安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 632-643
Journal of Anhui Agricultural University [DOI] 10.13610/j.cnki.1672-352x.20260915.002

宁宇琪，巩东辉，郭子晴，等. 包头市 3 个湖泊水体微生物群落特征及其驱动因子[J]. 安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 632-643.
Ning Yuqi, Gong Donghui, Guo Ziqing, et al. The characteristics of microbial community and its driving factors in three lakes of Baotou city[J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2026, 53(4): 632-643.

包头市 3 个湖泊水体微生物群落特征及其驱动因子

宁宇琪[1]，巩东辉[1*]，郭子晴[1]，赵洁美[1]，韦文学[1]，杨雅絮[1]，王　研[1]，王志忠[2]，方海涛[3]
(1. 内蒙古科技大学生命科学与技术学院，内蒙古 包头 014000；2. 鄂尔多斯生态职业学院，内蒙古 鄂尔多斯 017000；
3. 内蒙古自治区林业和草原监测规划院，内蒙古 呼和浩特 010020)

摘　要：【目的】比较 3 个湖泊水体的理化性质及微生物组成差异，分析水体微生物群落结构变化与环境因子之间的关系。【方法】以包头南海湖、尾矿景观湖及小白河作为研究样地，开展理化指标测定和扩增子测序。【结果】3 个湖泊水体均呈弱碱性，水体电导率（EC）、总溶解性固体（TDS）值表现为：尾矿景观湖＞南海湖＞小白河；5 日生化需氧量（BOD_5）值排序为：尾矿景观湖＞南海湖＞小白河；南海湖水体透明度最低，营养元素含量最高。水体阳离子含量均以 Na^+、Mg^{2+}、Ca^{2+}、K^+居多；尾矿景观湖水体中主要阴离子为 SO_4^{2-}，南海湖和小白河水体中含量最高的阴离子分别为 Cl^-和 HCO_3^-。细菌多样性与丰富度整体呈现南海湖＞尾矿景观湖＞小白河，真核微生物多样性呈现小白河＞南海湖＞尾矿景观湖；3 个湖泊均有较高丰度的变形菌门（Proteobacteria），且差异显著（P＜0.05）。Pearson 相关性分析结果显示，尾矿景观湖微生物群落受多种环境因子显著调控；小白河多数微生物的丰度受金属盐和阴离子含量调控，其中细菌 Bacteroidota、真菌 Chytridiomycota 和 Rozellomycota 的丰度与 NH_4^+-N、HCO_3^-含量相关；南海湖除 Chytridiomycota 外，其他微生物群落主要受 K^+调控。尾矿景观湖水体中的 *Hydrogenophaga* 具有较强硫酸根耐受性，与该水体含有较高浓度 SO_4^{2-}的特征一致。【结论】3 个湖泊水体均为中度污染，水体酸碱度、盐度及离子组成等可能是影响微生物多样性差异的主要因素。本研究为发展基于微生物指示的污染溯源技术及指导水体生态修复提供了试验依据。

关键词：尾矿景观湖；扩增子测序；微生物群落；环境因子；多重胁迫；半干旱区
中图分类号：X524　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1672−352X (2026)04−0632−12

The characteristics of microbial community and its driving factors in three lakes of Baotou city

Ning Yuqi[1], Gong Donghui[1], Guo Ziqing[1], Zhao Jiemei[1], Wei Wenxue[1],
Yang Yaxu[1], Wang Yan[1], Wang Zhizhong[2], Fang Haitao[3]
(1. School of Life Science and Technology, Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou 014000, China; 2. Ordos Vocational College of Eco-Environment, Ordos 017000, China; 3. Inner Mongolia Autonomous Region Forestry and Grassland Monitoring and Planning Institute, Hohot 010020, China)

Abstract: [Objective] This study aimed to explore the relationship between microbial community structure and environmental factors by comparing and analyzing the physicochemical properties and microbial communities of three water bodies. **[Method]** Baotou Nanhai Lake, the tailings landscape lake, and Xiaobaihe Lake were selected as study sites, where physicochemical parameters were measured and amplicon sequencing was conducted. **[Result]** The water in all three sampling sites was weakly alkaline. Electrical conductivity (EC) and total dissolved solids (TDS) ranked as follows: tailings landscape lake > Nanhai Lake > Xiaobaihe Lake, whereas 5-day biochemical oxygen demand (BOD_5) followed the order: tailings landscape Lake > Nanhai Lake > Xiaobaihe Lake. Nanhai Lake exhibited the lowest water transparency and the highest nutrient content. The cationic composition in all three lakes

收稿日期：2025-11-27；**录用日期：**2026-05-22；**网络出版日期：**2026-09-16
基金项目：国家自然科学基金项目（42367057，31660151）；内蒙古自治区直属高校基础科学研究基金项目（2024RCTD005）；内蒙古自然基金项目（2025MS03125）
作者简介：宁宇琪，硕士研究生，E-mail：18347360503@163.com
* **通信作者：**巩东辉，博士，教授，博士生导师，E-mail：gongdh1976@163.com

were dominated by Na^+, Mg^{2+}, Ca^{2+}, and K^+. The dominant anion in the tailings landscape lake was SO_4^{2-}, whereas the dominant anions in Nanhai Lake and Xiaobaihe Lake were Cl^- and HCO_3^-, respectively. Bacterial diversity and richness generally ranked as Nanhai Lake > tailings landscape lake > Xiaobaihe Lake, while eukaryotic microbial diversity followed the order: Xiaobaihe Lake > Nanhai Lake > tailings landscape lake. Proteobacteria were abundant at all three sites, and their relative abundances differed significantly among lakes ($P < 0.05$). Pearson correlation analysis indicated that microorganisms in the tailings landscape lake were significantly influenced by various environmental factors. In Xiaobaihe Lake, the abundance of most microorganisms was correlated with metal salts and anion contents; specifically, the abundances of Bacteroidota (bacteria), Chytridiomycota, and Rozellomycota (fungi) were related to NH_4^+-N and HCO_3^- concentrations. In Nanhai Lake, microbial communities other than Chytridiomycota were correlated with K^+. *Hydrogenophaga* in the tailings landscape lake exhibited strong sulfate tolerance, consistent with the high sulfate concentration in the tailings landscape water. **[Conclusion]** The water bodies of the three lakes are moderately polluted. pH, salinity, and ion concentrations are the main factors driving differences in microbial diversity. These findings provide an experimental basis for developing pollution traceability technology based on microbial indicators and for guiding ecological restoration of water bodies.

Keywords: tailings landscape lake; amplicon sequencing; microbial community; environmental factors; multiple stressors; semi-arid zone

包头市作为典型工业与生态交错型城市[1]，其水体污染类型多样，是探究不同人类活动胁迫下水体微生物生态的理想场所。宏基因组学被广泛应用于水体微生物群落研究。在矿山污染方面，Guo 等[2]通过宏基因组测序发现微生物通过还原砷酸盐促进矿井水中砷的迁移转化，确定了 *arrA* 和 *arsC* 两个关键基因；Chen 等[3]发现锑（Sb）的存在刺激微生物重金属抗性基因（*HMRGs*）上调，特别是与 Sb 转运相关的 *arsB* 基因；另有学者通过对酸性矿山排水微生物组的分析，揭示了硫循环相关基因（如 *dsrA*、*soxB*）富集与重金属耐受基因的共存机制[4]，明确了微生物在重金属迁移转化中起到关键作用[5-6]。生活污水污染主要来源于未经处理的抗生素[7]，宏基因组技术则应用于去除生活污水中的耐药基因，Yin 等[8]利用宏基因组测序技术解析了有机营养型厌氧氨氧化菌处理生活污水时的氮代谢途径，并准确捕捉到硝酸盐异化还原为氨（DNRA）途径涉及的所有功能基因（*nar*、*nirB* 或 *nrf*）；其他学者也在利用宏基因组测序技术探索去除农村污水中耐药基因的新方法[9]。在旅游活动干扰方面，未经处理的污水、发动机驱动船只的油污渗漏及难生物降解废弃物是水体的主要污染源[10]。对旅游型湖泊的研究表明，人为扰动导致微生物多样性下降，但烃类降解菌等功能类群的相对丰度上升[11-12]。

尽管已有研究取得了重要进展，但仍存在以下局限性：第一，多数研究聚焦于单一污染类型，缺乏对同一区域内多类型人为污染源的系统性对比，难以区分不同压力源下微生物的响应特征；第二，针对北方半干旱地区工业城市多元复合污染水体微生物群落的扩增子测序分析及其驱动因素研究较少，特定地理与气候背景下的微生物生态过程尚不明确。在包头市典型的半干旱气候与工业背景下，尾矿渗漏、生活污水排放与旅游活动这三种差异显著的人为压力源如何塑造水体微生物群落结构，其主要生态驱动因子是否相同，驱动机制有何异同，目前鲜有相关研究报道。

本研究选取包头市 3 个典型受污染水体为研究对象，分别为：位于昆都仑区与九原区的交界处、包钢厂区西南部的尾矿景观湖；位于九原区、距市中心约 20 km 处的小白河；位于东河区南侧的南海湖。3 个湖泊在水体来源、换水方式和人为干扰类型方面不同，且连通性较弱[13]。本研究基于扩增子测序技术，比较分析其水体微生物群落结构及主要的环境驱动因子，解析不同污染源驱动下的微生物群落结构变化与响应，旨在解析不同人为污染类型驱动下水体微生物生态系统的响应特征与环境关联，为科学评估污染生态风险、发展基于微生物指示的污染溯源技术及指导水体生态修复提供理论与实践参考。

