

实施生态工程对宁夏第二排水沟水体水质及细菌群落结构的影响

王凯¹, 邱小琮², 尹娟^{1*}, 董军林¹

1 宁夏大学 土木与水利工程学院, 宁夏 银川

2 宁夏大学 生命科学学院, 宁夏 银川

王凯, 邱小琮, 尹娟, 董军林. 实施生态工程对宁夏第二排水沟水体水质及细菌群落结构的影响[J]. 微生物学报, 2025, 65(6): 2590-2605.

WANG Kai, QIU Xiacong, YIN Juan, DONG Junlin. Effects of ecological engineering on water quality and bacterial community structure in the Second Drainage Ditch in Ningxia[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(6): 2590-2605.

摘要:【目的】以宁夏第二排水沟为研究对象, 探究实施生态工程后排水沟水体细菌群落结构特征的变化。【方法】利用高通量测序技术分析水体样本中细菌群落结构, 结合非度量多维尺度分析方法(non-metric multidimensional scaling, NMDS)和冗余分析(redundancy analysis, RDA), 探讨细菌群落的共存模式及其影响因素。【结果】生态工程实施后, 水体中的铵态氮、总氮、高锰酸盐指数、重铬酸盐指数和氟化物含量在 2021 年 8 月至 2022 年 8 月期间呈明显下降趋势; 水体细菌群落的主要优势菌门为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和绿屈挠菌门, 优势菌属主要为 *hgcI*_clade、*SAR11*_cladeIII、栖湖菌属(*Limnohabitans*)、红育菌属(*Rhodospirillum rubrum*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)。不同采样点间的群落结构差异显著。NMDS 分析表明不同月份之间的差异显著; RDA 分析表明总磷(TP)、重铬酸盐指数(COD_{Cr})和 pH 是影响细菌群落结构的主要因子。TP、COD_{Cr} 和总氮(TN)共同对细菌群落结构的解释度最大(8.81%), 其次是 TP 和 COD_{Cr} 共同对细菌群落结构的解释度(-8.05%)。【结论】实施生态工程后, 宁夏第二排水沟的水质得到了改善, 细菌群落结构更加丰富。水质理化特性在驱动宁夏第二排水沟细菌群落分布及多样性方面起到了重要作用, 为区域水体生态环境治理提供了科学依据。

关键词: 第二排水沟; 水体细菌; 生态工程; 群落结构特征

资助项目: 宁夏回族自治区自然科学基金重点项目(2023AAC02026); 宁夏回族自治区高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)

This work was supported by the Key Project of the Natural Science Foundation of the Ningxia Hui Autonomous Region (2023AAC02026) and the First-class Discipline Construction Project for Higher Education Institutions in the Ningxia Hui Autonomous Region (Hydraulic Engineering) (NXYLXK2021A03).

*Corresponding author. E-mail: yj7115@126.com

Received: 2025-02-11; Accepted: 2025-04-02; Published online: 2025-05-07

Effects of ecological engineering on water quality and bacterial community structure in the Second Drainage Ditch in Ningxia

WANG Kai¹, QIU Xiaocong², YIN Juan^{1*}, DONG Junlin¹

¹ School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia, China

² School of Life Sciences, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia, China

Abstract: [Objective] To study changes of the bacterial community structure in the Second Drainage Ditch in Ningxia after ecological engineering. [Methods] We employed high-throughput sequencing to study the bacterial community structures in water samples. We explored the factors affecting the bacterial community structure by non-metric multidimensional scaling (NMDS) and redundancy analysis (RDA). [Results] From August 2021 to August 2022, the ammonium nitrogen, total nitrogen (TN), permanganate index, dichromate oxidizability (COD_{Cr}), and fluoride in the water decreased substantially after the ecological engineering. The dominant bacterial phyla in the water were *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, and *Chloroflexi* and the dominant genera included *hgcI_clade*, *SAR11_cladeIII*, *Limnohabitans*, *Rhodospirillum rubrum*, and *Flavobacterium*. The bacterial community structures showed significant differences across different sampling locations. The NMDS results revealed significant variations in the bacterial community structure across different sampling months. The RDA results indicated that total phosphorus (TP), COD_{Cr}, and pH were the key factors influencing the bacterial community structure. Notably, TP, COD_{Cr}, and TN together explained the largest variance (8.81%) in the bacterial community structure, followed by TP combined with COD_{Cr} (−8.05%). [Conclusion] After ecological engineering, the water quality of the Second Drainage Ditch improved, and the bacterial community structure became more diverse. The physicochemical properties of the water strongly influence the distribution and diversity of bacterial communities in the Second Drainage Ditch in Ningxia, which provide a scientific basis for managing the regional water environment.

Keywords: Second Drainage Ditch; bacteria in water; ecological engineering; community structure characteristics

排水沟作为城市与乡村排水系统的重要组成部分,承担着降水径流、污水及废水的收集与排放任务^[1]。随着城市化的加速,排水沟水质问题逐渐凸显,水体污染成为生态系统的薄弱环节,影响环境质量与景观生态,并促进病原微生物的传播。细菌群落作为水体中的主要微生物,在水污染过程的介导作用以及水体净化机制中占据关键地位^[2]。因此,探究排水沟水体中细菌群落结构的动态变化及其生态环境因子

的影响已成为水生态学及环境微生物学研究的核心议题。

水体中的细菌群落结构是反映水质变化、环境因子波动及污染状态的重要生物标志物。细菌的多样性、丰度与分布受水体理化指标(如pH、温度、溶解氧浓度等)及水中营养物质的调控^[3-4]。已有研究揭示了细菌群落季节性变化及其与污染负荷的关联,在不同时间和空间尺度下,水质变化通过细菌群落的结构调整反映

水体生态状态的变化^[5-6]。因此,在沟渠、河湖水环境治理和评价过程中,通过引入微生物细菌指标来评价河湖水质。王楚尤等^[7]通过分析生态工程实施后排水沟水体理化因子及细菌群落结构特征,表明总磷(total phosphorus, TP)和氟化物(F⁻)是水体细菌群落结构的主要影响因子。万甜等^[8]对渭河流域水体细菌群落环境因子进行分析,得出细菌群落的环境响应及生态功能预测。贾海超等^[9]对柴达木盆地河流与湖泊水体微生物群落的研究为区域水资源保护和管理提供了一定的理论依据。因此,水体中细菌群落在污染源控制下的变化,不仅体现了水质的时空变异,还为水体污染防治及生态修复提供了有效的生物学依据。

宁夏地处黄河上游干旱半干旱地区,排水沟作为农业灌溉及防洪排涝的核心设施,其水质变化对区域水资源管理、土地盐碱化防治及生态环境保护具有重要影响^[10-12]。由于灌溉水量增加与城市化进程的加剧,排水沟系统的水质污染问题愈发严峻。2020年宁夏回族自治区地表水环境质量状况月报显示,第二排水沟兴庆区与贺兰县交界段沟道内水质情况基本达到IV类水平,但在9月和10月沟道内水质却为劣V类水平(<https://sthjt.nx.gov.cn/hjzl/shjzl/dbsszyb/>),水质状况依然存在风险。继主体工程完工之后,2021年3月至2021年7月又引入了生态工程。因此,本研究对宁夏第二排水沟水体细菌群落特征进行分析,探究实施生态工程后水体理化因子的变化、水体细菌群落特征以

及理化因子对水体细菌群落的影响,以期对宁夏排水沟的水污染防治和水生态环境保护提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与采样点分布

宁夏第二排水沟,又称银川市第二排水沟,是一条重要的排水沟道,全长32 km,起点位于金凤区良田镇植物园村,穿越银川市,最终流入黄河。该排水沟承担着城市泄洪和农田排水的功能,接纳银川市第五污水处理厂的尾水和沿线的生活污水。其中,兴庆区段经过胜利街、治平路、清和街、丽景街、银古路、银川市第五污水处理厂、大新镇新水桥村至贺兰县金贵镇汉佐村,全长11.8 km。

本研究在宁夏第二排水沟兴庆区境内设置了6个采样点,根据全球定位系统(global positioning system, GPS)确定各采样点的经纬度坐标及高程。各采样点的具体特征和坐标见表1。

1.2 样品采集与预处理

本研究于2022年8月至2023年8月进行采样,采样时间分别为2022年8月、2022年12月、2023年5月以及2023年8月。根据GPS确定各采样点的具体位置,在每个样点用采水器采集表层(0–50 cm)水样约5 L,置于事先用乙醇灭菌的聚丙烯采样瓶中。回实验室后将样品分为2份:一份将各水样充分摇匀后,取300 mL加入到用乙醇灭菌的滤瓶中,用0.22 μm

表1 采样点坐标和特征

Table 1 Coordinates and characteristics of sampling points

Sampling site	Longitude (E)	Latitude (N)	Elevation (m)	Position feature
S1	106.269 625°	38.426 501°	1 107.40	Shengli street intersection
S2	106.281 720°	38.440 568°	1 105.10	Baohu east road intersection
S3	106.300 610°	38.454 844°	1 103.20	Xinhua east street intersection
S4	106.309 122°	38.460 486°	1 100.10	Yintong highway intersection
S5	106.319 875°	38.466 880°	1 098.70	Beijing east road intersection
S6	106.368 652°	38.489 518°	1 095.10	Jingzang expressway intersection

