doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2025.12.068

银川市第二排水沟沉积物细菌群落结构特征与构建机制研究

徐　程[1]　魏泽宇[1]　邱小琮[2]　付永亮[1]　王楚尤[1]　董军林[1]　赵增锋[1]
(1.宁夏大学土木与水利工程学院,银川 750021;2.宁夏大学生命科学学院,银川 750021)

摘要:为探讨银川市第二排水沟沉积物细菌群落结构特征及其群落构建过程的影响,结合高通量测序技术、非度量多维尺度分析(NMDS)、中性群落模型(NCM)以及结构方程模型(SEM),分析沉积物理化特征及细菌的结构特征、群落构建及驱动机制。结果表明,电导率(EC)与 Chao1 指数、Observed 指数、Shannon 指数、Simpson 指数均存在显著性正相关,而总氮(TN)和铵态氮(NH_4-N)含量与 α 多样性指数均不存在显著性。细菌优势菌门为变形菌门和脱硫杆菌门,优势菌属为 *Thiobacillus*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas* 菌属。从 2021 年 8 月到 2022 年 8 月,基于 NCM 模型、PER-SIMPER 和 DNCI 的结果均表明细菌群落构建主要受随机过程的影响。SEM 分析表明中性模型随机性过程(R^2)和共现网络结构稳定性主要受 EC、NH_4-N 和总磷(TP)含量驱动,其中 EC 能够直接影响共现网络结构的稳定性,且存在显著性负相关($r = -0.369$);TP 含量直接影响 R^2,同时存在显著性正相关($r = 0.504$)。本研究不仅拓展了对水域沉积物细菌群落结构特征认识,也探明了细菌构建机制及共现网络拓扑特性,以及理化因子对 R^2 和共现网络结构稳定性的驱动过程。

关键词:细菌群落结构;NCM 模型;群落构建;结构方程模型
中图分类号:TV93;X172　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1000-1298(2025)12-0738-12　　**OSID**:

Investigation of Characteristics and Assembly Mechanisms of Bacterial Community Structure in Sediments of the Second Drainage Ditch in Yinchuan City

XU Cheng[1]　WEI Zeyu[1]　QIU Xiaocong[2]　FU Yongliang[1]　WANG Chuyou[1]　DONG Junlin[1]　ZHAO Zengfeng[1]
(1. *School of Civil and Hydraulic Engineering*, *Ningxia University*, *Yinchuan* 750021, *China*
2. *School of Life Science*, *Ningxia University*, *Yinchuan* 750021, *China*)

Abstract: High-throughput sequencing technology, non-metric multidimensional scaling (NMDS), neutral community model (NCM) and structural equation modelling (SEM) were used to analyze sediment physicochemical properties, bacterial structural features, community assembly, and driving mechanisms in order to examine the bacterial community structure characteristics and community assembly processes of sediments in the Second Drainage Channel of Yinchuan City. The findings indicated that whereas total nitrogen (TN) and ammonium nitrogen (NH_4-N) concentrations did not substantially correlate with α-diversity indices, electrical conductivity (EC) did considerably positively correlate with Chao1, Observed, Shannon, and Simpson diversity indices. *Thiobacillus*, *Bacteroidetes_vadinHA*17, and *Dechloromonas* were the major genera in the bacterial phyla Proteobacteria and Desulfobacterota. Results from PER-SIMPER, DNCI, and the NCM model consistently showed that stochastic processes dominated the bacterial community assembly between August 2021 and August 2022. EC, NH_4-N, and total phosphorus (TP) were the main drivers of the neutrality model's stochasticity (R^2) and the stability of the co-occurrence network structure, according to SEM analysis. Co-occurrence network stability was specifically directly and significantly impacted negatively by EC ($r = -0.369$) and positively by TP ($r = 0.504$). The research revealed the bacterial assembly methods, co-occurrence network topology, and the driving impacts of physicochemical parameters on R^2 and network stability, in addition to advancing the understanding of structure characteristics of bacterial communities in aquatic sediments.