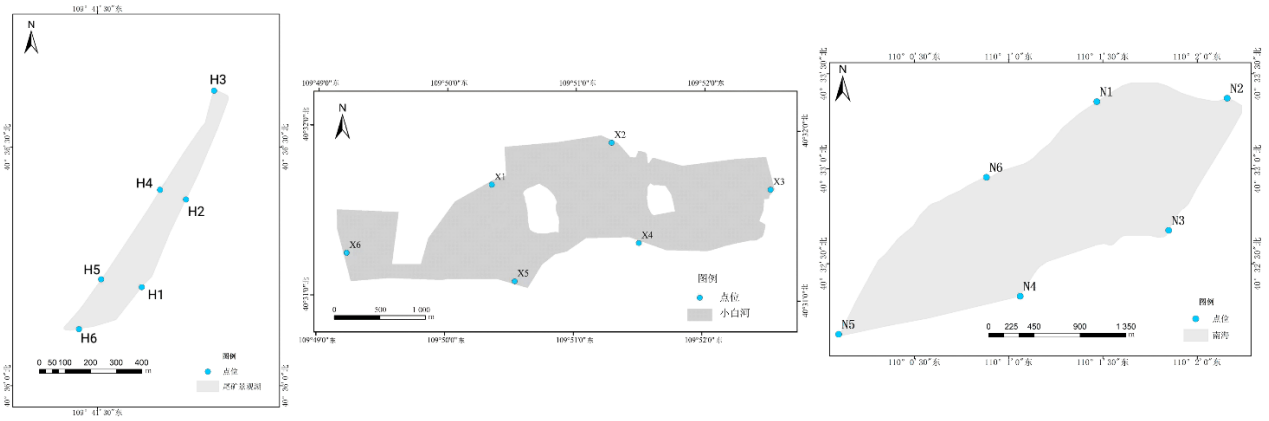
本研究选取的包头市尾矿景观湖、小白河及南海湖 3 个受污染水体，其中，尾矿景观湖代表工业尾矿污染，核心污染源为包钢集团工业排水，水体封闭循环，基本无换水周期；小白河代表城镇生活污水污染，水源主要为黄河倒灌水，其次为城市再生水、雨水和洪水，换水周期受气候影响较大[14]；南海湖代表旅游活动污染，主要接纳东河东处理厂尾水，换水周期由生态需求决定[15-16]。三者空间邻近，气候与地质背景相近，但人为胁迫类型迥异，构成排除地理空间变异干扰、聚焦污染源差异对微生物影响的理想对比体系。本研究基于系统采样和

扩增子测序，解析三类水体微生物群落差异；联合理化参数，经多元统计分析，探讨不同污染类型下群落构建的主导驱动因素。以期揭示不同人为污染源下微生物群落的特异性和共性响应规律，解析“污染类型-微生物群落特征-环境因子”之间的关联，为包头市及类似工业城市水体的污染溯源与生态修复提供微生物学依据。

1 材料与方法

1.1 采样点布设与采样时间

于 2022 年 7 月生物量较高的时期，对包头市尾矿景观湖、小白河及南海湖进行采样，并开展扩增子测序[17]。预试验表明，3 个湖泊沿岸各项理化指标存在空间差异，但差异不显著。为全面反映湖泊水质状况，根据水体形态特征设置采样点：小白河和南海湖呈东西走向，分别与黄河上下游连通，在最东端和最西端各设 1 个采样点，沿南岸和北岸各设 2 个采样点；尾矿景观湖为南北走向静水水体，在最南端和最北端各设 1 个采样点，沿东岸和西岸各设 2 个采样点。采样点设置为：尾矿景观湖 H1—H6，小白河 X1—X6，南海湖 N1—N6，见图 1 和表 1。每个采样点重复 3 次。



（a）尾矿景观湖；（b）小白河；（c）南海湖。

图 1 3 个湖泊样地采样点分布

Figure 1 Distribution of sampling points in the three plots

表 1 3 个湖泊样地采样点的经纬度

Table 1 Latitudes and longitudes of the sampling points in the three sample plots

采样点	尾矿景观湖		采样点	小白河		采样点	南海湖	
	东经（E）	北纬（N）		东经（E）	北纬（N）		东经（E）	北纬（N）
H1	109°41′18.72″	40°36′07.20″	X1	109°50′28.86″	40°31′44.10″	N1	110°03′16.80″	40°33′17.22″
H2	109°41′24.36″	40°36′15.54″	X2	109°51′19.32″	40°31′53.10″	N2	110°02′09.18″	40°33′17.16″
H3	109°41′30.18″	40°36′29.22″	X3	109°52′36.24″	40°31′41.70″	N3	110°01′48.00″	40°32′37.38″
H4	109°41′20.34″	40°36′16.08″	X4	109°51′26.10″	40°31′21.30″	N4	110°01′03.24″	40°32′09.36″
H5	109°41′18.00″	40°36′07.26″	X5	109°50′32.70″	40°30′09.54″	N5	110°00′03.30″	40°32′03.18″
H6	109°41′16.32″	40°36′03.84″	X6	109°49′16.92″	40°30′19.26″	N6	110°00′51.48″	40°32′44.64″

1.2 样品采集与分析

使用采水器于水面下 0.5 m 处采集 1 L 水样，用 0.22 μm（直径 47 mm）聚碳酸酯滤膜截留水体微生物，于无酶无菌冻存管中－80 ℃保存。每采样点设 3 个重复，样品送上海美吉生物进行扩增子测序。另取 1 L 水样用于水质理化指标分析。

1.2.1 水样理化指标测定 水样理化指标测定方法参照（GB 3838—2002）《地表水环境质量标准》[18]，见表 2。

1.2.2 水体综合污染指数 综合污染指数法通过水体理化指标评价污染程度，为规避单一指标影响，本研究计算了所有已测指标综合指数，公式如下[19-20]：

$$Pb/n=\sum_{i=1}^{n}(C_i/C_{oi}) \quad (1)$$

式（1）中：N 为理化指标数；C_i 为第 i 个污染因子的实测浓度；C_{oi} 为国家标准中规定的第 i 个污染因子浓度限值。

$Pb/n<1$ 为清洁水体，$1\leqslant Pb/n<2$ 为轻度污染水体，$2\leqslant Pb/n<3$ 为中度污染水体，$3\leqslant Pb/n<4$ 为重度污染水体，$\geqslant 4$ 为极重度污染水体。

1.2.3 水体微生物扩增子测序 扩增子测序由上海美吉于 Illumina MiSeq 平台完成，对真菌 ITS 区（引物 ITS1F 和 ITS2R[21-22]）及细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区（引物 338F 和 806R[23-24]）进行 PCR 扩增。

表 2　水样检测指标及方法

Table 2　Indicators and methods for water sample analysis

序号	指标	分析方法
1	氨氮（NH_4^+-N）	纳氏试剂分光光度法
2	总磷（TP）	钼酸铵分光光度法
3	叶绿素 a（Chl-a）	丙酮提取法
4	化学需氧量（COD）	快速消解法
5	五日生化需氧量(BOD_5)	稀释接种法
6	K^+、Na^+、Ca^{2+}、Mg^{2+}	电感耦合等离子体发射光谱仪（Agilent，725-ES，USA）
7	SO_4^{2-}、Cl^-、CO_3^{2-}、HCO_3^-	滴定法
8	NO_3^-	分光光度法（Model-752）
9	透明度(SD)、总溶解性固体(TDS)、溶解氧(DO)、电导率（EC）、pH	便携式多参数水质检测仪（Hanna，HI98194，意大利）

1.2.4　*数据处理*　SPSS 16 单因素方差分析与 *t* 检验用于差异显著性检验；环境因子与微生物关系采用 Pearson 相关分析，并经 R 语言（R 4.4.1）FDR 校正避免 *P* 值假阳性；Origin 2019 制图；测序结果在美吉云平台获取。

2　结果与分析

2.1　水质理化指标特征

3 个湖泊的水质测定结果见表 3。水质理化指标结果显示：尾矿景观湖、小白河与南海湖水体均呈弱碱性，但尾矿景观湖 pH 值显著低于南海湖（$P<0.05$），小白河则介于两者之间；3 个湖泊样地间 EC、TDS 差异显著（$P<0.05$），依次为尾矿景观湖＞南海湖＞小白河；尾矿景观湖水体的 SD 值显著高于南海湖（$P<0.05$）；小白河与南海湖水体中叶绿素 a 浓度较高，两者相近且均显著高于尾矿景观湖（$P<0.05$）；DO 值表现为小白河低于尾矿景观湖和南海湖，且差异显著（$P<0.05$），南海湖 NH_4^+-N 含量显著高于尾矿景观湖及小白河（$P<0.05$），后两者无显著差异（$P>0.05$）；BOD_5、COD 值及 TP 含量在 3 个湖泊之间无显著差异（$P>0.05$）。

