F^-含量受化能自养微生物的固碳作用影响显著的推断.

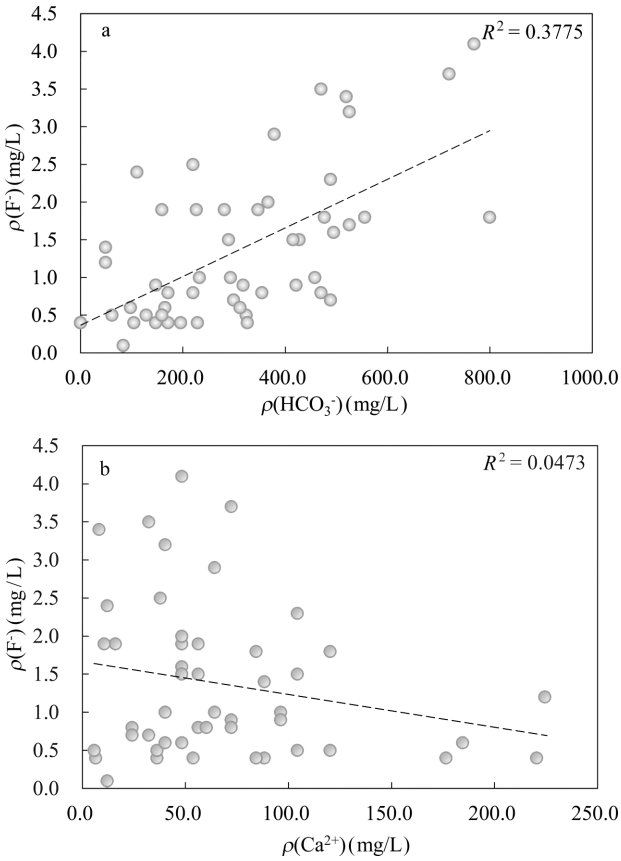


图 10 研究区地下水中 F^-与 HCO_3^-, Ca^{2+}的相关性

Fig.10 Correlations between F^- and HCO_3^-, Ca^{2+} in the groundwater of the study area

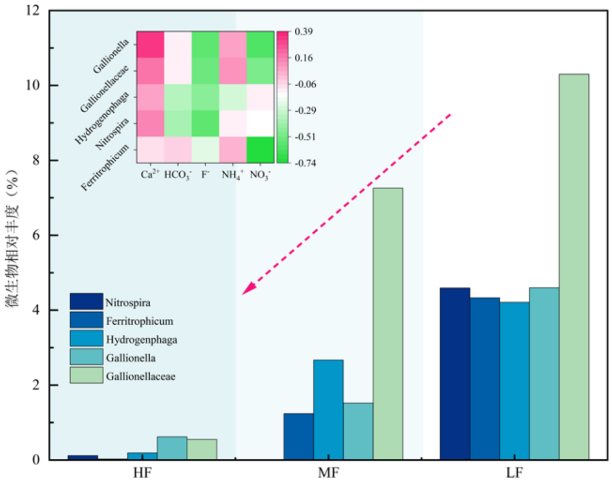


图 11 化能自养型固碳微生物相对丰度及与水化学指标的相关性

Fig.11 Relative abundance of chemoautotrophic carbon-fixing microorganisms and their associations with hydrochemical indicators

以上分析体现了研究区地下水系统中氟迁移和转化的水文地球化学过程与生物化学过程的耦合关系[48].然而,为进一步深入分析含氟地下水中固碳功能基因的多样性、功能表达及其在微生物群落中的作用机制,还需借助宏基因组学方法进行定量分析,以确定较完整的目标功能基因和物种、关键环境因子.

4　结论

4.1　洛浦县不同 F^-含量地下水中微生物群落多样性差异不明显,但在群落结构差异上受 F^-含量影响显著.除 F^-外,NO_3^-、Ca^{2+}、Cl^-和 HCO_3^-也是影响细菌群落结构差异的主要水化学环境因子.门水平上,变形菌门是洛浦县地下水中丰度最占优势的细菌物种,属水平上,*Gallionella*、*Hydrogenophaga*、*Nitrospira*、*Ferritrophicum* 等化能自养型固碳微生物的相对丰度在 LF 组或 MF 组要高于 HF 组.*Sphingobium* 是 HF 组的优势菌属,但在 LF 组或 MF 组中相对丰度很低.

4.2　3 组不同 F^-含量的地下水中细菌群落的主要功能基因均为代谢相关功能,其中全局和概览通路、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、能量代谢、辅因子和维生素代谢、膜运输所占比例较高.相较于 LF 组,与微生物的固碳作用有关的辅因子和维生素的代谢的相对丰度在 HF 组显著降低.