Key words: bacterial community structure; NCM model; community assembly; structural equation modeling

收稿日期:2025-04-14　修回日期:2025-06-10
基金项目:宁夏自然科学基金重点项目(2023AAC02026)和宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)
作者简介:徐程(1993—),男,博士生,主要从事流域水生态研究,E-mail:xucheng_19930817@163.com
通信作者:邱小琮(1971—),男,教授,博士,主要从事水域生态学及水环境调控研究,E-mail:qiu_xc@nxu.edu.cn

0　引言

排水沟作为城乡排水系统的重要组成部分，不仅承担着雨污水的汇集与输送功能，还在水体自净、污染物截留与降解以及灌溉水源分配等方面发挥着关键作用[1]。近年来，随着城市化进程的加快与面源污染的加剧，排水沟沉积物环境条件发生显著变化，其微生物群落结构及功能潜能日益成为环境监测与污染修复研究的热点[2]。与其他排水沟相比，银川市第二排水沟（后面简称“二排”）功能则更为突出。二排贯穿宁夏回族自治区银川市区，不仅具备农田灌溉、防洪排涝等功能，还需要接纳银川市第五污水处理厂的尾水和沿线的生活污水。因此、基于二排在银川市的独特地位，对二排沉积物细菌群落结构特征及构建机制加以研究则尤为重要。

排水沟沉积物中微生物群落的构建机制是一个复杂的生态过程，涉及多种环境因子与微生物相互作用。细菌作为沉积物生态系统中的重要组成部分，不仅在有机物降解、氮磷循环及污染物转化等方面发挥着关键作用，还通过微生物群落之间的竞争、协同与合作，调节生态环境的平衡[3]。然而，细菌群落的形成与演替并非单一因素的结果，而是多重因素共同作用的结果，主要包括随机过程与确定性过程两大类机制。随机过程通常在微生物群落的初期建立阶段起着重要作用[4]。沉积物中不同的理化特性、海拔及季节变化等因素可能导致细菌群落的随机变化。文献[5]表明太湖入湖河口表层沉积物细菌群落结构主要受流速和总有机碳含量显著影响，中性群落模型分析结果显示随机性生态过程在入湖河口细菌群落构建过程中起着关键作用；相对河流和湖泊，河口细菌群落的随机性生态过程相对贡献更低。文献[6]表明海拔和纬度分别是青藏高原湖泊沉积物和水体细菌群落结构变化最显著的驱动因子。沉积物细菌群落均具有明显的距离衰减模式。文献[7]表明对汉江上游干支流沉积物细菌群落在不同季节有显著差异；确定性过程并未在细菌群落组成中起到主导作用；随机过程很大程度上影响了群落在秋季和春季的组成，是沉积物细菌群落构建的主导因素。而确定性过程则主要是指环境选择压力对微生物群落的筛选作用。在排水沟沉积物中，环境因子如有机物含量、pH 值、氧化还原电位、重金属浓度等，将直接影响细菌种群的生长与分布。文献[8]表明有机无机肥配施因有机物在厌氧消化过程中增加产甲烷细菌而增加甲烷排放。文献[9]表明细菌的丰富度和多样性与土壤的 pH 值密切相关。文献[10]表明 As 和 Hg 对不同的优势菌门产生影响显著。此外，细菌群落的构建机制不仅受单一环境因子的影响，还受到多种因素的综合作用，且不同环境条件下，随机过程与确定性过程可能会相互交织。在一些受到严重污染的排水沟中，环境选择可能起主导作用，决定了特定耐污染细菌群落的建立[11]；而在较为自然或未受污染的地区，随机过程则可能在细菌群落的初期形成阶段中占主导地位[12]。

本文以银川市第二排水沟兴庆区段为代表研究区域，选择其表层沉积物为研究对象，结合高通量测序结果与环境因子特征，分析沉积物细菌群落结构、变化规律。探讨排水沟沉积物中细菌群落构建机制，分析群落构建过程中确定性过程与随机过程的相对贡献度，并结合共现网络及结构方程模型（SEM）揭示驱动其群落构建过程的影响因子。系统评估排水沟细菌群落的演替规律及其驱动因素，以期为更好地认识和理解细菌群落构建机制提供理论支持，以及为污染治理提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况与采样点分布