3 个湖泊水体中阴阳离子含量及占比见图 2。小白河与南海湖水体阳离子浓度特征均为 Na^+＞Mg^{2+}＞Ca^{2+}＞K^+，Na^+含量最高，占阳离子总量的 50%以上；Mg^{2+}和 Ca^{2+}次之，均占总量的 20%左右；K^+含量较低。尾矿景观湖阳离子以 Na^+为主，占总量的 60%以上，Mg^{2+}和 Ca^{2+}占比无显著差异。3 个样地阴离子均以 Cl^-、SO_4^{2-}和 HCO_3^-为主，其中尾矿景观湖 SO_4^{2-}所占比例最大，南海湖 Cl^-所占比例最高，小白河则以 HCO_3^-为主，Cl^-占比居次。NO_3^-、F^-含量很少。尾矿景观湖阳离子含量、Cl^-和 SO_4^{2-}含量均显著高于小白河与南海湖（$P<0.05$）。

湖泊水生植物分布与水化学特征密切相关。Piper 三线图可直观反映水体离子组成及化学类型，是水化学研究的常用图表。3 湖离子分布如图 3，尾矿景观湖水型为 Na^+ - K^+ + SO_4^{2-}、Na^+ - K^++ Cl^-、Mg^{2+} - Ca^{2+} + SO_4^{2-}和 Ca^{2+} - K^+ + Cl^-型；小白河属于 Mg^{2+} - Ca^{2+} - CO_3^{2-} + HCO_3^- - Cl^-和 Mg^{2+} - Ca^{2+} - CO_3^{2-} + HCO_3^- - SO_4^{2-}；南海湖主要为 Na^+ - K^+ + SO_4^{2-}和 Na^+ - K^+ + Cl^-型，故水型多样。

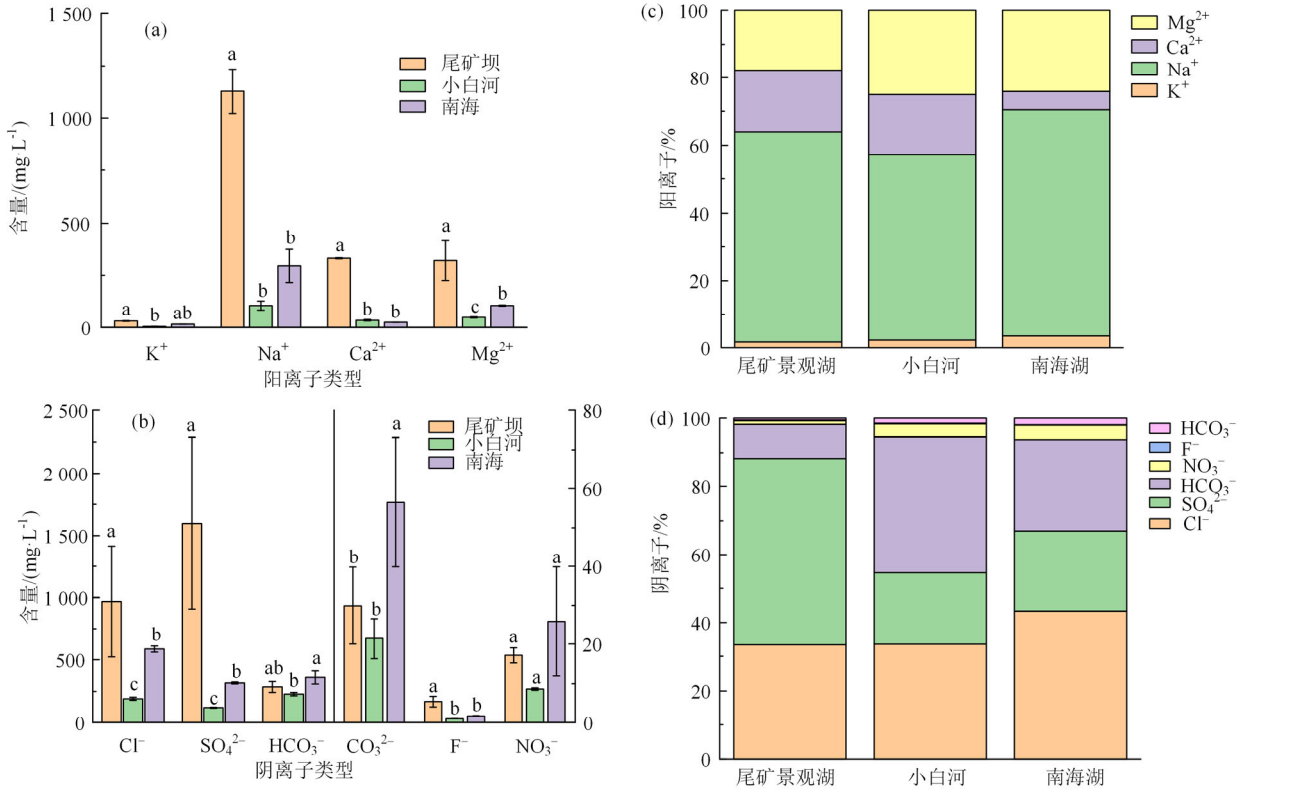
3 个湖泊水体中重金属含量见图 4 和表 4，Sr 含量最高，Li、Ba 次之，其他重金属含量较低。整体重金属含量较低，均在国标限值之内。尾矿景观湖部分重金属（如 Sr、Li、Mn）含量更高（$P<0.01$）。化学污染综合指数见表 5，3 个湖泊的化学污染综合指数均表明其水体处于中度污染水平。结合各湖泊理化参数分析超标物质，影响小白河、尾矿景观湖、南海湖水质的主要因素分别为 HCO_3^-、盐离子和 NH_4^+-N 含量，这与每个湖泊污染源不同有关。

表 3　水质理化指标

Table 3　Physicochemical indicators of water quality

采样湖泊	BOD_5/(mg·L^{-1})	TP/(mg·L^{-1})	Chl-a/(μg·L^{-1})	COD/(mg·L^{-1})	NH_4^+-N/(mg·L^{-1})	pH	EC/(μS·cm^{-1})	DO/(mg·L^{-1})	TDS/(mg·L^{-1})	SD/m
H	6.0±2.4^a	0.3±0.1^a	48.7±7.3^b	6.9±0.5^a	3.8±1.5^b	8.0±0.6^b	5 526.7±1 412.7^a	6.8±0.9^a	2 714.3±656.3^a	0.9±0.2^a
X	4.8±1.2^{ab}	0.5±0.2^a	74.6±5.3^a	5.5±1.5^a	3.9±0.9^b	8.6±0.1^{ab}	897.7±14.3^c	4.5±1.2^b	445.7±1.7^c	0.7±0.0^{ab}
N	5.3±3.1^a	0.4±0.3^a	75.9±6.7^a	5.7±2.1^a	6.8±0.1^a	9.1±0.0^a	2 205.3±4.7^b	6.5±0.6^a	1 103.0±2.0^b	0.5±0.1^b

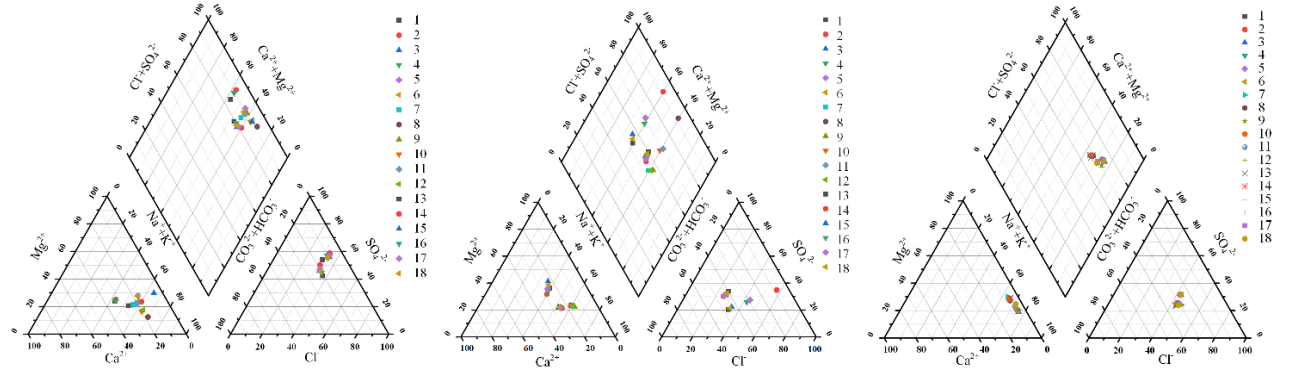
注：H 为尾矿景观湖；X 为小白河；N 为南海湖。同列数据后不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$）。



（a）阳离子含量；（b）阴离子含量；（c）阳离子百分比；（d）阴离子百分比。

图 2 3 个湖泊水体阴阳离子含量及百分比

Figure 2 Content and percentage of cations and anions in the three lakes



（a）尾矿景观湖；（b）小白河；（c）南海湖。

图 3 3 个湖泊离子分布 Piper 三线图

Figure 3 Piper trilinear diagram of ion distribution in the three lakes

2.2 高通量测序

将每个样地的 18 份水样等摩尔混合为 3 份样品，对 3 个湖泊样地的 9 份样品进行 16S rRNA 和 ITS 扩增子测序。基于 97%相似度，细菌（502 701 条有效序列）和真核微生物（976 116 条有效序列）分别获得 1 616 和 1 233 个 OTUs。