孔径的聚碳酸酯滤膜(Millipore Corporation 公司)过滤; 将各滤膜置于 1.5 mL 的灭菌离心管中, 存放于 -80°C 超低温冰箱中, 用于后续的浮游细菌 16S rRNA 基因分析。另一份样品用于测定水体的理化指标。

1.3 样品理化性质测定与分析

水样采集按照《水质采样方案设计技术规范(GB12997—91)》《水质采样技术指导(GB12998—91)》和《水质采样样品的保存和管理技术规范(GB12999—91)》的要求进行^[7]。水样包括: pH、电导率(electrical conductivity, EC)、总溶解性固体(total dissolved solids, TDS)、氨氮(ammonium nitrogen, $\text{NH}_4\text{-N}$)、总氮(total nitrogen, TN)、总磷(total phosphorus, TP)、高锰酸盐指数(permanganate index, COD_{Mn})、重铬酸盐指数(chemical oxygen demand, COD_{Cr})和氟化物(以 F^- 计)共 9 个指标。

1.4 水体微生物 16S rRNA 基因检测

对于用于细菌分析的水体样品进行 16S rRNA 基因扩增子测序^[13], PCR 引物采用细菌 16S rRNA 基因序列的通用引物 B8F (5'-AGAGT TTGATCCTGGCTCAG-3') 和 B1510R (5'-GGT TACCTTGTTACGACTT-3'), 对细菌的 16S rRNA 基因进行 PCR 扩增^[14], 并对高变区进行测序分析和菌种鉴定^[15]。构建小片段文库, 基于 Illumina NovaSeq 测序平台对该文库进行双末端测序。经过 Reads 拼接过滤、操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类后进行物种注释。

1.5 数据分析与制图

利用 Excel 2021 和 SPSS 27.0 对理化指标数据及水体微生物丰度数据进行统计整理, 并通过单因素 ANOVA 检验分析数据的显著性。细菌群落的 Chao1 指数与 Shannon 指数用于分析群落的 α 多样性, 计算采用 Mothur 软件完成。门属水平下细菌群落结构通过 Origin 2022 绘制柱状堆积图呈现。基于 Bray-Curtis 距离, 采用

R 语言的“vegan”包和“ANOSIM”包对细菌群落结构进行 ANOSIM 分析, 并结合非度量多维尺度分析法(non-metric multidimensional scaling, NMDS)在 OTUs 水平研究细菌群落的相似性或差异性, NMDS 图由 R 语言绘制^[16]。CANOCO 5.0 用于冗余分析(redundancy analysis, RDA)^[17], 基于冗余距离的冗余分析则通过“rdacca.hp”包进行^[18], 以评估水体理化指标对微生物群落组成的相对影响。

2 结果与分析

2.1 水体物理化学性质

第二排水沟水体 9 组理化指标的 4 次检测结果见图 1。结果显示, 4 次采样中 TDS 无显著性差异, 而 COD_{Cr} 在 4 次采样中均存在显著性差异, 其他 7 组指标均存在一定差异。EC、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 、TN、TP、 COD_{Mn} 、 COD_{Cr} 和 F^- 这 7 个指标的含量自 2021 年 8 月至 2022 年 8 月呈明显下降趋势, 降幅均超过 20.0%。其中, F^- 含量降低幅度最大, 从 2021 年 8 月的 1.14 mg/L 降低到 2022 年 8 月的 0.61 mg/L, 降幅达 46.5%; COD_{Mn} 和 COD_{Cr} 含量分别从 14.69 mg/L 和 39.63 mg/L 降低至 9.20 mg/L 和 25.98 mg/L; $\text{NH}_4\text{-N}$ 含量从 1.52 mg/L 降低至 1.22 mg/L, TN 含量从 1.52 mg/L 降低至 1.22 mg/L, TP 从 0.35 mg/L 降低至 0.26 mg/L; EC 由 1 044.83 $\mu\text{S}/\text{cm}$ 降低至 751.00 $\mu\text{S}/\text{cm}$ 。pH 值变化无明显规律, 2022 年 8 月较 2021 年 8 月由 7.69 上升至 8.10。TDS 含量呈现降低趋势, 但总体降幅较小(8.9%)。2021 年 8 月、2021 年 12 月、2022 年 5 月和 2022 年 8 月的水体 9 组指标含量变化表明, 第二排水沟水质得到了一定净化。

2.2 水体细菌群落的多样性分析

Chao1、Observed、Shannon 和 Simpson 指数是反映微生物群落丰富度和多样性的重要指标。对不同月份水体细菌的 α 多样性指数结果绘制柱状图(图 2), Chao1 指数和 Observed 指数

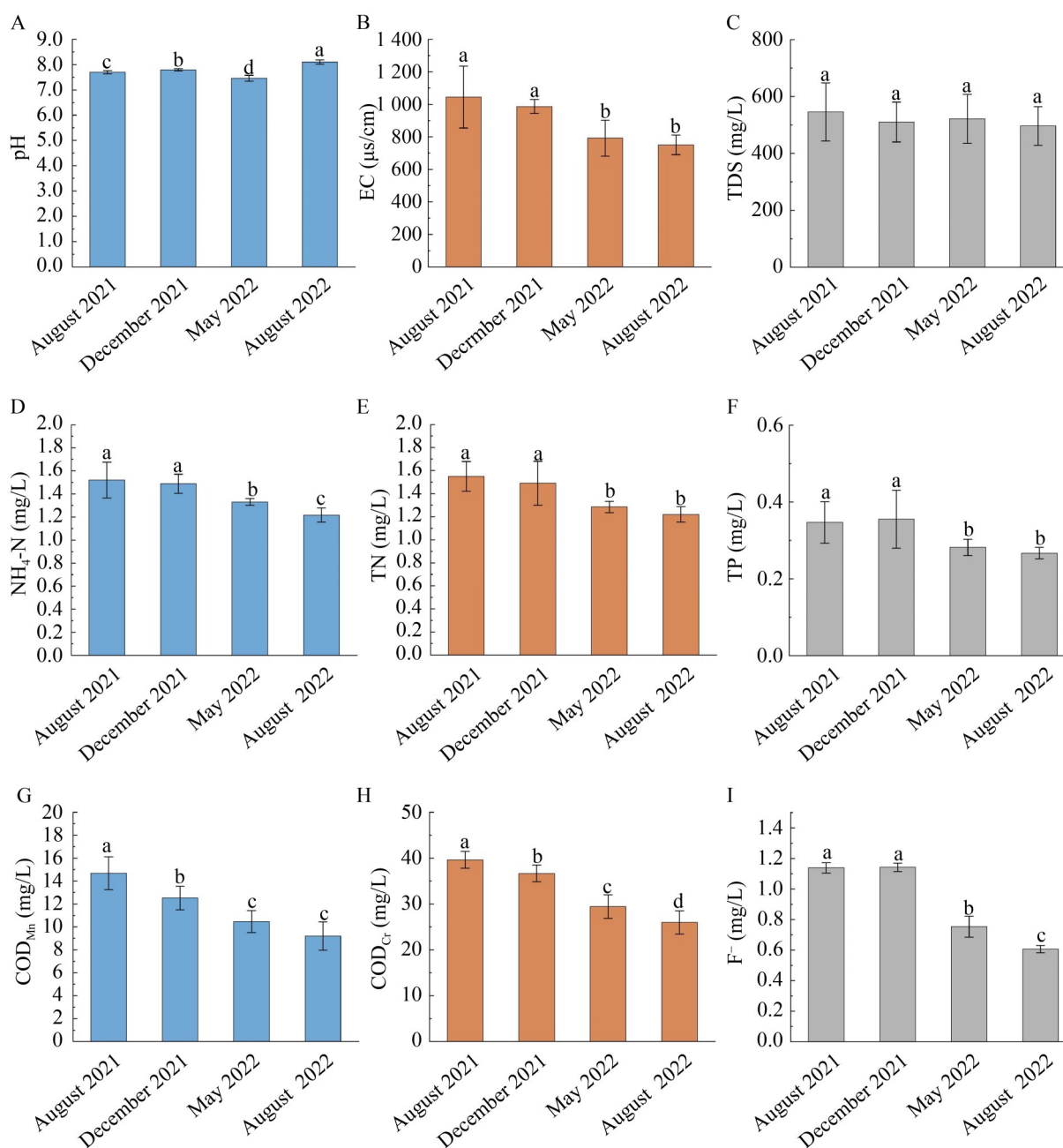


图1 不同月份水体中9种理化因子的变化特征。A: pH值; B: 电导率; C: 总溶解性固体; D: 氨氮; E: 总氮; F: 总磷; G: 高锰酸钾指数; H: 重铬酸盐指数; I: 氟化物。不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上存在显著差异。误差条表示不同月份对应指标的标准误差。

Figure 1 Variation characteristics of nine physicochemical factors in the water body across different months. A: pH; B: Electrical conductivity; C: Total dissolved solids; D: Ammonium nitrogen; E: Total nitrogen; F: Total phosphorus; G: Permanganate index; H: Chemical oxygen demand; I: Fluoride. Different letters represent significant differences at the $P<0.05$ level. The error bar represents the standard error of the corresponding index for different months.