4.3　*Gallionella*、*Hydrogenophaga*、*Nitrospira* 等化能自养型固碳微生物均与 HCO_3^-和 F^-呈显著负相关性,与 Ca^{2+}呈显著正相关;*Nitrospira* 与 NO_3^-呈正比,与 NH_4^+呈反比.化能自养微生物的固碳作用能够降低 HCO_3^-的含量,而 HCO_3^-含量的降低可促进方解石等矿物溶解,提高 Ca^{2+}的活度,最终导致 F^-含量减少.洛浦县含氟地下水中微生物固碳作用对氟的迁移和转化具有显著影响,同时化能自养微生物的相对丰度也受到氟含量的影响.

参考文献:

[1] Gao X B, Luo W T, Luo X S, et al. Indigenous microbes induced fluoride release from aquifer sediments [J]. Environmental Pollution, 2019,252:580−590.

[2] 张人权,梁　杏,靳孟贵,等.水文地质学基础 [M]. 北京:地质出版社, 2018.
Zhang R Q, Liang X, Jin M G, et al. Fundamentals of hydrogeology [M]. Beijing: Geological Publishing House, 2018.

[3] Jiang C L, Cheng L L, Li C, et al. A hydrochemical and multi−isotopic study of groundwater sulfate origin and contribution in the coal mining area [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022,248:114286.

[4] Liu S X, Zheng T Y, Li Y X, et al. A critical review of the central role of microbial regulation in the nitrogen biogeochemical process: New insights for controlling groundwater nitrogen contamination [J]. Journal of Environmental Management, 2023,328:116959.

[5] Utom A U, Werban U, Leven C, et al. Groundwater nitrification and denitrification are not always strictly aerobic and anaerobic processes, respectively: an assessment of dual−nitrate isotopic and chemical evidence in a stratified alluvial aquifer [J]. Biogeochemistry, 2020,147:211−223.

[6] 孙群群,屈婧祎,童　曼,等.地下水水化学组成对 Fe(Ⅱ)氧化过程中锰氧化菌失活的影响 [J]. 安全与环境工程, 2021,28(3):101−107,205.
Sun Q Q, Qu J Y, Tong M, et al. Effect of groundwater hydrochemical composition on inactivation of Mn−oxidizing bacteria upon Fe (Ⅱ) oxygenation [J]. Safety and Environmental Engineering, 2021,28(3): 101−107,205.

[7] Lu S, Yang Y M, Yin H L, et al. Microbial community structure of arsenic−bearing groundwater environment in the riverbank filtration zone [J]. Water, 2022,14(10):1548.

[8] Ke T T, Zhang D, Guo H M, et al. Geogenic arsenic and arsenotrophic microbiome in groundwater from the Hetao Basin [J]. Science of the Total Environment, 2022,852:158549.

[9] Kashyap S J, San Kanna Var R, Madhu, G M. Fluoride sources, toxicity and fluorosis management techniques−A brief review [J]. Journal of Hazardous Materials Letters, 2021,2:100033.

[10] Chauhan D, Kumar R. Molecular mechanism of fluoride−induced toxicity and associated health hazards [M]//Fluorides in Drinking Water: Source, Issue, and Mitigation Strategies. Cham: Springer Nature Switzerland, 2025:117−139.

[11] Gao X B, Naseem A, Luo W T, et al. Impact of microbial activity on fluoride release from sediments in areas with high fluoride groundwater: Mechanisms, sources and the lithology diversity [J]. Science of the Total Environment, 2024,955,176940.

[12] Dong W, Xiang Q Y, Zhao H, et al. A combination of physiology, metabolomics, and genetics reveals the two−component system ResS/ResR−mediated Fe and Al release from biotite by Pseudomonas pergaminensis F77 [J]. Microbiological Research, 2024,287:127861.

[13] Olsson−Francis K, Pearson V K, Schofield P F, et al. A study of the microbial community at the interface between granite bedrock and soil using a culture−independent and culture−dependent approach [J]. Advances in Microbiology, 2016,6(3):233−245.

[14] Dai G, Durige W, Geng X, et al. Fluorite dissolution by a phosphate−solubilizing bacterium isolated from groundwater of Xianghuangqi County, Inner Mongolia, China [J]. Geomicrobiology Journal, 2019, 36(10):933−939.

[15] 李　平,谭　添,刘　韩,等.地下水微生物功能群及生物地球化学循环 [J]. 微生物学报, 2021,61(6):1598−1609.
Li P, Tan T, Liu H, et al. Functional microbial communities and the biogeochemical cycles in groundwater [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021,61(6):1598−1609.

[16] Zhang X, Gao X B, Li C C, et al. Fluoride contributes to the shaping of microbial community in high fluoride groundwater in Qiji County, Yuncheng City, China [J]. Scientific Reports, 2019,9(1):14488.