2.3 水体微生物多样性

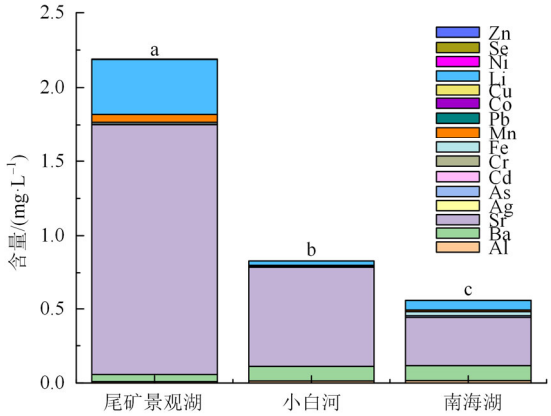
基于 97%相似度阈值，采用 α 多样性评价水体细菌与真菌群落。细菌 Shannon 指数显示南海湖物种多样性最高、小白河最低（$P<0.05$）；丰富度与多样性整体呈现南海湖＞尾矿景观湖＞小白河的趋势。Chao1、Simpson、ACE、Sobs 和 Coverage 指数在样地间无显著差异（$P>0.05$）。真核微生物 α 多样性整体呈小白河＞南海湖＞尾矿景观湖，但除 Coverage 和 Shannon 指数外，其余指数在各样地间差异不显著（$P>0.05$）（表 6）。

2.4 水体微生物群落结构

2.4.1 *3 湖水体微生物门水平优势类群* 3 湖水体门水平微生物群落组成见图 5。尾矿景观湖优势菌为变形菌门（Proteobacteria）；小白河放线菌门（Actinobacteriota）为主，变形菌门次之；南海湖以变形菌门、放线菌门和拟杆菌门（Bacteroidota）

三者共同主导。放线菌门、绿弯菌门（Chloroflexi）、芽单胞菌门（Gemmatimonadota）、变形菌门、梭杆菌门（Fusobacteriota）及 SAR324_ cladeMarine_group_B 的丰度在样地间存在显著差异（$P<0.05$）。样地间对比，小白河放线菌门、南海湖绿弯菌门相对丰度显著高于其余两湖（$P<0.05$）。真核微生物中，小白河 unclassified_k_Fungi 丰度低于其他两湖，而壶菌门相对丰度高于其他两湖；两者差异极显著（$P<0.01$）；罗兹菌门（Rozellomycota）在 3 个湖泊间差异亦显著（$P<0.05$）。

2.4.2 3 湖水体微生物属水平优势类群　属水平微生物群落组成见图 6。尾矿景观湖细菌主要以 *unclassified_f__*Rhodobacteraceae、*norank_f__*Rhodobacteraceae、*norank_f__*MWH- UniP1_aquatic_group、*Candidatus_Aquiluna* 及 *Hydrogenophaga* 等为主，其中 *Hydrogenophaga* 具有较强的硫酸根耐受性；小白河以 *hgcI_clade* 相对丰度最高，*CL500-29_marine_group*、*Cyanobium_ PCC-6307*、*Mycobacterium* 等次之；南海湖以 *hgcI_clade*、*norank_f__*MWH-UniP1_aquatic_group、*CL500-29_marine_group* 等为主。*hgcI_clade*、*CL500-29_marine_group* 及 *Candidatus_Aquiluna* 等菌属丰度在 3 个湖泊间差异显著（$P<0.05$）；小白河 *hgcI_clade* 相对丰度显著高于其他两个样地（$P<0.05$），*CL500-29_marine_group* 和 *norank_f__norank_ o__*Kapabacteriales 在南海湖相对丰度更高（$P<0.05$）。真菌群落方面，3 个湖泊样地中均鉴定到 *unclassified_k__*Fungi 相对丰度较高。此外，尾矿景观湖与南海湖共同发现较高丰度的 *unclassified_p__*Chytridiomycota，同时，尾矿景观湖 *unclassified_p__*Rozellomycota 相对丰度较高。样地间比较，*unclassified_k__*Fungi 和 *unclassified_p__*Chytridiomycota 的相对丰度差异极显著（$P<0.01$），*Rozellomycota_*sp.差异显著（$P<0.05$）。



不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$）

图 4　3 个湖泊重金属含量分布图

Figure 4　Distribution map of heavy metal concentrations in the three lakes

表 4　重金属含量平均值

Table 4　Average heavy metal concentrations　(mg·L⁻¹)

采样湖泊	Al	Ba	Sr	Ag	As
H	0.009±0.003^a	0.049±0.017^a	1.695±0.336^a	0.000±0.000^a	0.002±0.000^b
X	0.013±0.002^a	0.099±0.005^a	0.675±0.011^b	0.000±0.000^a	0.002±0.000^b
N	0.016±0.001^a	0.101±0.001^a	0.325±0.004^c	0.000±0.000^a	0.012±0.000^a

Cd	Cr	Fe	Mn	Pb	Co
0.000±0.000^a	0.000±0.000^a	0.014±0.001^b	0.051 5±0.037 0^a	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a
0.000±0.000^a	0.000±0.000^a	0.006±0.000^c	0.004 0±0.002 0^c	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a
0.000±0.000^a	0.000±0.000^a	0.028±0.002^a	0.011 0±0.001 0^b	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a

Cu	Li	Ni	Se	Zn
0.001±0.001^a	0.368±0.071^a	0.001 5±0.000 0^a	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a
0.001±0.000^a	0.030±0.001^c	0.000 0±0.000 0^b	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a
0.000±0.000^a	0.065±0.001^b	0.001 0±0.000 0^a	0.000±0.000^a	0.000±0.000^a

注：同列数据不同小写字母表示差异显著（$P<0.01$）。数据来源于本课题组前期试验结果 [17]。

表 5　化学污染综合指数

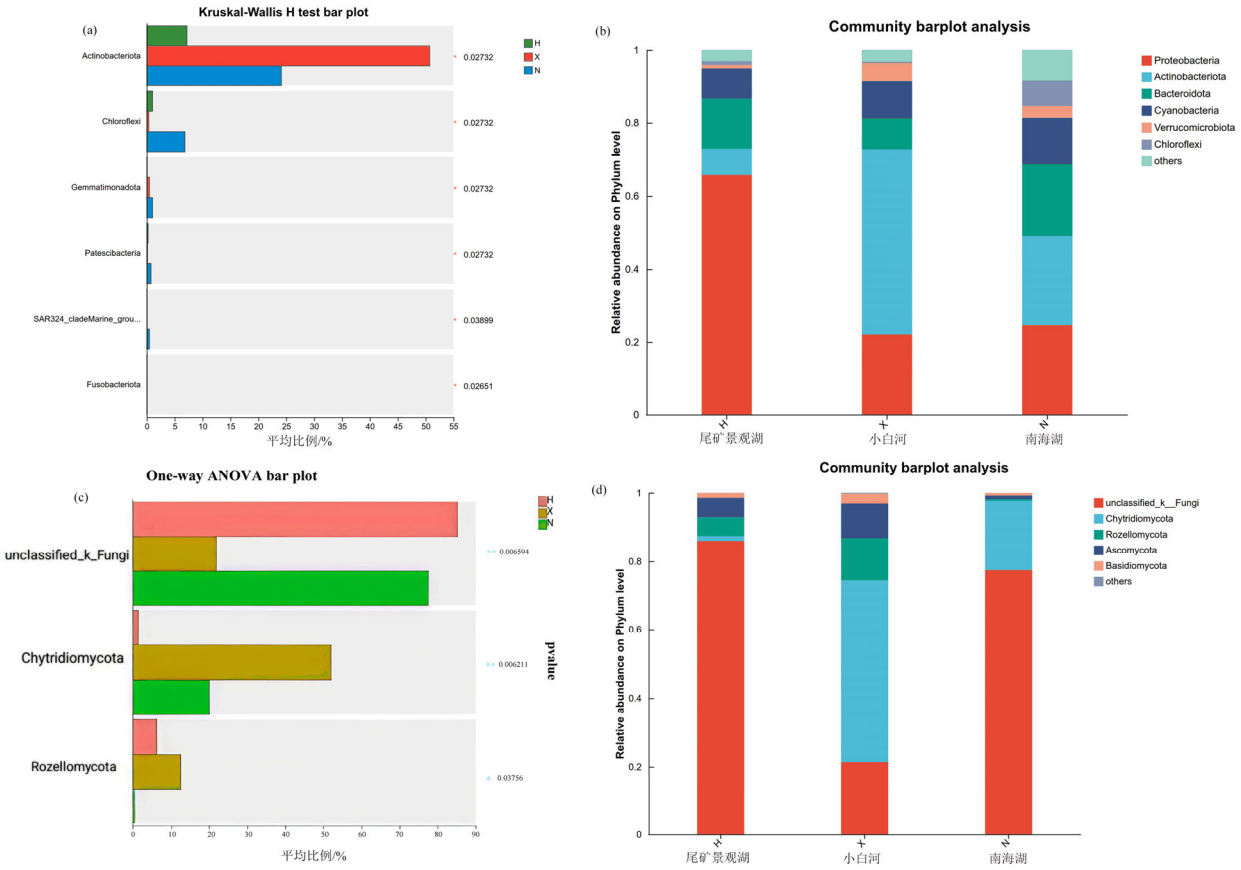
Table 5　Composite index of chemical pollution

地点	综合指数	污染程度
尾矿景观湖	2.74	中度污染
小白河	2.22	中度污染
南海湖	2.63	中度污染

2.5　水体微生物与环境因子的关系

3 个湖泊水体微生物与环境因子的 Pearson 相关性分析结果见图 7。尾矿景观湖水体中，细菌 Proteobacteria、Bacteroidota 及真菌 unclassified_k_Fungi、Chytridiomycota、Ascomycota、Basidiomycota 与环境因子的关系一致，表现为与 BOD_5、EC、TDS、