二排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，贯穿银川市，最终流入黄河。本研究在二排兴庆区境内设置 6 个采样点，采用 GPS 确定各采样点经纬度坐标以及高程。各点位具体特征位置和坐标见图 1 和表 1 所示。

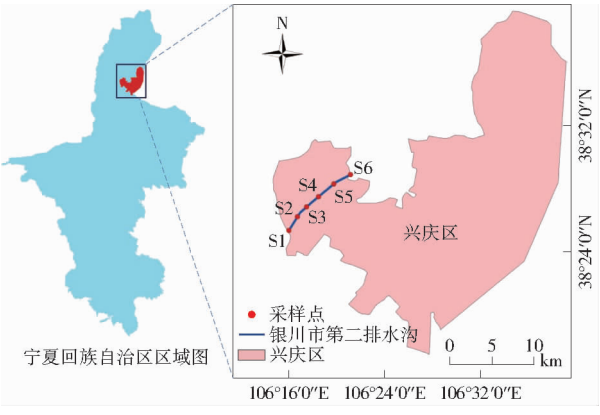

图 1　采样点区域图

Fig. 1　Sampling point area map

表 1　采样点坐标

Tab. 1　Coordinates of sampling points

采样点	经度/(°)	纬度/(°)	高程/m	位置特征
S1	106.269 625	38.426 501	1 107.40	胜利街交叉路口
S2	106.281 720	38.440 568	1 105.10	宝湖东路交叉路口
S3	106.300 610	38.454 844	1 103.20	新华东街交叉路口
S4	106.309 122	38.460 486	1 100.10	银通公路交叉路口
S5	106.319 875	38.466 880	1 098.70	北京东路交叉路口
S6	106.368 652	38.489 518	1 095.10	京藏高速交叉路口

1.2 样品采集与预处理

本实验从 2021 年 8 月至次年 8 月累积 4 次采样,采样时间分别为 2021 年 8 月份、2021 年 12 月份、2022 年 5 月份以及 2022 年 8 月份。沉积物用抓斗式采泥器采取 0 ~ 20 cm 的表层沉积物样品,每个采样点及上下游 10 m 处各进行一次,将该采样点对应的 3 个样品充分混合后均分成两份样品,1 份样品放入 -80℃冷冻柜保存,用于细菌 16S rRNA 高通量测序;1 份经自然风干后粉碎过 100 目筛,用于测定理化指标。

1.3 样品理化性质测定

沉积物样品检测主要为:pH 值、盐度(SAL)、电导率(EC)以及总氮(TN)、硝态氮(NO_3-N)、铵态氮(NH_4-N)、总磷(TP)含量共 7 个指标,具体土壤理化性质指标测定方法参考文献[13]。

1.4 沉积物细菌 16S rRNA 检测

使用 NucleoSpin 96 soil DNA 提取试剂盒(MACHEREY - NAGEL 公司,德国)提取样品 DNA。338F (5′-ACTCCTACGGGAGG CAGCA-3′)和 806R (5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)作为引物集对 16S rRNA (V3 + V4)区域进行 PCR 扩增[14]。扩增产物按等摩尔比混合,使用 Monarch DNA 凝胶提取试剂盒(New England Biolabs 公司,美国)纯化,并用于高通量测序。配对后的 reads 使用 FLASH (version 1.2.11)连接,合并后的 reads 使用 QIIME 1.9.1 处理[15]。在用 Cutadapt (version 1.9.1)检测和裁剪引物序列之前,用 Trimmomatic (version 0.33)[16]对原始序列进行去噪、排序和分离。将嵌合物 UCHIME (version 8.1)过滤后,剩余序列用 USEARCH (version 10.0)[16]聚类成 OTUs(序列相似度 97% 以上),OTUs 的阈值为所有序列计数的 0.005%。