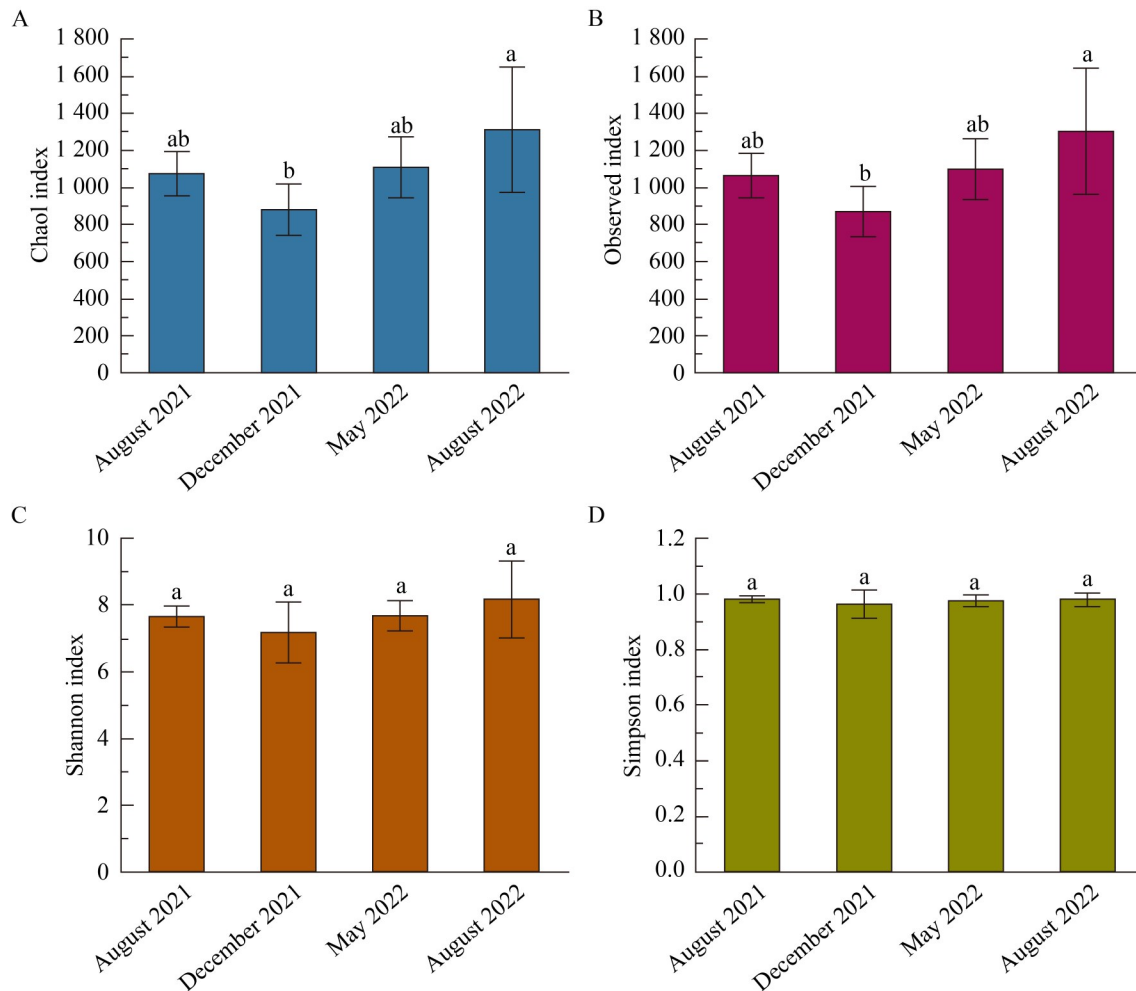


图2 不同月份水体细菌群落 α 多样性指数。A: Chao1物种丰富度指数; B: 观测物种数指数; C: Shannon多样性指数; D: Simpson多样性指数。不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上存在显著差异。误差条表示不同月份对应指标的标准误差。

Figure 2 Alpha diversity index of bacterial communities in the water body across different months. A: Chao1 index; B: Observed index; C: Shannon index; D: Simpson index. Different letters represent significant differences at the $P<0.05$ level. The error bar represents the standard error of the corresponding index for different months.

在4次采样中存在一定显著性差异, 而Shannon多样性指数和Simpson指数无显著差异。Chao1指数和Observed指数在2021年12月降至最低, 分别为879.79和871.83, 表明这一时期物种丰富度显著下降。从2022年5月开始, 这2个指标逐渐回升, 并在2022年8月达到峰值(Chao1指数: 1310.66; Observed指数: 1303.33), 反映出物种丰富度明显恢复。同时,

Shannon多样性指数和Simpson指数也表现出类似的趋势。2021年12月, Shannon指数降至7.1688, Simpson指数为0.961167, 表明群落多样性下降, 优势物种相对增多。随着时间的推移, 2022年5月和8月的多样性指数逐渐上升, Shannon指数在2022年8月达到8.1857, Simpson指数也回升至0.979833, 表明群落结构趋于稳定, 物种分布更加均匀。2021年12月

是物种丰富度和多样性的低谷,可能与季节性变化、环境干扰或人为因素相关。相比之下,到2022年8月,生态系统呈现出物种丰富度和多样性的恢复,说明环境可能有所改善或自然恢复过程逐渐显现。

2.3 细菌群落结构组成

2.3.1 门水平分类下水体细菌群落结构组成

从门水平分析4次采样水体细菌相对丰度前10的水体细菌群落特征(图3)。结果表明,相对丰度占比最大的菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)。4次采样中变形菌门的平均相对丰度及标准差分别为:2021年8月($X=49.86\%$, $SD=0.06$)、2021年12月($X=47.34\%$, $SD=0.04$)、2022年5月($X=46.64\%$, $SD=0.04$)和2022年8月($X=44.14\%$, $SD=0.07$),表明变形菌门的相对丰度呈现降低趋势,一年内其相对丰度降低了5.72%。标准差显示,2021年12月和2022年5月其相对丰度较为稳定,而2021年8月和2022年8月其相对丰度变化较大。相对丰度排名第2和第3的菌门在4次采样中存在一定差异。2021年8月为放线菌门(*Actinobacteria*, 19.00%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.45%);2021年12月为蓝细菌门(*Cyanobacteria*, 18.51%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.24%);2022年5月为放线菌门(*Actinobacteria*, 22.05%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 16.68%);2022年8月为拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 13.76%)和放线菌门(*Actinobacteria*, 12.51%)。2021年8月与2022年5月相对丰度前10的菌门丰度变化较为相似,而2021年12月和2022年8月的前10菌门相对丰度变化较为明显,2021年12月的蓝细菌门的相对丰度显著升高,2022年8月厚壁菌门(*Firmicutes*)的相对丰度也显著升高。总体而言,在相对丰度前10的菌门中,变形菌门为绝对优势菌门,其次为放线菌门、拟杆菌门和蓝细菌门。前4个菌门的相对丰度占比超过总体丰度的85.00%。

2.3.2 属水平分类下水体细菌群落结构组成

为了进一步分析属水平细菌群落结构,对6个采样点位4次采样的细菌相对丰度前10菌属绘制柱状图(图4),结果表明:2021年8月和2022年5月,S1、S2和S3点位的优势菌属主要为变形菌门的 *hgcI_clade* 和 *SAR11_cladeIII*;S4、S5和S6点位的优势菌属主要为 *hgcI_clade* 和 *Limnohabitans*。其中,*Limnohabitans*的相对丰度在2021年8月的S6点位达到最大值(18.27%),*SAR11_cladeIII*的相对丰度在2021年12月的S2点位达到最大值(27.39%)。2021年12月,6个采样点位的优势菌属为 *Limnohabitans*、*Rhodospirillum rubrum* 和 *Flavobacterium*,且 *Flavobacterium* 仅在本次采样中为优势菌属。2022年8月,S1和S2点位的优势菌属为 *hgcI_clade*、*SAR11_cladeIII* 和 *Limnohabitans*;S3点位的优势菌属为 *Candidatus_Aquaspirillum*;S4、S5和S6点位的优势菌属不明显。按不同采样月份取6个采样点位的平均相对丰度,2021年8月的优势菌属依次为 *hgcI_clade* (11.23%)、*SAR11_cladeIII* (10.67%)和 *Limnohabitans* (9.54%);2021年12月的优势菌属主要为 *Rhodospirillum rubrum* (9.90%)、*Limnohabitans* (8.15%) 和 *Flavobacterium* (7.63%);2022年5月的优势菌属主要为 *SAR11_cladeIII* (11.96%)和 *hgcI_clade* (11.21%);2022年8月,相对丰度超过5.00%的优势菌属仅为 *hgcI_clade* (6.70%)。在前3次采样中,相对丰度排名前10的菌属总占比均超过40.00%,分别为2021年12月最高(46.92%)、2021年8月(42.37%)和2022年5月(43.62%),而2022年8月前10菌属占比最低,仅为24.54%。