SD、Cl^-呈极显著负相关，与 TP、NH_4^+-N、pH、DO、Na^+、Mg^{2+}、SO_4^{2-}、HCO_3^-呈极显著正相关；细菌 Actinobacteriota、Cyanobacteria、Verrucomicrobiota、Chloroflexi、others 及真菌 Rozellomycota、others 则与 BOD_5、EC、TDS、SD、Cl^-呈极显著正相关，与 TP、NH_4^+-N、pH、DO、Na^+、Mg^{2+}、SO_4^{2-}、HCO_3^-呈极显著负相关。



（a）细菌差异分析；（b）细菌相对丰度；（c）真菌差异分析；（d）真菌相对丰度。

图 5 3 个湖泊微生物群落门水平相对丰度及差异性分析

Figure 5 Analysis of the relative abundance and diversity of microbial communities at the three lakes at the phylum level

表 6 3 个湖泊微生物群落 α 多样性指数

Table 6 α-Diversity indices of microbial communities at the three lakes

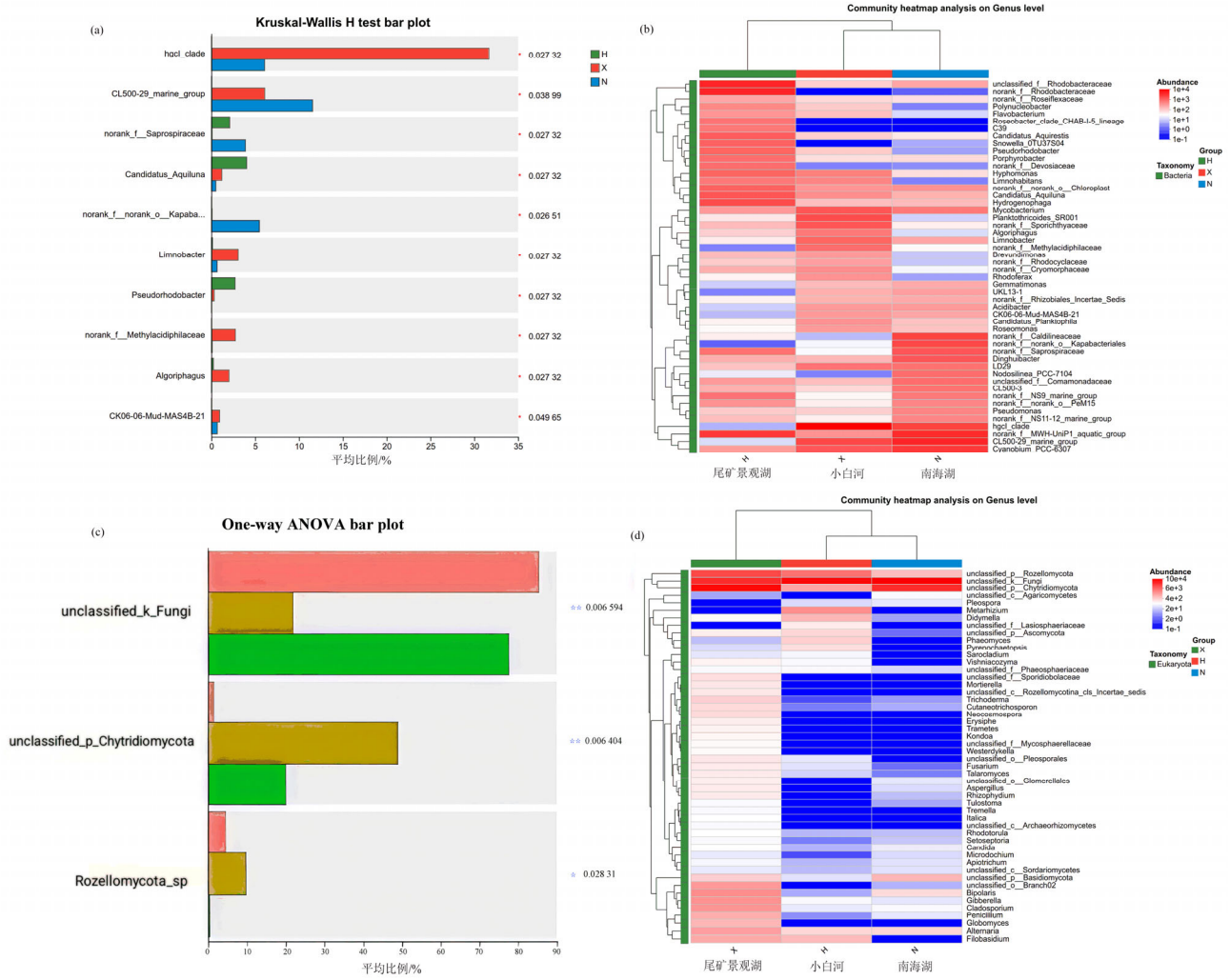
类型	地点	ACE 指数	Chao 指数	Coverage 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Sobs 指数
细菌	尾矿景观湖	738.46±149.11^a	742.91±153.32^a	1.00±0.00^a	3.99±0.35^{ab}	0.21±0.03^a	660.50±150.50^a
	小白河	719.40±127.83^a	724.98±134.03^a	1.00±0.00^a	3.85±0.26^b	0.08±0.02^a	538.00±97.00^a
	南海湖	712.13±34.76^a	726.58±22.87^a	1.00±0.00^a	4.52±0.19^a	0.08±0.01^a	616.50±33.50^a
真菌	尾矿景观湖	238.23±69.55^a	236.89±69.66^a	1.00±0.00^c	2.54±0.40^b	0.21±0.11^a	222.50±77.50^a
	小白河	286.51±35.84^a	285.80±35.66^a	1.00±0.00^a	3.77±0.42^a	0.08±0.04^a	284.50±36.50^a
	南海湖	280.76±24.09^a	285.38±28.62^a	1.00±0.00^b	3.53±0.36^{ab}	0.08±0.04^a	272.00±27.00^a

注：同列数据后不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$）。

小白河水体中，细菌 Proteobacteria、Actinobacteriota、Verrucomicrobiota 及真菌 unclassified_k_Fungi、Ascomycota、Basidiomycota 的丰度与 BOD_5、COD、TP、Chl-a、pH、EC、DO、TDS、Mg^{2+}呈极显著负相关，与 SD、Na^+、Ca^{2+}、K^+、SO_4^{2-}呈极显著正相关；细菌 Cyanobacteria、Chloroflexi 及其他类群的 Pearson 相关性分析结果显示，其与 BOD_5、COD、TP、Chl-a、pH、EC、DO、TDS、Mg^{2+}呈极显著正相关，与 SD、Na^+、Ca^{2+}、K^+、SO_4^{2-}呈极显著负相关。细菌 Bacteroidota 和真菌 Chytridiomycota 的生物量受少数环境因子调控，二者均与 NH_4^+-N 呈极显著负相关，与 HCO_3^-呈极显著正相关；而真菌 Rozellomycota 的生物量与 NH_4^+-N 呈极显著正相关，与 HCO_3^-呈极显著负相关。

南海湖水体中壶菌门（Chytridiomycota）真菌的分布受多个环境因子的显著调控。K^+浓度与细菌

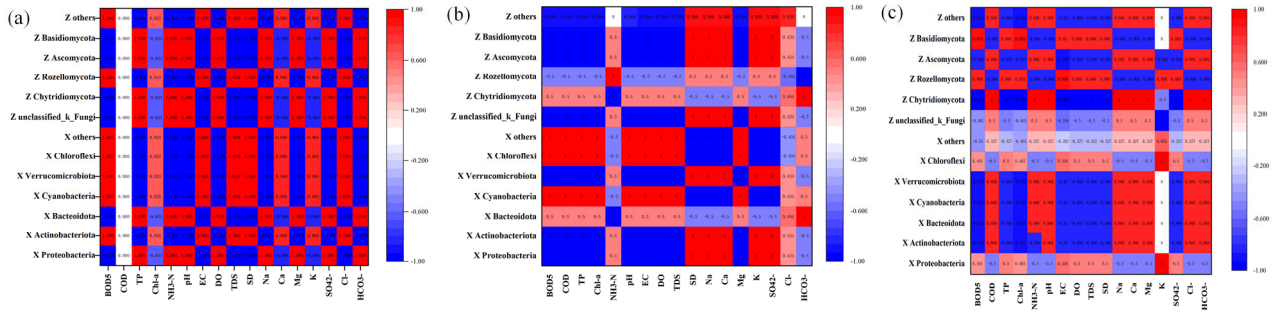
变形菌门（Proteobacteria）、绿弯菌门（Chloroflexi）的相对丰度呈极显著正相关，与未分类真菌（unclassified_k_Fungi）的相对丰度呈极显著负相关，表明 K^+可能是影响该微生物群落分布的重要环境协变量。其他环境因子虽与微生物群落存在不同程度的相关性，但均无统计学显著性。



（a）细菌群落属水平差异分析；（b）细菌群落属水平相对丰度；（c）真菌群落属水平差异分析；（d）真菌群落属水平相对丰度。

图 6　不同采样点微生物群落属水平相对丰度及差异性分析

Figure 6　Analysis of relative abundance and diversity of microbial communities at different sampling points at the genus level