1.5 数据分析与制图

使用 Excel 2021 和 SPSS 27.0 对理化指标数据和土壤微生物丰度数据统计整理,采用单因素 ANOVA 检验方法进行显著性分析。利用 Mothur (version 1.3.0)计算 α 多样性。利用 Origin 2022 对门水平及属水平下细菌群落结构绘制柱形堆积图。采用 Mantel_test 分析 α 多样性指数与环境因子相关性。采用 Bray - Curtis 距离分析群落多样性,使用 R 语言 vegan 包和 ANOSIM 包进行细菌群落结构组成的 ANOSIM 分析,采用非度量多维尺度分析方法 (Non-metric multidimensional scaling analysis, NMDS)基于 OTUs 水平研究细菌群落组成的相似性或差异性,R 语言绘制 NMDS 分析图。采用 Baselga 提出的 β 多样性分解框架进行 β 多样性分解[17]。采用 NCM 评估随机过程对土壤微生物群落构建过程的相对重要性[18],NCM 使用 Hmisc、minpack. lm 和 stats4 包进行。使用 PER - SIMPER (PERSIMPER. R 函数)和 DNCI (DNCImper 包)[19]评估土壤微生物群落构建过程中确定性过程和随机过程的相对重要性。共现网络构建利用 R 4.3.2 中的 psych 包进行 Spearman 相关性分析,选择具有相关性的节点代入分析,利用 Gephi (V 0.10.1)软件进行计算与可视化处理。

2 结果与分析

2.1 沉积物物理化学性质

4 次采样中,沉积物物理化学性质存在一定差异(图 2),其中 pH 值、EC、SAL 和 TP 含量(质量比)存在显著性差异,且 pH 值、EC 和 SAL 在 2022 年 5 月均值最大,分别为 8.73、162.5 μS/cm 和 8.36%;TP 含量在 4 次采样过程成上升趋势,均值分别为 0.40、0.59、0.64、0.69 g/kg。尽管 TN、NO_3-N 和 NH_4-N 含量在 4 次采样中均未表现出统计学上的显著性差异,但各项指标在不同时间点呈现出一定的变化趋势,反映出明显的季节性规律与外部干扰影响。TN 含量在采样期间呈现出先降低后升高的趋势,2022 年 5 月 TN 含量较 2021 年 8 月降低 41.28%。该变化与夏季施肥输入增加、作物吸收利用以及随后的降水淋溶作用共同影响有关。NO_3-N 含量在 2021 年 12 月达到最高值(7.28 mg/kg)。NH_4-N 含量在前 3 次采样中波动较小(43.77 ~ 55.79 mg/kg),而在 2022 年 8 月显著升高至 76.13 mg/kg,这与夏季高温条件可能抑制了铵态氮的硝化转化过程,导致其在土壤中积累有关。

2.2 物种多样性指数与土壤物理化学性质相关性分析

Chao1 指数、Observed 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数等 α 多样性指数是反映微生物群落丰富度和多样性的重要指标。二排 4 次采样土壤细菌的 Chao1 指数、Observed 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数,如图 3(图中不同字母表示差异显著)所示,采用 Mantel_test 分析对多样性指数与理化因子的相关性分析,如图 4 所示。Chao1 指数和 Observed 指数在 2021 年 12 月与 2022 年 5 月存在显著性差异,在 2021 年 12 月处在最低值(1 840.56 和 1 814.16),2022 年 5 月处在最大值(2 369.48 和 2 360),而 4 次采样中 Shannon 指数和 Simpson 指数均不存在显著性差异,其中在 2022 年 8 月 Shannon 指数和 Simpson 指数低于其他 3 次,分别为 9.14 和 0.96。Mantel_test 分析表明:4 个 α 多样性指数主