2.4 细菌群落结构比较

基于Bray-Curtis距离的NMDS方法用于评估不同月份水体细菌群落的相似性,结果见图5。 $Stress<0.2$ 表明图形具有较好的表现意义, $R>0$ 表示分组有效, $P<0.05$ 表示显著性差异,椭圆表示质心周围的95%置信区间。由图

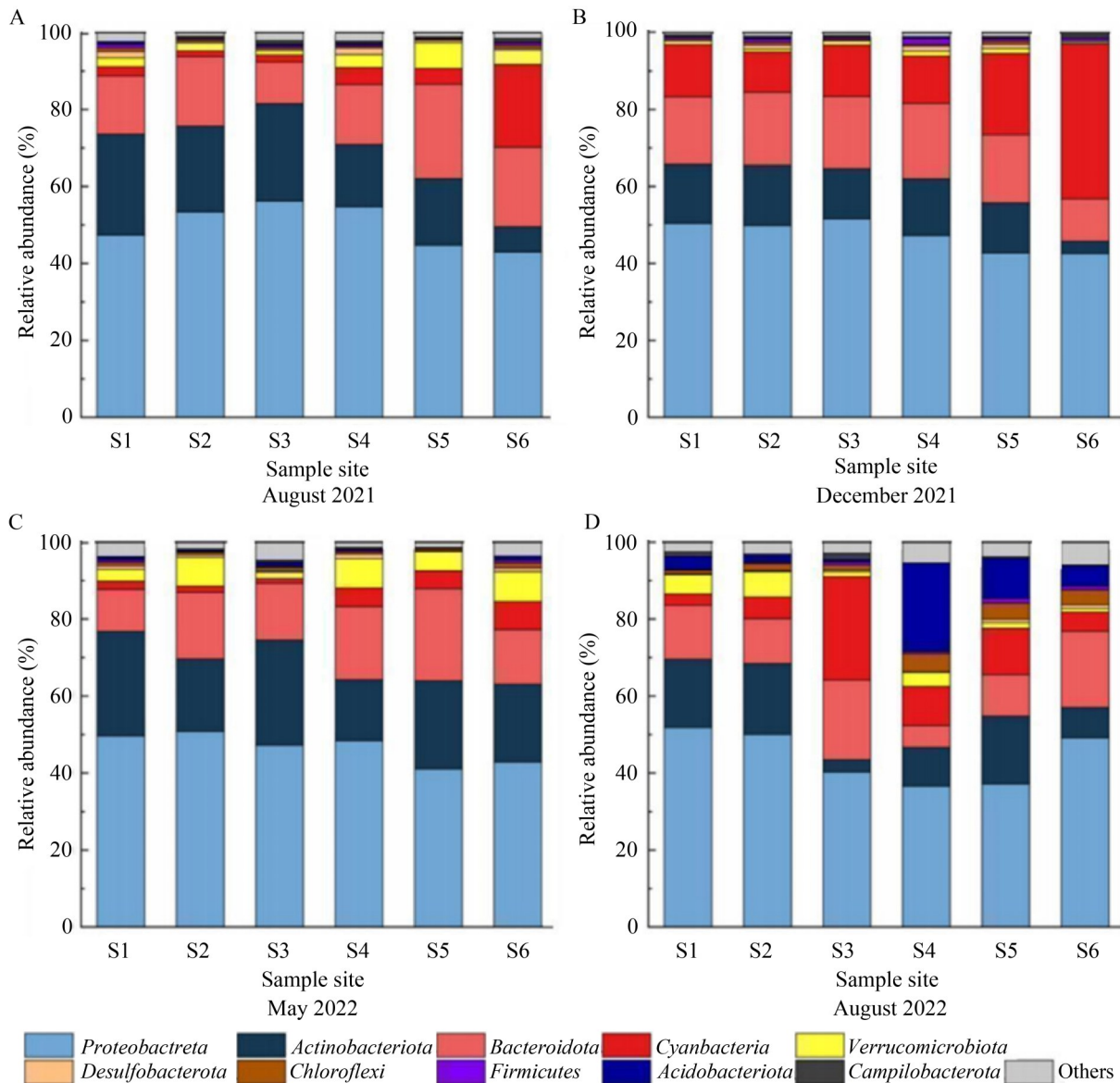


图3 门水平不同月份水体细菌群落相对丰度。A: 2021年8月门水平相对丰度前10的菌门; B: 2021年12月门水平相对丰度前10的菌门; C: 2022年5月门水平相对丰度前10的菌门; D: 2022年8月门水平相对丰度前10的菌门。

Figure 3 Relative abundance of bacterial communities at the phylum level in the water body across different months. A: Top 10 bacterial phyla in terms of relative abundance at the phylum level in August 2021; B: Top 10 bacterial phyla in terms of relative abundance at the phylum level in December 2021; C: Top 10 bacterial phyla in terms of relative abundance at the phylum level in May 2022; D: Top 10 bacterial phyla in terms of relative abundance at the phylum level in August 2022.

5 可知, $\text{Stress}=0.133$, $P\text{-value}=0.001$, $R=0.554$, 表明不同月份之间存在真实且显著的差异, 而非偶然产生的结果, R 值为 0.554, 表示不同月

份 4 次采样数据之间的关系具有中等强度。NMDS 分析表明, 不同月份之间的差异显著, 且模型的结构合理。

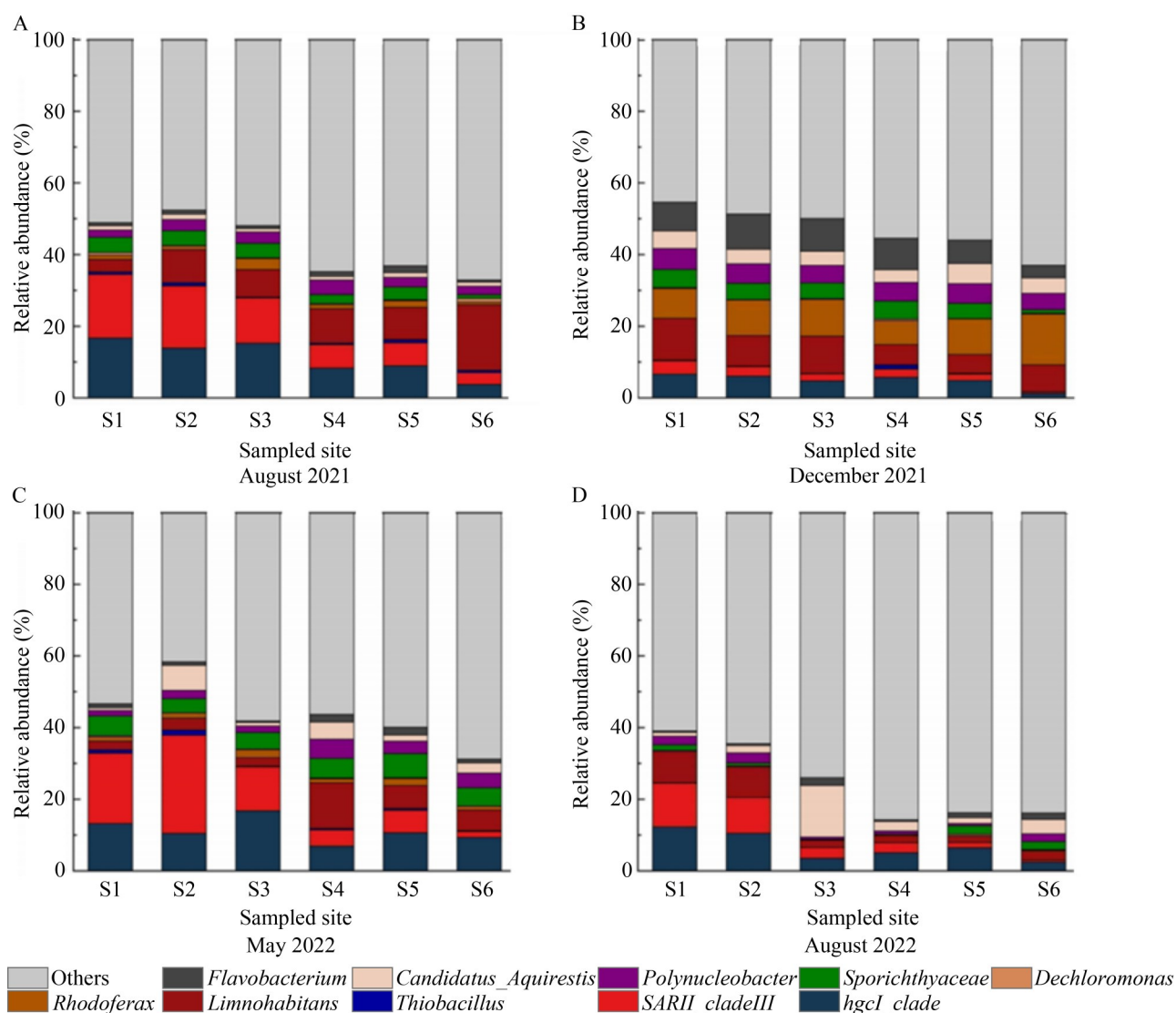


图4 属水平不同月份水体细菌群落相对丰度。A: 2021年8月属水平相对丰度前10的菌属; B: 2021年12月属水平相对丰度前10的菌属; C: 2022年5月属水平相对丰度前10的菌属; D: 2022年8月属水平相对丰度前10的菌属。

Figure 4 Relative abundance of bacterial communities at the genus level in the water body across different months. A: Top 10 bacterial genera in terms of relative abundance at the genus level in August 2021; B: Top 10 bacterial genera in terms of relative abundance at the genus level in December 2021; C: Top 10 bacterial genera in terms of relative abundance at the genus level in May 2022; D: Top 10 bacterial genera in terms of relative abundance at the genus level in August 2022.