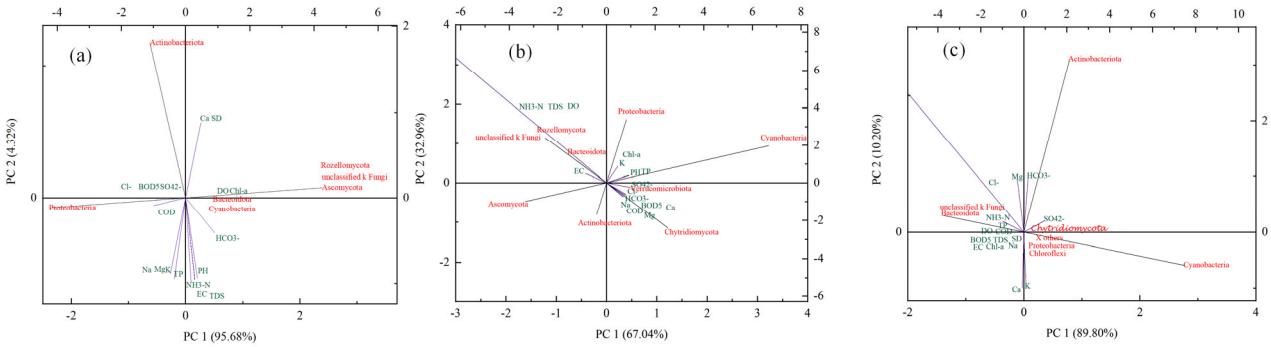
（a）尾矿景观湖；（b）小白河；（c）南海湖。

图 7　3 个湖泊微生物群落门水平生物量与环境因子的 Pearson 相关性分析

Figure 7　Pearson correlation analysis between phylum-level microbial community biomass and environmental factors in three lakes

基于Pearson相关性分析筛选出的极显著相关环境因子，分别对 3 个湖泊水体微生物群落进行 RDA 排序。结果显示，尾矿景观湖 RDA1 的解释率为 95.68%，RDA2 的解释率为 4.32%，SO_4^{2-}、Cl^-、BOD_5 和 DO 是影响该湖微生物群落的关键环境因子；小白河 RDA1 的解释率为 67.04%，RDA2 的解释率为

32.96%，SO_4^{2-}、pH、TP 和 EC 是关键环境因子；南海湖 RDA1 的解释率为 89.80%，RDA2 的解释率为 10.20%，BOD_5、COD、TP、Chl-a、NH_4^+-N、EC、DO、TDS、SD、Na、SO_4^{2-}和 Cl^-均为关键环境因子。3 个湖泊水体微生物群落与水质指标的 RDA 排序见图 8。



（a）尾矿景观湖；（b）小白河；（c）南海湖。

图 8 3 个湖泊微生物群落与水质指标的 RDA 排序图

Figure 8 RDA ordination diagram of microorganism and water quality index in three lakes

3 讨论

3.1 水质理化指标特征

3 个湖泊水体均呈弱碱性，透明度是影响水质关键因素之一，在春夏两季为第二大贡献因子[17]。调查发现，EC、TDS 均表现为尾矿景观湖＞南海湖＞小白河，说明尾矿景观湖含有更多的溶解性物质，与已有研究结果一致[25]。微生物分解水体有机物是一个耗氧过程[26-27]，尾矿景观湖 BOD_5 值高于其他两个样点，这可能与景观湖为封闭水体，死亡的植物及其他生物体在水体中分解，同时缺乏水体流动和物质交换有关。包头市于 1985 年将南海公园与鱼种站结合，并将其功能定位为“以旅游为主、养殖为辅”，年客流量达 40 余万人次；南海湖 NH_4^+-N 含量显著高于小白河和尾矿景观湖，推测与旅游及渔业养殖等人为干扰有关，这也对微生物多样性和丰度的变化产生了重要影响[28]。3 个湖泊水体的 COD 值无显著差异；叶绿素 a 浓度表现为小白河＝南海湖＞尾矿景观湖，但 DO 与 Chl-a 未表现出同步趋势，而是表现为尾矿景观湖＝南海湖＞小白河。微囊藻光合效率低且易形成表面浮膜，阻碍氧气溶解，可导致 DO 与叶绿素 a 浓度背离[29]；硝化细菌氧化氨氮的过程会大量耗氧[30]，抵消藻类产氧效应；此外，高温、强风等环境因素也会影响水体 DO 值，可能也是导致该现象的原因之一[31]。水体阴阳离子测定结果显示，3 个湖泊水体中均以 Na^+、Mg^{2+}和 Ca^{2+}为主要阳离子，与 2016 年天津市 5 个水体阳离子的研究结果相似[32]；Na^+、K^+、Mg^{2+}和 Ca^{2+}是天然水中常见的主要阳离子，易形成高溶解度盐类[33]，且能稳定存在于水中并进行长距离迁移[34]。水体阴离子组成表现为：尾矿景观湖以 SO_4^{2-}为主，南海湖以 Cl^-为主，小白河以 HCO_3^-和 Cl^-为主。矿石中硫化矿物经空气和水氧化，生成硫酸盐并释放 H^+，酸性环境又会溶解尾矿中的其他矿物，进一步释放 SO_4^{2-}[35]，这是导致尾矿景观湖与其他两湖阴离子组成产生差异的主要原因。3 个湖泊水体化学污染指数均表现为中度污染；尾矿景观湖虽部分指标相对较高，但综合污染指数处于中度污染水平，可能与既有治理和管理措施有关，其实际修复效果仍需长期监测验证。

3.2 水体微生物多样性

扩增子测序改变了微生物生态学研究范式，很大程度上克服了传统研究中微生物分离鉴定困难的问题。该技术以较高分辨率、功能导向的方式，揭示了低丰度及复杂微生物群落的组成、功能、动态及其与环境的互作机制，是探索“微生物暗物质”、挖掘生物资源、理解健康和疾病机制的强大工具[36-37]。测序结果显示，尽管水体细菌群落 Shannon 指数指示南海湖多样性最高、小白河最低，且其他指数在 3 个湖泊之间差异不显著，α 多样性反映的多样性和丰富度呈现南海湖＞尾矿景观湖＞小白河的趋势。王高皓等曾指出，煤层水 pH 降低可促进细菌群落多样性升高；当 Cl^-＜905 mg·L^{-1}、SO_4^{2-}＜1 974 mg·L^{-1}时，细菌群落的多样性和丰度与其浓度呈正相关；而当 Ca^{2+}质量浓度为 5.6～411.0 mg·L^{-1}、Mg^{2+}质量浓度为 30.3～697.0 mg·L^{-1}时，阳离子对微生物的细胞运动、胞内运输、分泌与囊泡运输以及无机离子转运产生了抑制作用[38]。此外，水体 COD 与能量转化及碳循环显著正相关；高 COD 反映有机质丰富，可增强微生物对碳循环

的参与，与尾矿景观湖含有较高阴阳离子及有机质的结果一致。真菌 α 多样性中，除 Coverage 和 Shannon 指数外，其他指数在 3 个湖泊样地间差异不显著（P＞0.05），整体呈现为小白河＞南海湖＞尾矿景观湖。霍亚楠等对高寒矿区土壤的研究表明，细菌是尾矿微生物多样性和丰富度较高的主要贡献者[39]，这与本研究中尾矿景观湖真菌多样性较低的结果一致。

变形菌门（Proteobacteria）是细菌界最大、多样性最丰富的门，适应性强，分布广泛。蒋利进等研究发现其为患病翘嘴鳜养殖池塘中的绝对优势菌门[40]，与本研究结果一致。对尾矿景观湖水体微生物的扩增子测序分析发现，水体中的 *Hydrogenophaga* 对硫酸根具有较强耐受性，可用于生物降解固体废物[41]，这与尾矿景观湖水体中含有大量硫酸根的特征相符。放线菌门（Actinobacteriota）是土壤中最丰富和最具活性的细菌类群之一，尤其在有机质丰富、排水良好的中性或微碱性土壤中含量较高；有研究表明其可能是淡水浮游细菌中最丰富的类群之一[42-43]。本研究中，Actinobacteriota 在小白河的相对丰度显著高于另两湖（P＜0.05）。*hgcI_clade*（Actinobacteriota）是小白河的优势属，丰度显著高于其他两湖，间接表明小白河水体流动性较好，且丰富的有机质为 Actinobacteriota 的生存提供了有利条件。此外，Actinobacteriota 可通过耦合微生物代谢增强系统稳定性，同步实现化学除磷与生物脱氮的协同强化[44]。南海湖 Chloroflexi 相对丰度显著高于小白河和尾矿景观湖（P＜0.05），其在分解污泥复杂有机物方面起关键作用，指示南海湖存在较复杂的有机物污染[45]。真菌群落方面，unclassified_k__Fungi 在尾矿景观湖和南海湖的相对丰度高于小白河，Chytridiomycota 相对丰度特征为小白河较高、其他两湖较低；Bacteroidota 只在南海湖水体中作为优势菌门。unclassified_k_Fungi 和 Chytridiomycota 在 3 个湖泊样地的相对丰度差异极显著（P＜0.01），Rozellomycota 相对丰度差异显著（P＜0.05），反映了 3 个湖泊生境条件的差异。