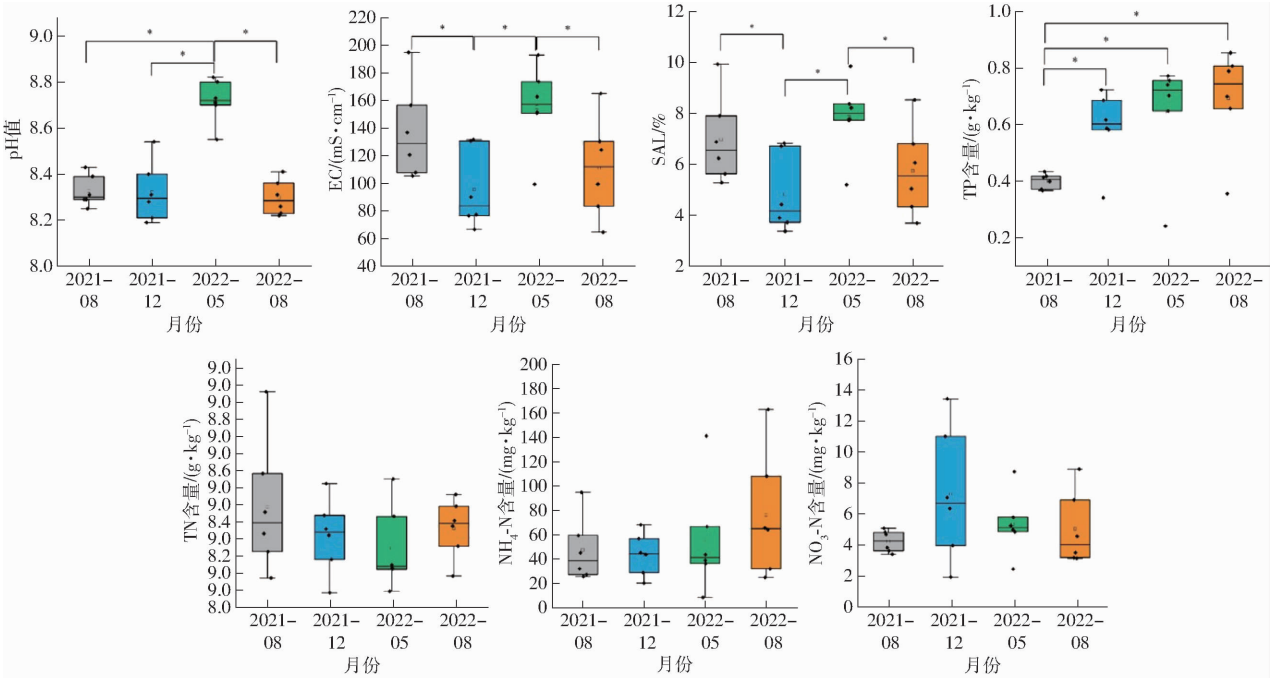

图 2　沉积物中 pH 值、EC、SAL 以及 TN、NH_4-N、NO_3-N、TP 含量不同月份的变化

Fig. 2　Changes in pH value, EC, SAL, and TN, NH_4-N, NO_3-N, TP content in sediments over different months

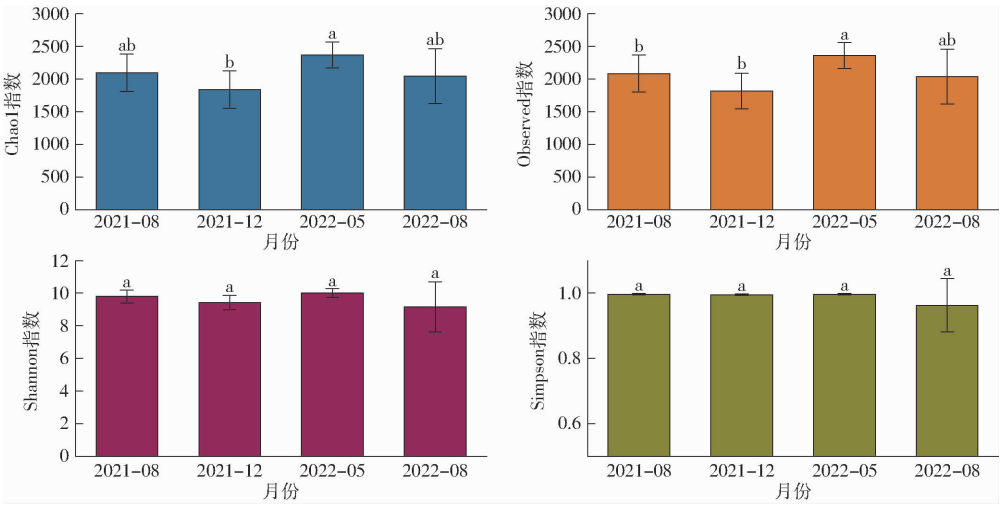

图 3　不同采样月份沉积物细菌群落 α 多样性指数

Fig. 3　Alpha diversity index of sediment bacterial communities in different sampling months