2.5 不同种养模式下水体细菌群落结构与理化因子的相关性

2.5.1 RDA 相关性分析

采用冗余分析(RDA)对理化因子和水体细菌

门水平主要物种进行关联分析。在门水平上, 将理化因子与排名前10的优势细菌群落进行RDA分析(图6)。环境因子的长度表征对细菌群落的影响, 长度越长, 相关性越高, 影响越大;

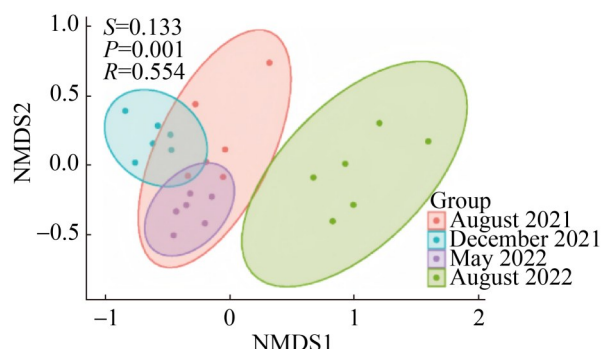


图5 水体细菌群落结构在不同月份的非度量多维尺度(NMDS)与ANOSIM分析

Figure 5 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) and ANOSIM analysis of bacterial community structure in the water body across different months.

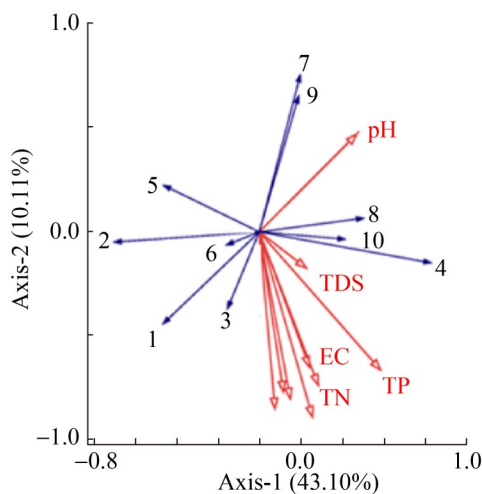


图6 理化因子与水体细菌群落组成(门水平)的RDA分析

Figure 6 Correlation analysis between physicochemical factors and bacterial community composition (phylum level). 1: *Proteobacteria*; 2: *Actinobacteriota*; 3: *Bacteroidota*; 4: *Cyanobacteria*; 5: *Verrucomicrobiota*; 6: *Desulfobacterota*; 7: *Chloroflexi*; 8: *Firmicutes*; 9: *Acidobacteriota*; 10: *Campilobacterota*.

环境因子与菌门的夹角余弦值反映了影响程度, 余弦绝对值越大, 影响程度越高, 正值表示正相关, 负值表示负相关; 若正交, 则不相关。

RDA 分析表明, 第一坐标轴和第二坐标轴的解釋度分别为 43.10% 和 10.11%, 前 2 个坐标轴共同解釋了 53.21% 的数据变异, 这 2 个坐标轴对数据的结构具有一定的解釋能力, 能够有效揭示数据中的主要和次要变化。主要影响细菌群落相对丰度前 10 的因子包括 TP、COD_{Cr} 和 pH 值, 其中, TP 的解釋度为 19.40%; COD_{Cr} 的解釋度为 18.20%; pH 的解釋度为 8.65%。总体来看, TP、COD_{Cr} 和 pH 均呈现显著差异($P<0.5$)。而其他理化因子的解釋度均低于 5.00%, 且未达到显著性差异水平。

2.5.2 单个解释变量的相对重要性分析

基于 RDA 分析结果选取解釋度排名前五的指标 TP、COD_{Cr}、pH、TN 和 F⁻, 采用“rdacca.hp”包进一步探究各指标及其协同作用对相对丰度前 10 菌门的细菌群落结构的解釋度(图 7)。所选 5 个指标解釋了数据变异的 40.80%。这一结果表明, 所选约束指标在分析中对数据结构具有显著的影响力, 能够捕捉到数据中近一半的变异。这表明约束变量与响应变量之间存在关联性, 且它们对数据的主要变化具有重要意义。5 个指标的相对重要性排序依次为: TP (16.00%)、pH (12.95%)、COD_{Cr} (6.05%)、F⁻ (3.80%) 和 TN (2.02%)。对应指标间的协同作用对细菌群落结构的影响表明: TP、COD_{Cr} 和 TN 共同对细菌群落结构的解釋度最大(8.81%), 其次是 TP 和 COD_{Cr} 共同对细菌群落结构的解釋度为 8.05%。总体而言, 对相对丰度前 10 菌门影响较大的单个指标依次为 TP、pH 和 COD_{Cr}, 而多指标组合中主要为 TP、COD_{Cr} 和 TN, 以及 TP 和 COD_{Cr}、pH 和 COD_{Cr} 的协同作用。

3 讨论

3.1 理化指标分析

从第二排水沟九组理化指标的 4 次检测结果来看, 2021 年 8 月至 2022 年 8 月期间, 大部分关键污染物含量呈现明显下降趋势, 表明水

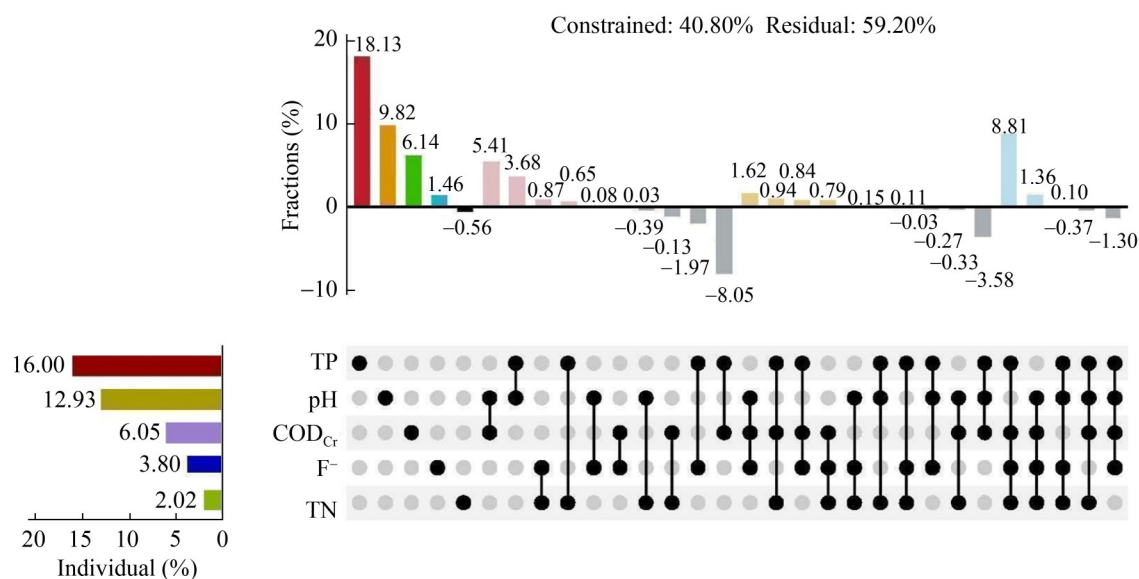


图7 变差分解和层次分割分析结果使用UpSet图来呈现。右侧点阵图中，每行对应一个理化因子。对于每一列，孤立黑点表示各环境因子的边际效应，多点间连线表示这些环境因子间的共同效应，各组分解释的变差百分比(来自变差分解)展示在上方柱形图中。左侧柱形图各环境因子的单独效应(来自层次分割)，其值等同于该理化因子的边际效应加上与其他理化因子的共同效应的平均分配值。

Figure 7 The relative importance of five physicochemical factors on bacterial species abundance. The results of the variational decomposition and hierarchical segmentation analysis are presented using UpSet graphs. Each row in the dot matrix on the right corresponds to a physical and chemical factor. For each column, isolated black dots represent the marginal effects of various environmental factors, and lines connecting multiple points represent the common effects among these environmental factors. The percentage of variation released by each group decomposition (from the variation decomposition) is shown in the upper bar graph. The left column chart shows the individual effects of each environmental factor (from hierarchical segmentation), whose values are equivalent to the marginal effects of that physical and chemical factor, plus the average distribution value of the combined effects with other physical and chemical factors.