3.3　水体微生物与环境的关系

3 个湖泊水体微生物与环境因子的 Pearson 相关性分析结果显示，环境因子对微生物群落的影响强度依次为尾矿景观湖＞小白河＞南海湖，表明尾矿景观湖内部环境对微生物种类组成起决定性作用。在尾矿景观湖中，Proteobacteria、Bacteroidota 及 unclassified_k_Fungi 等核心优势类群与 TP、NH_4^+-N、pH、DO、Na^+、Mg^{2+}、SO_4^{2-}、HCO_3^-呈极显著正相关，与 BOD_5、EC、TDS、SD、Cl^-呈极显著负相关。该类群多为化能自养或兼性异养型，适应尾矿高盐、高硫、高氮磷的极端环境，可利用 SO_4^{2-}、HCO_3^-作为电子受体或碳源，通过硫、氮循环代谢适应胁迫；同时其代谢活动可提升 DO、稳定 pH，形成“环境-菌群”正向反馈[46]。Actinobacteriota、Cyanobacteria、Rozellomycota 等耐受型菌群的响应模式相反，偏好高 BOD_5、高盐度及低营养环境，通过与优势菌群的生态位分化维持群落稳定，该结果与张海涛等关于我国煤矿矿井水微生物群落特征及其驱动机制的研究结果一致[47]。SO_4^{2-}、Cl^-、BOD_5、DO 作为核心驱动因子，分别调控硫循环菌群、耐盐菌群筛选、异养菌群丰度及好氧/厌氧代谢路径[48]。偏碱性 pH 适配嗜碱菌群，高浓度 TP、NH_4^+-N 为优势菌群提供底物，促进其增殖并强化环境响应[49]。在小白河中，Proteobacteria、Actinobacteriota 及 unclassified_k_Fungi 等与 SD、Na^+、Ca^{2+}、K^+、SO_4^{2-}呈极显著正相关，与 BOD_5、COD、TP、Chl-a、pH、EC、DO、TDS、Mg^{2+}呈极显著负相关；这些类群多为清水型及耐盐/耐碱菌群，适应较低营养盐、高透明度水环境。Cyanobacteria、Chloroflexi 等的响应模式与之相反，偏好高有机污染、高营养盐及低透明度环境，属于富营养化指示菌群。Bacteroidota、Chytridiomycota 及 Rozellomycota 主要受 NH_4^+-N、HCO_3^-调控并参与氮循环；刘旭等[50]指出 AOA-MCBR 体系菌株可实现碳、氮、磷污染物的同步高效去除，Song 等[51]发现 Bacteroidota 对水体氮元素变化敏感，均与本研究结果一致。在小白河中，SO_4^{2-}仍具驱动作用但强度低于尾矿景观湖；pH、TP 调控营养盐循环与菌群代谢；EC 反映盐度干扰。整体而言，小白河环境胁迫弱于尾矿景观湖，菌群响应更为温和。在南海湖中，Chytridiomycota 为广谱耐受型，受多种环境因子显著调控，可适应富营养化、盐度与有机污染的复合胁迫。K^+对菌群具有特异性调控作用，显著正向影响 Proteobacteria、Chloroflexi，极显著负向调控 unclassified_k_Fungi，反映了离子平衡对菌群的精准筛选及寒旱区湖泊离子特征的独特影响。Liu 等[52]发现生产居住区及旅游区沉积物和水体中的 *ARGs* 丰度显著高于自然区，且 Chloroflexi 是 *ARGs* 的主要宿主，这解释了南海湖中 Chloroflexi 大量富集的原因。其他菌群与环境因子相关性不显著，表明其群落构建更依赖竞争、共生等生物互作，而非单一环境因子驱动。研

究表明细菌胞外聚合物（EPS）可增加土壤中 Cu、Cd 分布区 Proteobacteria、Chloroflexi 的丰度[53]，据此推测南海湖水体环境中 EPS 的存在可能促进了相关菌群的富集。

分析发现，尾矿景观湖微生物群落受多因子显著调控。一方面，尾矿大多具有高盐、高硫等极端环境特征，多重胁迫同时作用对微生物形成强筛选压力，菌群必须精准响应环境因子以维持生存[54]；另一方面，尾矿区生态系统尚处于初级演替阶段，生物多样性低且食物网结构简单，缺乏水生植物和大型动物等缓冲生物，环境因子的微小波动可直接传递至微生物群落，因缺少中间环节的削弱作用，导致菌群与环境因子的相关性被放大[55-56]。此外，尾矿景观湖优势菌群 *Hydrogenophaga* 属于功能特化型类群，其代谢途径与硫、氮、碳循环深度耦合，直接依赖 SO_4^{2-}、NH_4^+-N、DO 等环境因子作为底物或电子受体[57]。环境因子的变化直接影响该菌群的代谢效率与丰度，形成“因子-代谢-丰度”的强关联机制，故呈现极显著相关性。张泽晗等[58]的研究也表明，硫污染程度越高，硫氧化菌的调控作用越显著。*Hydrogenophaga* 作为尾矿景观湖的优势类群，可能通过代谢通路还原硫酸盐，促进 S、N、C 元素循环，降低硫化物毒性并提升氮磷去除率，从而改善水体状态[57]；同时，该菌群凭借其硫酸盐耐受性在尾矿景观湖中占据核心生态位，与其他菌群形成共生关系以稳定群落结构[59]，进而抵御环境波动，防止生态系统崩溃。

本研究未测定重金属生物可利用态，且未开展现场原位培养试验，因此不能准确反映重金属元素的化学形态特征和实际生态效应，后续研究可结合鸟枪法宏基因组测序，进一步解析微生物群落的功能潜能。

4 结论

尾矿景观湖 TDS、EC 值显著高于小白河与南海湖，细菌多样性表现为南海湖＞尾矿景观湖＞小白河，真核微生物多样性表现为小白河＞南海湖＞尾矿景观湖。水体微生物群落主要受 SO_4^{2-}、Cl^-、BOD_5 和 DO 的显著影响。化学污染综合指数显示 3 个湖泊水体均为中度污染，且均具有盐碱水体的典型特征，存在大量耐盐碱菌群。

参考文献：

[1] 解铭威, 冉藜, 贾文贞, 等. 包头市生态系统服务价值评估与模拟[J]. 生态科学, 2025, 44(5): 252-261.

[2] Guo Z H, Cao J, Xu R, et al. Novel photoelectron-assisted microbial reduction of arsenate driven by photosensitive dissolved organic matter in mine stream sediments[J]. Environ Sci Technol, 2024, 58(50): 22170-22182.

[3] Chen X L, Wang J, Pan C Y, et al. Metagenomic analysis reveals the response of microbial community in river sediment to accidental antimony contamination[J]. Sci Total Environ, 2022, 813: 152484.

[4] Huang Q, Huang Y, Li B, et al. Metagenomic analysis characterizes resistomes of an acidic, multi-metal(loid)-enriched coal source mine drainage treatment system[J]. J Hazard Mater, 2023, 448: 130898.

[5] Giddings L A, Chlipala G, Kunstman K, et al. Characterization of an acid rock drainage microbiome and transcriptome at the Ely Copper Mine Superfund site[J]. PLoS One, 2020, 15(8): e0237599.

[6] Nural Yaman B, Vatansever Ö, Demir E K, et al. Removal of arsenic from acidic liquors using chemical and autotrophic and mixed heterotrophic bacteria-produced biogenic schwertmannites[J]. J Microbiol Meth, 2023, 211: 106775.

[7] Rajput V, Pramanik R, Nannaware K, et al. Metagenomics based longitudinal monitoring of antibiotic resistome and microbiome in the inlets of wastewater treatment plants in an Indian megacity[J]. Sci Total Environ, 2025, 986: 179691.

[8] Yin X J, Rahaman M H, Liu W B, et al. Comparison of nitrogen and VFA removal pathways in autotrophic and organotrophic anammox reactors[J]. Environ Res, 2021, 197: 111065.

[9] Li H Y, Tan L, Xu Y, et al. Metagenomics insights into the performance and mechanism of soil infiltration systems on removing antibiotic resistance genes in rural sewage[J]. J Environ Manag, 2023, 346: 118981.

[10] James A, Afsal A, Bovas J J L. Pollution due to backwater Tourism and possibilities for use of Green Energy Technologies[J]. Int J Adv Eng Res Sci, 2019, 6(11): 130-135.

[11] Dell’Acqua A N, Scicchitano D, Simoncini N, et al. Ski tourism shapes the snow microbiome on ski slopes in the Italian central Alps[J]. Environ Microbiol Rep, 2025, 17(5): e70195.

[12] Wang B H, Hu K M, Chen L, et al. Effects of tourism development on ecological network and function of sediment microbial communities in the urban wetland park[J]. Soil Ecol Lett, 2024, 6(4): 240249.

[13] 王戈, 于强, Yang D, 等. 包头市层级生态网络构建方法研究[J]. 农业机械学报, 2019, 50(9): 235-242.

[14] 薛磊, 冀鹏浩, 高润红, 等. 黄河包头段主要湿地植物分布规律及空间格局: 以包头小白河湿地为例[J]. 环境科学学报, 2025, 45(8): 438-448.

[15] 拜亚红, 钱晨歌, 袁思静, 等. 包头南海湿地磷形态及污染源定量识别[J]. 环境科学, 2021, 42(9): 4275-4286.

[16] 周士锋, 魏亚娟, 何磊, 等. 包头市南海湿地不同季节土壤养分分布特征[J]. 北方园艺, 2023(20): 69-76.

[17] 郭子晴. 包头某尾矿渗漏湖泊浮游植物功能群结构及其与环境因子的关系[D]. 包头: 内蒙古科技大学, 2023.