要与 NO_3-N、EC、SAL 和高程存在显著性关系，且都呈现正相关。其中 Chao1 指数和 Shannon 指数与 NO_3-N 含量和 EC 存在显著性关系；Observed 指数与 NO_3-N 含量、EC 和 SAL 存在显著性关系；而 Simpson 指数与 EC 和高程呈现显著性。同时 TN 和 NH_4-N 与 α 多样性指数均呈现负相关，而 NO_3-N、EC、SAL 和高程与 α 多样性指数均呈现正相关。

2.3　沉积物细菌群落结构组成及相关性分析

从门水平分析 4 次采样沉积物细菌相对丰度前十沉积物细菌群落特征（图 5a），结果表明相对丰度占比最大的菌门为变形菌门（Proteobacteria，31.5% ~ 42.5%），其次为脱硫杆菌门（Desulfobacterota，11.5% ~ 14.7%）和拟杆菌门（Bacteroidetes，8.4% ~ 11.7%），在相对丰度前十菌门中酸杆菌门（Acidobacteria，2.6% ~ 4.2%）标准差最小，表明其最稳定。4 次采样前十菌门的累积相对丰度分别为 85.4%、89.6%、83.8% 和 92.0%，呈现出不同的变化趋势。其中 2022 年 8 月累积相对丰度最大（92.0%）表明在这些样本中，前 10 个菌门占据了主导地位，可能意味着某些微生物群体的优势地位。而 2022 年 5 月最低（83.8%）则可能表示这些样本中的微生物群落更为多样化，前 10 个菌门的丰度相对分散。

为了进一步分析属水平细菌群落结构，对 4 次的细菌相对丰度前十菌属绘制柱状图（图 5b），结果表明：相对丰度前十菌属都存在显著差异；相对丰度超过 1% 的主要优势菌属分别为 *Thiobacillus*、

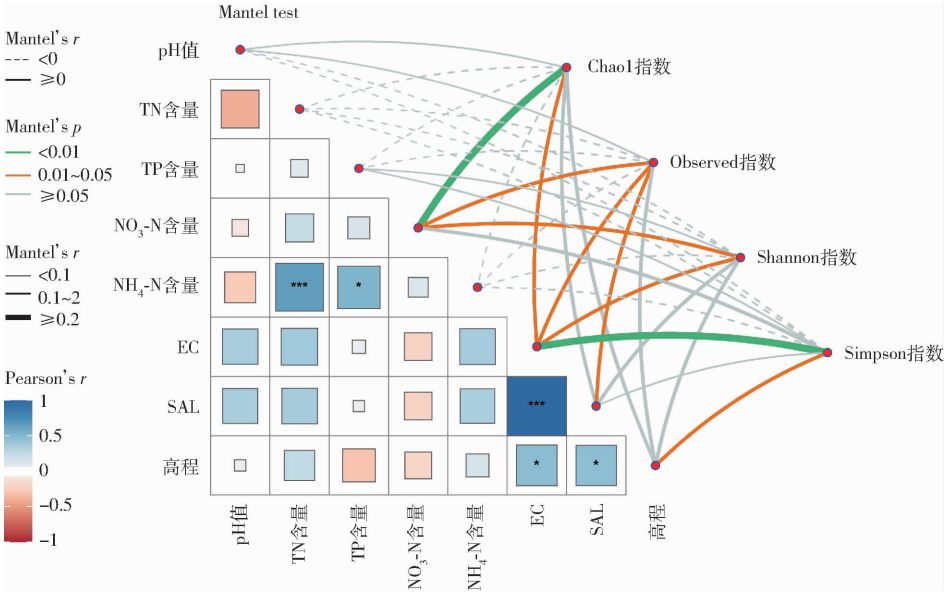

图 4 沉积物细菌群落 α 多样性指数与环境因子相关性

Fig. 4 Correlation between alpha diversity index of sediment bacterial community and environmental factors