[17] 张怀胜,王梦园,蔡五田,等.深层含氟地下水微生物群落组成及环境响应特征 [J]. 地球科学, 2023,48(9):3466−3479.
Zhang H S, Wang M Y, Cai W T, et al. Characteristics of microbial community composition and environmental response in deep fluorinated groundwater [J]. Earth Science, 2023,48(9):3466−3479.

[18] 陈　婷,李　巧,宿彦鹏,等.奎屯河流域高氟地下水对微生物多样性的影响 [J]. 环境科学与技术, 2023,46(11):144−152.
Chen T, Li Q, Su Y P, et al. Effects of high fluoride groundwater on microbial diversity in Kuitun River Basin [J]. Environmental Science & Technology, 2023,46(11):144−152.

[19] Nordstrom D K, Smedley P L. Fluoride in groundwater [M]//Selinus O, Alloway B, Centeno J A, et al. Essentials of Medical Geology. Revised

ed. Dordrecht: Springer, 2013:311−336.
[20] Chouhan S, Flora S J S. Arsenic and fluoride: Two major groundwater pollutants [J]. Indian Journal of Experimental Biology, 2011,48(7): 666−678.
[21] Aydin Y, Orta−Yilmaz B. Synergistic effects of arsenic and fluoride on oxidative stress and apoptotic pathway in Leydig and Sertoli cells [J]. Toxicology, 2022,475:153241.
[22] 王建平,林 勤,张 玲,等.新疆南疆环境地理地质特点与地方性氟中毒流行现状 [J]. 中国地方病学杂志, 1997,(5):313−316.
Wang J P, Lin Q, Zhang L, et al. Environmental, geographical and geological characteristics and epidemic status of endemic fluorosis in southern Xinjiang, China [J]. Chinese Journal of Endemiology, 1997, (5):313−316.
[23] Zeng Y Y, Lu H, Zhou J Z, et al. Enrichment mechanism and health risk assessment of fluoride in groundwater in the oasis zone of the tarim basin in Xinjiang, China [J]. Exposure and Health, 2024,16(1):263−278.
[24] Li L, Ma L, Pan Z L, et al. Spatial distribution and health risk assessment of fluoride in groundwater in the oasis of the Hotan River Basin in Xinjiang, China [J]. Scientific Reports, 2025,15(1):11630.
[25] Feng F, Jia Y F, Yang Y, et al. Hydrogeochemical and statistical analysis of high fluoride groundwater in northern China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2020,27(28):34840−34861.
[26] GB/T 5750−2023 生活饮用水标准检验方法 [S].
GB/T 5750−2023 Standard examination methods for drinking water [S]
[27] 李 军,张翠云,蓝芙宁,等.区域地下水不同深度微生物群落结构特征 [J]. 中国环境科学, 2019,39(6):2614−2623.
Li J, Zhang C Y, Lan F N, et al. Structure characteristics of microbial community at different depths of groundwater [J]. China Environmental Science, 2019,39(6):2614−2623.
[28] 郭 林,毛佳玲,何 凯,等.煤矿开采区地下水微生物群落结构与功能及其对环境的响应 [J]. 地球科学, 2024,49(9):3252−3263.
Guo L, Mao J L, He K, et al. Microbial community structure and function in groundwater of abandoned coal mine and its response to environment [J]. Earth Science, 2024,49(9):3252−3263.
[29] 田 瑞,寇 谨,胡 啸,等.增温和降水变化对旱作农田土壤细菌群落结构和功能的影响 [J]. 中国环境科学, 2025,45(1):508−518.
Tian R, Kou J, Hu X, et al. Effects of warming and precipitation changes on the structure and function of soil bacterial communities in dry−crop farmland [J]. China Environmental Science, 2025,45(1):508−518.
[30] 何 泽,张 敏,宁 卓,等.区域地下水环境演化的分子生物学特征—以太行山前平原浅层水为例 [J]. 中国环境科学, 2019,39(8): 3484−3492.
He Z, Zhang M, Ning Z, et al. The environmental evolution research of regional groundwater using molecular biotechnologies: a case from the shallow groundwater in front of the Taihang Mountains [J]. China Environmental Science, 2019,39(8):3484−3492.
[31] 李 想,温建康,莫晓兰,等.含氟生物浸出体系中阳离子竞争络合解毒机理研究 [J]. 原子能科学技术, 2019,53(2):220−227.
Li X, Wen J K, Mo X L, et al. Research of fluoride detoxified by cation and its competitive complexation mechanism in fluoride−bearing bioleaching system [J]. Atomic Energy Science and Technology, 2019,53(2):220−227.
[32] Dong L H, Wang X G, Tong H, et al. Distribution and correlation of iron oxidizers and carbon−fixing microbial communities in natural wetlands [J]. Science of the Total Environment, 2024,912:168719.