质有所改善。4次采样中TDS均无显著性差异，其原因可能是采样期间水体输入与排放的溶解物质变化不大，使得TDS维持在一个较稳定的水平。刘洋等^[19]在研究西藏拉鲁湿地浮游植物群落时空分布特征及其驱动因子时也发现TDS在不同季节无显著差异。EC、NH₄-N、TN、TP、COD_{Mn}、COD_{Cr}和F⁻这7个指标的含量均出现了超过20.0%的降幅，其中F⁻含量的降幅最大，从1.14降至0.61，降幅达46.5%。COD_{Mn}和COD_{Cr}的下降表明水体中的有机物污染有所减少。这一变化的主要原因是2021年3月至2021年

7月第二排水沟引入了生态工程，导致水体中氮源的减少。Navjot等^[20]研究表明，生态工程的植被生态系统被认为是实现赤泥堆场环境安全管理的最有效方式。NH₄-N、TN和TP含量的下降，表明水体的富营养化问题得到了缓解，这通常是通过水体自净作用、污水处理设施的提升或农业排放控制等措施来实现的。蒋倩文等^[21]研究表明，生态工程综合治理系统对农业小流域氮磷污染物含量降低效果明显。pH值变化无明显规律，虽有一定波动，但整体呈现先升高后降低的趋势，2022年8月较2021年8月

有所上升,可能与水中溶解的碱性物质有关。贺成等^[22]对北部湾北部海域水体异养细菌的时空分布特征研究结果也与之相一致。TDS 含量呈现轻微下降,降幅为 8.9%,表明水中溶解固体物质有所减少,可能与水源质量改善或水处理过程中的溶解盐分去除有关。总体而言,这些变化表明水质得到了明显改善,尤其是在污染物如 COD、氮磷类物质和氟离子的减少方面,说明生态工程对第二排水沟水质净化效果显著。

3.2 水体细菌群落的多样性分析

从水体细菌 α 多样性指数的变化趋势来看,物种丰富度和群落多样性在不同时间点呈现明显波动。2021 年 12 月,Chao1 指数和 Observed 指数降至最低,表明此时水体细菌群落的物种丰富度显著下降。其原因可能是冬季低温导致水体中的细菌群落多样性减少,尤其是一些温暖季节的细菌无法在低温下生存或繁殖,从而导致物种丰富度下降^[23]。其次,冬季宁夏沟渠存在结冰现象,导致水体溶解氧和营养盐含量降低,在低溶解氧条件下好氧细菌难以生存^[24]。然而,从 2022 年 5 月开始,这两个指标逐渐回升,并在 2022 年 8 月达到峰值,反映出物种丰富度的恢复。这一变化可能与气温升高和水质改善等环境条件的恢复密切相关^[25]。与此同时,Shannon 指数和 Simpson 指数的变化趋势与物种丰富度变化相似。在 2021 年 12 月,Shannon 指数和 Simpson 指数的下降表明群落多样性减少,优势物种的相对增多。随着时间的推移,这 2 个指数逐渐回升,尤其是在 2022 年 8 月,表明群落结构趋于稳定,物种分布更加均匀。这反映出水体中细菌群落的生态平衡逐步恢复。这些变化可能受到多个因素的影响,包括水质的季节性波动^[26]、污染源的控制以及水体治理措施的有效实施,这些措施为细菌提供了适宜的生长环境^[27]。总的来说,这些指数的波动表明水体细菌群落在时间和环境变化下的动态响应,水质的改善和群落多样性的恢复为生态系统的稳定性提供了积极的信号。

3.3 不同月份水体细菌群落结构特征

从 4 次采样水体细菌群落的门水平分析来看,细菌群落的相对丰度在时间上表现出显著变化,反映了水体微生物群落对环境变化的响应。变形菌门(*Proteobacteria*)在所有采样中始终占据最大相对丰度^[28],但其丰度呈现下降趋势,尤其在 2022 年 8 月较 2021 年 8 月下降了 5.72%。这一变化可能与水体污染控制和水质改善有关。第二和第三大丰度的菌门在不同时间点有所不同,表现出一定的动态变化。2021 年 8 月,放线菌门(*Actinobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)为前两大菌门,而 2021 年 12 月蓝细菌门(*Cyanobacteria*)和拟杆菌门占据较大比例。蓝细菌门的丰度升高主要因为 2021 年 12 月水体中氮磷含量较高。胡思文等^[29]研究表明,蓝细菌门的相对丰度与氮、磷转化密切相关。2022 年 5 月和 8 月,放线菌门和拟杆菌门的丰度则逐渐变动,反映出水质的改善和生态恢复。特别是在 2022 年 8 月,厚壁菌门(*Firmicutes*)的丰度显著升高,这可能与水体自净能力的提升和有机物降解过程的加强有关。郭雨婷等^[30]研究表明,厚壁菌门、变形菌门与相应的水质指标有很强的耦合关系。总的来说,水体细菌群落的变化趋势反映了水质的改善与季节性因素的影响。微生物群落的动态变化为水质监控、生态修复和污染治理措施的效果评估提供了有力支持。

从细菌相对丰度前 10 菌属水平分析可以明显看到不同采样点和不同时间点上水体细菌群落结构的显著差异。2021 年 8 月,夏季高温和明显的水体分层导致表层营养物质迅速消耗,在这种低养分环境下,具备高效营养利用能力的放线菌门的 *hgcI_clade* 成为优势菌属^[31],同时 *SAR11_cladeIII* 和 *Limnohabitans* 也能较好地适应这种条件^[32]。到了 2021 年 12 月,冬季低温和水体混合作用使得底层富集的营养物质重新分布,为代谢多样性较强的菌群提供了生长机会,因此 *Rhodospirillum rubrum*、*Limnohabitans* 和

Flavobacterium 相继成为优势菌属, 这与丁宁等^[33]的研究结论相一致。进入 2022 年 5 月, 初夏水温逐步上升且营养依然稀缺, 低养分条件下基因组简化、营养吸收效率高的 *SAR11_cladeIII* 和 *hgcl_clade* 因其对微量有机物的高度亲和性而占据主导地位。在 2022 年 8 月, 高温和强烈分层进一步加剧了表层营养物质的枯竭, 仅有具备极高资源利用效率的 *hgcl_clade* 能够在极端低养分环境下维持较高丰度, 从而成为唯一相对丰度超过 5.00% 的优势菌属。

3.4 不同月份水体细菌群落结构与理化因子的相关性

RDA 分析表明, 第一坐标轴和第二坐标轴共同解释了 53.21% 的数据变异, 这说明这 2 个坐标轴在描述数据结构和揭示数据中的主要变化方面具有较强的解释能力。细菌群落相对丰度的变化与 TP、COD_{Cr} 和 pH 这 3 个因子密切相关。TP 和 COD_{Cr} 的解释度分别为 19.40% 和 18.20%, 均呈现显著性差异 ($P < 0.5$), 庞兴红等^[34]研究表明, TP 浓度与细菌丰度存在较好的线性回归关系。杨文焕等^[35]研究表明, COD_{Cr} 与多数细菌和蓝藻群落呈正相关。pH 的解释度为 8.65%, 同样呈现显著性差异, 说明 pH 是影响细菌属水平群落组成的重要因素^[35-36]。其他理化指标的影响较小, 解释度均低于 5.00%, 且无显著性差异, 意味着这些指标在细菌群落变化中的作用较为微弱, 可能不是主要的影响因子。综合来看, TP、COD_{Cr} 和 pH 是影响细菌群落丰度变化的关键因子, 这种分析结果有助于在水体或土壤等生态环境的管理中, 更好地把握关键因子的作用, 从而提出相应的生态保护和治理措施。RDA 分析结果展示了所选的 5 个约束指标对数据变异的解释能力以及它们之间的相互作用。所选的 5 个指标解释了数据变异的 40.80%, 这一结果表明这些约束变量在模型中具有显著的影响力, 并且能够有效地捕捉到数据中的主要变异。从 5 个指标的相对重要性排