[18] GB 3838—2002. 地表水环境质量标准[S].

[19] 刘楠, 陈盟, 高东东, 等. 德阳市平原区浅层地下水水化学特征与健康风险评价[J]. 环境科学, 2024, 45(4): 2129-2141.

[20] Debnath P, Biswas A, Chaudhuri P, et al. Assessment of hydro-chemical characteristics and pollution status in Rudrasagar Lake ecosystem integrating pollution indices and geospatial techniques: a framework for sustainable wetland management[J]. Clean Water, 2025, 4: 100142.

[21] Misawa H, Tateishi Y, Horimai Y, et al. A useful PCR primer set for the ectomycorrhizal fungus *Tricholoma matsutake* in wild pine rhizosphere based on the nuclear ribosomal DNA IGS2 sequence[J]. Mycoscience, 2024,

65(4): 191-198.
[22] 李青,刘浩浩,肖海林,等.猕猴桃溃疡病不同发病程度下根际土壤微生物群落结构和多样性分析[J].植物保护, 2026, 52(3): 96-103.
[23] 周佳峥, 吴清洋, 史策, 等. 三疣梭子蟹养殖底质恶化的表型和理化特征及其与细菌群落的相关性[J]. 水产学报, 2026, 50(1): 142-155.
[24] 王紫琴, 郑小俊, 李亮, 等. 植物修复对钨尾矿细菌群落结构和功能的影响[J]. 环境化学, 2026, 45(1): 161-174.
[25] 鞠永富, 于婷, 鞠鑫, 等. 小兴凯湖浮游动物丰度及其水环境影响因子[J]. 湿地科学, 2024, 22(5): 798-807.
[26] 简正军, 胡启武, 黄静怡, 等. 鄱阳湖薹草枯落物分解过程中 CO_2 排放和微生物群落动态变化[J]. 环境科学学报, 2026, 46(4): 429-438.
[27] Chen M L, Hur J, Gu J D, et al. Microbial degradation of various types of dissolved organic matter in aquatic ecosystems and its influencing factors[J]. Sci China Earth Sci, 2023, 66(2): 169-189.
[28] 杨文焕, 李艳芳, 张明宇, 等. 基于长时间序列内蒙古典型湖泊水质变化特征及趋势分析[J]. 湖泊科学, 2025, 37(4): 1249-1266.
[29] 王弘宇, 王溶榕, 胡晓玲, 等. 藻-菌颗粒污泥: 低碳污水处理新技术[J]. 中国给水排水, 2024, 40(22): 13-21.
[30] Saha P, Kniggendorf A K, Pommerening-Röser A, et al. Assessment of oxygen kinetic parameters for closely related ammonia-oxidizing bacteria[J]. Lett Appl Microbiol, 2024, 77(8): ovae076.
[31] Norouzi S, Spray J, Trojahn S, et al. Temporal changes of headwater river surface microlayer characteristics during the dry to wet season transition in the tropical rainforest of Guyana[J]. Sci Rep, 2025, 15(1): 45568.
[32] 杨静慧, 朱逵, 龚无缺, 等. 天津市 5 个水体钙、镁、钠、钾离子含量与污染状况分析[J]. 天津农林科技, 2016(6): 5-7.
[33] 孙厚云, 卫晓锋, 甘凤伟, 等. 滦河流域中上游富锶地下水成因类型与形成机制[J]. 地球学报, 2020, 41(1): 65-79.
[34] 王大钊, 冷成彪, 秦朝建, 等. 铀的地球化学性质与成矿作用[J]. 大地构造与成矿学, 2022, 46(2): 282-302.
[35] Kong L H, Hu X Y, Peng X J, et al. Specific H_2S release from thiosulfate promoted by UV irradiation for removal of arsenic and heavy metals from strongly acidic wastewater[J]. Environ Sci Technol, 2020, 54(21): 14076-14084.
[36] Kucher L, Kava L, Cepoi L, et al. Current state-of-the-art of NGS in soil microbial ecology interpreted through the hierarchical environmental filtering (HEF) framework[J]. Diversity, 2026, 18(9): 556.
[37] Li Z H, Zhao C, Mao Z Y, et al. Metagenomics insights into bacterial community, viral diversity and community-scale functions in fermented red pepper[J]. Food Microbiol, 2026, 135: 104986.
[38] 王高皓, 段生杰, 王贝, 等. 煤层水化学特征对微生物群落结构及代谢功能的影响[J]. 煤田地质与勘探, 2025, 53(5): 104-113.
[39] 霍亚楠, 张世彬, 杨元武, 等. 高寒矿区人工恢复草地与自然植被土壤酶活性与土壤微生物特征比较分析[J]. 草原与草坪, 2025, 45(5): 13-25.
[40] 蒋利进,姜志勇,吴郁丽,等.患传染性脾肾坏死病翘嘴鳜养殖池塘水质及水体微生物群落结构分析[J].水生态学杂志,2026,47(4):219-231.
[41] Crognale S, Tonanzi B, Valentino F, et al. Microbiome dynamics and phaC synthase genes selected in a pilot plant producing polyhydroxyalkanoate from the organic fraction of urban waste[J]. Sci Total Environ, 2019, 689: 765-773.
[42] Chiriac M C, Haber M, Salcher M M. Adaptive genetic traits in pelagic freshwater microbes[J]. Environ Microbiol, 2023, 25(3): 606-641.
[43] Debnath S C, Chaput D L, McMurtrie J, et al. Seasonal dynamics and factors shaping microbiomes in freshwater finfish earthen aquaculture ponds in Bangladesh[J]. Environ Microbiome, 2025, 20(1): 38.
[44] 章健华. 不同工况下铁炭强化生物滞留设施脱氮除磷效能与去除机制[J]. 环境工程技术学报, 2026, 16(1): 136-147.
[45] 李东阁, 于立红, 杨蕊, 等. 混合式净化槽处理农村生活污水的性能分析[J]. 工业水处理, 2026, 46(1): 67-74.
[46] 冯琪, 易卿, 刘允佳, 等. 硫氧化菌在碱性尾矿中的适应机制与生态修复作用研究进展[J]. 岩矿测试, 2026, 45(2): 327-349.
[47] 张海涛,王浩,陈晓晴,等.我国煤矿矿井水中微生物群落特征及其驱动机制研究进展与展望[J/OL].煤炭学报, 1-16.
[48] 贾炎,曾晴,张盈,等.西太平洋多金属结核与周围沉积物微生物群落及关键功能活性比较[J/OL].矿物岩石地球化学通报,1-14 [2025-11-25]. https://link.cnki.net/urlid/52.1102.P.20260324.1036.001.
[49] Li X Q, Liu W Z, Zhang W Z, et al. Short-chain fatty acid production from waste activated sludge and in situ use in wastewater treatment plants with life cycle assessment[J]. Resour Conserv Recycl, 2023, 198: 107186.
[50] 刘旭,张连,郑杰华,等.AOA-MCBR 中试系统处理城镇生活污水的效能及机理研究[J/OL].中国环境科学,1-13[2025-11-25].https://doi.org/10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20260324.001.
[51] Song X X, Liu L, Chen G J, et al. *Quyinboa mangrovi* gen. nov., sp. nov., *Quyinboa ferrireducens* sp. nov., and *Quyinboa sediminis* sp. nov., three novel Fe(III)-reducing and nitrogen-fixing bacteria isolated from mangrove sediment, and the proposal of *Quyinboaceae* fam. nov. within the class *Bacteroidia*[J]. Syst Appl Microbiol, 2025, 48(6): 126668.
[52] Liu Y C, Gong Y M, Cheng Y D, et al. Intensified anthropogenic activities dominate the spatiotemporal dynamics of antibiotic resistance genes in lake ecosystems[J]. Environ Res, 2026, 297: 124158.
[53] 罗丹,高帆帆,杨思培,等.细菌胞外聚合物对土壤 Cu、Cd 赋存形态及微生物群落的影响[J/OL].农业环境科学学报, 1-12[2025-11-25].https://link.cnki.net/urlid/12.1347. S.20251120.1154.004.
[54] 刘鹏远, 张海坤, 陈琳, 等. 黄渤海海草分布区日本鳗草根际微生物群落结构特征及其功能分析[J]. 微生物学报, 2019, 59(8): 1484-1499.
[55] Zhang Y Z, Yang Y W, Shi R, et al. Investigation of insect diversity in the restoration area of Yimin Surface Mine in Inner Mongolia[J]. Diversity, 2025, 17(9): 635.
[56] Li M, Liu J, Cao D, et al. Heavy metal pollution simplifies microbial networks and enhances modularity during tailings primary succession: divergent assembly dynamics for bacterial and fungal communities[J]. Front Microbiol, 2025, 16: 1566627. DOI: 10.3389/fmicb.2025.1566627.
[57] Yang X, Zhu Y B, Zhao S P, et al. Reconstruction of a microbial TNT deep degradation system and its mechanism for reshaping microecology[J]. J Hazard Mater, 2025, 488: 137411.
[58] 张泽晗, 尚长健, 贾永锋, 等. 有机污染物微生物降解机制及生物指示效应研究进展[J]. 中国环境科学, 2026, 46(2): 1000-1014.
[59] 乔洋,尚海丽,张衡,等.多源固废联合微生物对新排土场土壤养分提高和微生物多样性的影响[J/OL].应用与环境生物学报,1-17. [2026-03-10].https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2025.11007.