[33] Alfreider A, Vogt C, Geiger−Kaiser M, et al. Distribution and diversity of autotrophic bacteria in groundwater systems based on the analysis of RubisCO genotypes [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2009,32(2):140−150.
[34] Kämpfer P, Schulze R, Jäckel U, et al. Hydrogenophaga defluvii sp. nov. and Hydrogenophaga atypica sp. nov., isolated from activated sludge [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2005,55(1):341−344.
[35] 汪夏雨.会仙岩溶湿地土壤及地下水中自养固碳微生物群落特征及其环境影响因素 [D]. 武汉:华中科技大学, 2020.
Wang X Y. The characteristics of autotrophic CO_2−fixing microorganisms and influence factors in soils and groundwaters of Huixian karst wetland [D]. Wuhan: Huazhong University of Science and Technology, 2020.
[36] 宁 卓,蔡萍萍,张 敏,等.某石油污染地下水溶解性无机碳低异常的微生物地球化学成因探析 [J]. 环境科学学报, 2019,39(4):1140−1147.
Ning Z, Cai P P, Zhang M, et al. Abnormally low dissolved inorganic carbon in petroleum contaminated groundwater caused by microbiological geochemistry [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, 39(4):1140−1147.
[37] Mueller A J, Daebeler A, Herbold C W, et al. Cultivation and genomic characterization of novel and ubiquitous marine nitrite−oxidizing bacteria from the Nitrospirales [J]. The ISME Journal, 2023,17(11): 2123−2133.
[38] Palomo A, Dechesne A, Pedersen A G, et al. Genomic profiling of Nitrospira species reveals ecological success of comammox Nitrospira [J]. Microbiome, 2022,10(1):204.
[39] Dong L, Lu J X, Dong Y, et al. Iron−scrap and pyrite mediated autotrophic denitrification in constructed wetland for enhancing nitrate−polluted groundwater remediation: Performance and mechanism [J]. Process Safety and Environmental Protection, 2024, 187:83−90.
[40] Hoover R L, Keffer J L, Polson S W, et al. Gallionellaceae pangenomic analysis reveals insight into phylogeny, metabolic flexibility, and iron oxidation mechanisms [J]. Msystems, 2023,8(6): e00038−23.
[41] Jakus N, Blackwell N, Straub D, et al. Presence of Fe (II) and nitrate shapes aquifer−originating communities leading to an autotrophic enrichment dominated by an Fe (II)−oxidizing Gallionellaceae sp. [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2021,97(11):145.
[42] Vaz−Moreira I, Nunes O C, Manaia C M. Diversity and antibiotic resistance patterns of Sphingomonadaceae isolates from drinking water [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011,77(16): 5847−5855.
[43] 李思思,张博源,符运会,等.一株高效溶磷细菌的条件优化及其溶磷特性研究 [J]. 生物技术通报, 2022,38(12):274−286.
Li S S, Zhang B Y, Fu Y H, et al. Condition optimization of an efficient phosphate−dissolving bacterial strain and its phosphate− dissolving characteristics [J]. Biotechnology Bulletin, 2022,38(12):274−286.
[44] Uroz S, Calvaruso C, Turpault M P, et al. Mineral weathering by bacteria: Ecology, actors and mechanisms [J]. Trends in Microbiology, 2009,17(8):378−387.
[45] 邓远东,冶雪艳,吴亚敏,等.松嫩平原西部地下水氟和砷的富集机理与动态变化特征 [J]. 中国环境科学, 2023,43(10):5277−5290.
Deng Y, Ye X Y, Wu Y M, et al. Enrichment mechanism and dynamic variation characteristics of fluorine and arsenic in groundwater of western Songnen Plain [J]. China Environmental Science, 2023,43(10): 5277−5290.
[46] Tang W, Ward B B, Beman M, et al. Database of nitrification and nitrifiers in the global ocean [J]. Earth System Science Data, 2023, 15(11):5039−5077.
[47] Huang J, Liu X L, Liu J G, et al. Changes of soil bacterial community, network structure, and carbon, nitrogen and sulfur functional genes under different land use types [J]. Catena, 2023,231:107385.
[48] 王金翠.水文地球化学空间变化对地下水微生物群落特征的影响机制 [D]. 长春:吉林大学, 2023.
Wang J C. Influencing mechanism of hydrogeochemical spatial variation on groundwater microbial community characteristics−a case study of the alluvial−diluvial fan of the Hutuo River [D]. Changchun: Jilin University, 2023.

作者简介：李 玲(1982−),女,山东日照人,副教授,博士,主要从事水土环境地球化学研究.发表论文 16 篇.lilingrizhao@163.com.