序来看, TP 和 pH 的影响力最大, 分别为 16.00% 和 12.95%。这表明 TP 和 pH 是对细菌群落结构影响最为显著的因子。张雅丽等^[37]也研究表明, TP 和 pH 均极显著地影响细菌群落结构, 是影响细菌群落物种组成和群落结构的主要因素。COD_{Cr} 和 F⁻ 对细菌群落的影响较为次要, 分别解释了 6.05% 和 3.80% 的变异, 而 TN 对细菌群落的影响最小, 仅解释了 2.02% 的变异。这表明在这些指标中, TP 和 pH 的作用尤为突出, 可能与水体的营养水平和酸碱度密切相关。理化因子共同作用分析发现, TP、COD_{Cr} 和 TN 三者共同作用对细菌群落结构的解释度最大, 达到了 8.81%, 表明这 3 个因子在一定程度上互相作用, 共同影响细菌群落的组成和丰度。此外, TP 和 COD_{Cr} 的共同作用对细菌群落结构的影响为 -8.05%, 这可能意味着这 2 个因子的联合作用产生了一种抑制或反向的影响。虽然它们单独的解释度较高, 但当这 2 个因素联合时, 它们的综合作用可能出现相互抵消或调节的效果。RDA 和 RDA-CCA 分析结果的差异主要源于它们所采用的分析框架和方法。RDA 更关注于单一因素的线性解释, 而 RDA-CCA 则可能更深入地揭示了各个因素之间的相互作用。因此, 虽然 TP 和 COD_{Cr} 在 RDA 中解释程度较高, 但在 RDA-CCA 中, TP 和 pH 的联合作用可能导致它们的贡献度更加突出。

4 结论

通过对宁夏第二排水沟水体细菌群落结构特征及影响因素的分析表明: (1) 采取生态工程后水质得到了明显改善, 其中 COD_{Mn}、COD_{Cr}、氮磷类物质和氟离子的减少, 说明生态工程对第二排水沟水质净化效果显著。(2) 水体细菌 α 多样性指数表明物种丰富度和群落多样性在不同时间点呈现明显波动, 到 2022 年 8 月群落结构趋于稳定, 物种分布更加均匀。(3) 在门水平上, 细菌群落的相对丰度在不同时间表现出显著差异, 其中变形菌门始终占据主导地位。属

水平分析显示, 在不同采样点及不同时间点, 相对丰度前 10 菌属的群落结构存在明显差异。2022 年 8 月, *hgcI*_clade 成为唯一相对丰度超过 5.00% 的优势菌属, 显示出该菌属在该时段水体中的生态优势地位。(4) TP、COD_{Cr} 和 pH 是影响细菌群落丰度变化的关键因子, RDA 分析表明 TP、COD_{Cr} 和 TN 三者共同作用对细菌群落结构的解释度最大, 且为正向影响(8.81%), 而 TP 和 COD_{Cr} 的共同作用对细菌群落结构的影响第二大, 为负向影响(-8.05%)。

作者贡献声明

王凯: 起草论文, 撰写文章, 修订论文; 邱小琮: 方法论, 审阅; 尹娟: 项目管理, 提供资源, 获取基金, 执行调研, 方法论, 项目管理, 提供资源; 董军林: 整理数据, 收集文献, 数据分析。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] CUN CX, ZHANG W, CHE W, SUN HC. Review of urban drainage and stormwater management in ancient China[J]. Landscape and Urban Planning, 2019, 190: 103600.
- [2] 李健, 陈钊, 常志强, 李吉涛. 海水养殖池塘营养物质转化与多营养层次生态养殖[J]. 水生生物学报, 2024, 48(12): 2155-2161.
LI J, CHEN Z, CHANG ZQ, LI JT. Nutrients transformation and ecological multi-trophic level aquaculture in seawater ponds[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2024, 48(12): 2155-2161 (in Chinese).
- [3] GAO JY, FENG WY, YANG F, LIU J, FAN WH, WANG Y, ZHANG Q, YANG WH. Effects of water quality and bacterial community composition on dissolved organic matter structure in Daihai Lake and the mechanisms[J]. Environmental Research, 2022, 214: 114109.
- [4] 黄祎, 王鹏, 丁明军, 黄高翔, 张华, 聂明华, 高鹏飞, 叶深. 南昌城市湖泊浮游真菌群落组成、共生模式及影响因素[J]. 环境科学, 2023, 44(10): 5556-5566.
HUANG Y, WANG P, DING MJ, HUANG GX, ZHANG H, NIE MH, GAO PF, YE S. Community composition, symbiotic patterns, and influencing factors of planktonic fungi in urban lakes of Nanchang[J]. Environmental Science, 2023, 44(10): 5556-5566 (in Chinese).
- [5] 郝婕, 张梦汝, 张子璇, 王洵, 刘胜, 周维芝. 河流水质对浮游细菌和致病菌群落的影响[J]. 山东大学学报(工学版), 2024, 54(3): 160-170.
HAO J, ZHANG MR, ZHANG ZX, WANG X, LIU S, ZHOU WZ. Effects of river water quality on bacterioplankton and pathogens communities. Journal of Shandong University (Engineering Science), 54(3): 160-170 (in Chinese).
- [6] 潘鑫, 余智祥, 邵锐, 杨程, 王绍平, 王广成, 岳正波, 王进. 安徽省某酸性矿山废水坑湖中细菌群落的垂向分布特征及其影响因素[J]. 微生物学报, 2022, 62(6): 2090-2103.
PAN X, SHE ZX, SHAO R, YANG C, WANG SP, WANG GC, YUE ZB, WANG J. Vertical spatial distribution of bacteria in a pit lake affected by acid mine drainage in Anhui Province and its influencing factors[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(6): 2090-2103 (in Chinese).
- [7] 王楚尤, 邱小琮, 尹娟, 倪成. 生态修复工程对排水沟细菌群落结构特征的影响[J]. 中国农村水利水电, 2025(2): 50-59.
WANG CY, QIU XC, YIN J, NI C. Effects of ecological restoration project on the structure characteristics of bacterial community in drainage ditches[J]. China Rural Water and Hydropower, 2025(2): 50-59 (in Chinese).
- [8] 万甜, 何梦夏, 任杰辉, 闫幸幸, 程文. 渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测[J]. 环境科学, 2019, 40(8): 3588-3595.
WAN T, HE MX, REN JH, YAN XX, CHENG W. Environmental response and ecological function prediction of aquatic bacterial communities in the Weihe River Basin[J]. Environmental Science, 2019, 40(8): 3588-3595 (in Chinese).
- [9] 贾海超, 王丹丹, 黄跃飞, 殷恒芝, 苏子淇, 李伯荣, 高印轩, 夏中帅, 孙继瑶. 柴达木盆地河流与湖泊水体微生物群落结构及共现网络模式差异[J]. 微生物学报, 2024, 64(12): 4918-4935.
JIA HC, WANG DD, HUANG YF, YIN HZ, SU ZQ, LI BR, GAO YX, XIA ZS, SUN JY. Differences of microbial community structures and co-occurrence networks in rivers and lakes in the Qaidam Basin[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(12): 4918-4935 (in Chinese).
- [10] MIMIKOU MA, BALTAS E, VARANOU E, PANTAZIS K. Regional impacts of climate change on water resources quantity and quality indicators[J]. Journal of Hydrology, 2000, 234(1/2): 95-109.
- [11] ONDRASEK G, RENGEL Z. Environmental salinization processes: detection, implications & solutions[J]. Science of The Total Environment, 2021, 754: 142432.
- [12] HART BT, MAHER B, LAWRENCE I. New generation water quality guidelines for ecosystem protection[J]. Freshwater Biology, 1999, 41(2): 347-359.
- [13] BRANDT J, ALBERTSEN M. Investigation of detection limits and the influence of DNA extraction and primer choice on the observed microbial communities in drinking water samples using 16S rRNA gene amplicon sequencing[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2140.

- [14] WEISBURG WG, BARNS SM, PELLETIER DA, LANE DJ. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study[J]. *Journal of Bacteriology*, 1991, 173(2): 697-703.
- [15] 张伟, 王敏, 郭道宇. 典型城市河流上覆水和沉积物细菌群落分析[J]. *中国环境科学*, 2023, 43(7): 3688-3695. ZHANG W, WANG M, GUO XY. Characteristic analysis of bacterial community in water and sediment in typical urban rivers[J]. *China Environmental Science*, 2023, 43(7): 3688-3695 (in Chinese).
- [16] 何中声, 谷新光, 江蓝, 徐道炜, 刘金福, 李文周, 陈文伟. 戴云山南坡不同海拔森林土壤优势细菌群落特征及影响因素[J]. *北京林业大学学报*, 2022, 44(7): 107-116. HE ZS, GU XG, JIANG L, XU DW, LIU JF, LI WZ, CHEN WW. Characteristics and its influencing factors of forest soil dominant bacterial community in different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain, Fujian Province of Eastern China[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2022, 44(7): 107-116 (in Chinese).
- [17] 王东伟, 陈永进, 周彦锋, 张敏莹, 俞振飞. 淮河中游种质资源保护区浮游植物功能群演替特征及其驱动因子[J]. *生态学杂志*, 2023, 42(11): 2646-2654. WANG DW, CHEN YJ, ZHOU YF, ZHANG MY, YU ZF. (2023). Succession characteristics and driving factors of phytoplankton functional groups in the germplasm resources reserve of middle reaches of Huaihe River[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 42(11): 2646-2654 (in Chinese).
- [18] 刘尧, 于馨, 于洋, 胡文浩, 赖江山. R 程序包“rdacca.hp”在生态学数据分析中的应用: 案例与进展[J]. *植物生态学报*, 2023, 47(1): 134-144. Liu Y, Yu X, Yu Y, Hu WH, Lai JS. (2023). Application of the R package “rdacca.hp” in ecological data analysis[J]. *Acta Phytologica Sinica*, 47(1): 134-144 (in Chinese).
- [19] 刘洋, 安瑞志, 杨号, 张艳秋, 陈俊霖, 马文强, 巴桑. 西藏拉鲁湿地浮游植物群落时空分布特征及其驱动因子[J]. *湖泊科学*, 2024, 36(2): 403-417. LIU Y, AN RZ, YANG H, ZHANG YQ, CHEN JL, MA WQ, BASANG. Spatial-temporal distribution characteristics and its driving factors of phytoplankton community in Lhalu Wetland, Xizang, China[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2024, 36(2): 403-417 (in Chinese).
- [20] NAVJOT K, LAN P, MARTIN VF. Amelioration of bauxite residue sand by intermittent additions of nitrogen fertilizer and leaching fractions: the effect on the growth of Kikuyu Grass and the fate of applied nutrients[J]. *Science of The Total Environment*, 2016, 550: 362-371.
- [21] 蒋倩文, 刘锋, 彭英湘, 王华, 姚燃, 李红芳, 罗沛, 刘新亮, 吴金水. 生态工程综合治理系统对农业小流域氮磷污染的治理效应[J]. *环境科学*, 2019, 40(5): 2194-2201. JIANG QW, LIU F, PENG YX, WANG H, YAO R, LI HF, LUO P, LIU XL, WU JS. Nitrogen and phosphorus removal by integrated ecological engineering treatment system in a small agricultural watershed[J]. *Environmental Science*, 2019, 40(5): 2194-2201 (in Chinese).
- [22] 贺成, 徐沙, 宋书群, 李才文. 北部湾北部海域水体异养细菌的时空分布特征研究[J]. *海洋学报*, 2019, 41(4): 94-108. HE C, XU S, SONG SQ, LI CW. The spatial-temporal distributions of heterotrophic bacteria in seawater of the northern Beibu Gulf[J]. *Haiyang Xuebao*, 2019, 41(4): 94-108 (in Chinese).
- [23] 吴勇, 乔有明, 李希来, 李成一, 孙华方, 周怡志, 陈国榕. 木里矿区人工草地土壤理化特征和细菌多样性对不同利用方式和坡向的响应[J/OL]. *环境科学*, 2024-12-25. <https://doi.org/10.13227/j.hjcx.202405154>. WU Y, QIAO YM, LI XL, LI CY, SUN HF, ZHOU YZ, CHEN GR. Response of Soil Physical-chemical Traits and Bacterial Diversity to Utilization Modes and Slope Aspect in the Artificially Seeded Grasslands of the Muli Mining Area[J/OL]. *Environmental Science*, 2024-12-25. <https://doi.org/10.13227/j.hjcx.202405154> (in Chinese).
- [24] 黄凯旋, 张云, 欧林坚, 吕颂辉, 吕淑果, 齐雨藻. 春季海南岛近岸海域尿素与浮游生物的脲酶活性[J]. *生态学报*, 2013, 33(15): 4575-4582. HUANG KX, ZHANG Y, OU LJ, LÜ SH, LÜ SG, QI YZ. The distribution of urea concentrations and urease activities in the coastal waters of Hainan Island during the spring[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, 33(15): 4575-4582 (in Chinese).
- [25] 李梦丹, 丁爱中, 薛栋, 贾文娟, 程莉蓉, 李诗刚. 缓释氧材料对黑臭水体的水质改善效果研究[J]. *水处理技术*, 2022, 48(5): 114-118. LI MD, DING AZ, XUE D, JIA WJ, CHENG LR, LI SG. Study of slow oxygen-releasing materials on water quality improvement for black odorous water[J]. *Technology of Water Treatment*, 2022, 48(5): 114-118 (in Chinese).
- [26] 王嘉瑞, 周俊菊, 朱国锋. 中国土壤碳氮磷及生态化学计量研究综述[J]. *生态学杂志*, 2024, 43(8): 2493-2501. WANG JR, ZGOU JJ, ZHU GF. (2024). A review of soil carbon, nitrogen, phosphorus and stoichiometry studies in China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 43(8): 2493-2501 (in Chinese).
- [27] 王楚涵, 刘菲, 高健永, 张慧芳, 谢英荷, 曹寒冰, 谢均宇. 减氮覆膜下土壤有机碳组分含量的变化特征[J]. *中国农业科学*, 2022, 55(19): 3779-3790. WANG CH, LIU F, GAO JY, ZHANG HF, XIE YH, CAO HB, XIE JY. The Variation Characteristics of Soil Organic Carbon Component Content Under Nitrogen Reduction and Film Mulching[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(19): 3779-3790 (in Chinese).
- [28] BRU D, SARR A, PHILIPPOT L. Relative abundances of proteobacterial membrane-bound and periplasmic nitrate reductases in selected environments[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(18): 5971-5974.
- [29] 胡思文, 何汝嘉, 苏芮, 赵大勇, 吴庆龙, 曾巾. 水生植物附着细菌群落组成特征及构建机制研究进展[J/OL]. *湖泊科学*, 2024-05-08. <http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=FLKX20240430001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>. HU SW, HE RJ, SU R, ZHAO DY, WU QL, ZENG J. Research progress on community composition characteristics and construction mechanism of bacteria attached to aquatic plants[J/OL]. *China Industrial Economics*, 2024-05-08. <http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=FLKX20240430001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.

- CJFD&dbcode=CJFQ (in Chinese).
- [30] 郭雨婷, 刘亚军, 邓觅, 涂勋, 吴虎彬, 李昆, 李荣富, 吴永明. F-53B胁迫下污水厌氧处理系统及微生物群落的响应[J/OL]. 中国环境科学, 2023-11-28. [http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx? filename=ZGHJ20231124008&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ](http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=ZGHJ20231124008&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ).
- GUO YT, LIU YJ, DENG M, TU X, WU HB, LI K, LI RF, WU YM. Response of sewage anaerobic treatment system and microbial community under F-53B stress[J/OL]. China Industrial Economics, 2023-11-28. <http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx? filename=ZGHJ20231124008&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ> (in Chinese).
- [31] 陈颖, 王佳文, 梁恩航, 陈倩. 密云水库细菌群落组成结构及影响因素[J]. 环境科学, 2023, 44(6): 3247-3259.
- CHEN Y, WANG JW, LIANG EH, CHEN Q. Composition structure and influence factors of bacterial communities in the Miyun Reservoir[J]. Environmental Science, 2023, 44(6): 3247-3259 (in Chinese).
- [32] 秦宇, 张曦, 王紫薇, 郑望. 三峡水库中段水体微生物群落结构的季节变化[J]. 水生态学杂志, 2021, 42(6): 16-23.
- QIN Y, ZHANG X, WANG ZW, ZHENG W. Seasonal variation of microorganism community structure in the middle section of Three Gorges Reservoir[J]. Journal of Hydroecology, 2021, 42(6): 16-23 (in Chinese).
- [33] 丁宁, 杨莹莹, 万年新, 徐爱玲, 葛建华, 宋志文. 调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素[J]. 环境科学, 2023, 44(3): 1484-1496.
- DING N, YANG YY, WAN NX, XU AL, GE JH, SONG ZW. Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs[J]. Environmental Science, 2023, 44(3): 1484-1496 (in Chinese).
- [34] 庞兴红, 吕丽媛, 牛远, 沈宏, 袁希功, 陈文捷, 陈隽, 谢平. 太湖夏季浮游细菌群落多样性的空间格局[J]. 水生生物学报, 2014, 38(2): 335-341.
- PANG XH, Lü LY, NIU Y, SHEN H, YUAN XG, CHEN WJ, CHEN J, XIE P. The spatial pattern of bacterioplankton community composition in lake taihu in summer[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2014, 38(2): 335-341 (in Chinese).
- [35] 杨文焕, 张明宇, 杨娅婷, 杨娅婷, 徐龙, 郭渊, 马杰, 李卫平. 冰封期不同类型湖泊细菌与蓝藻群落组成及共现网络分析[J]. 湖泊科学, 2024, 36(5): 1366-1379.
- YANG WH, ZHANG MY, YANG YT, XU L, GUO Y, MA J, LI WP. Co-occurrence network analysis and community composition of bacteria and cyanobacteria in various types of lakes during frozen period[J]. J. Lake Sci, 2024, 36(5): 1366-1379 (in Chinese).
- [36] JIAO S, LU YH. Soil pH and temperature regulate assembly processes of abundant and rare bacterial communities in agricultural ecosystems[J]. Environmental Microbiology, 2020, 22(3): 1052-1065.
- [37] 张雅丽, 张丙昌, 赵康, 李凯凯, 刘燕晋. 毛乌素沙地不同类型生物结皮细菌群落差异及其驱动因子[J]. 生物多样性, 2023, 31(8): 83-93.
- ZHANG YL, ZHANG BC, ZHAO K, LI KK, LIU YJ. Variation of bacterial communities and their driving factors in different types of biological soil crusts in Mu Us sandy land[J]. Biodiversity Science, 2023, 31(8): 83-93 (in Chinese).