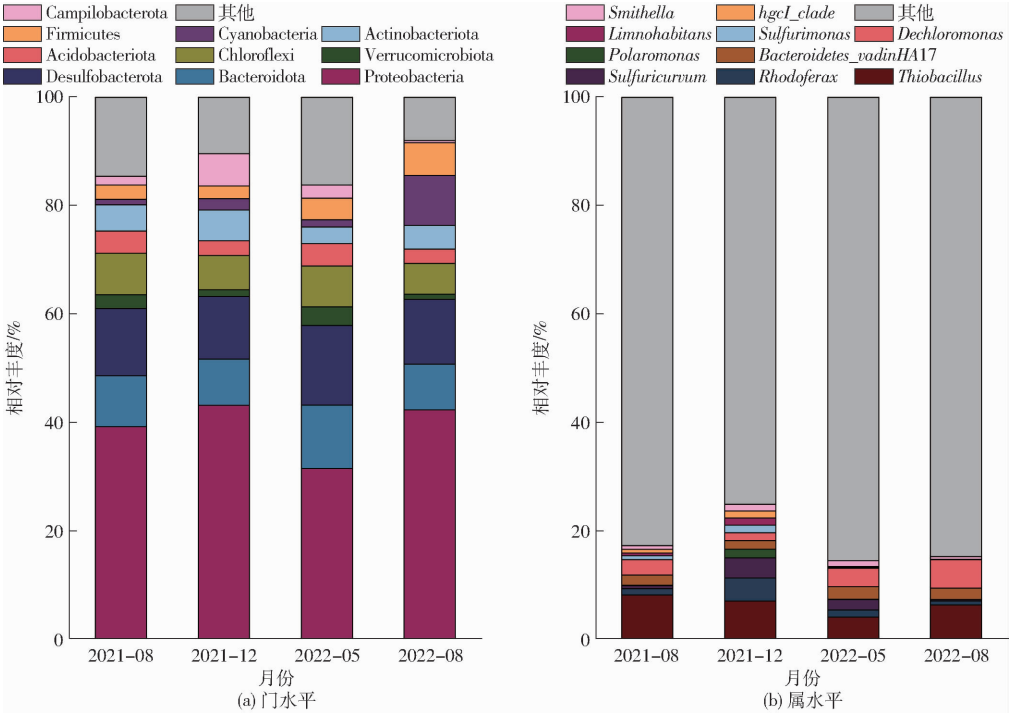

图 5 门水平、属水平沉积物细菌群落结构

Fig. 5 Horizontal phylum and horizontal sediment bacterial community structure

Rhodoferax、*Sulfuricurvum*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas* 菌属。其中 2021 年 8 月的优势菌属为 *Thiobacillus*、*Rhodoferax*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas*;2021 年 12 月前十菌属相对丰度均超过 1%;2022 年 5 月的优势菌属为 *Thiobacillus*,*Rhodoferax*、*Sulfuricurvum*、*Bacteroidetes_vadinHA*17、*Dechloromonas* 和 *Smithella* 菌属;2022 年 8 月的优势菌属为 *Thiobacillus*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas* 菌属。在 4 次采样中 *Thiobacillus*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas* 菌属相对丰度均超过 1%,且每次 *Thiobacillus* 菌属的相对丰度均最高。2021 年 12 月前十菌属分布差异最小,且前十菌属累积丰度从高到底依次为 2021 年 12 月(24.91%)、2021 年 8 月(17.28%)、2022 年 5 月(14.55%)、2022 年 8 月(15.32%)。

利用基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 方法评估二排不同月份沉积物细菌群落的相似性,结果见图 6。Stress 值小于 0.2 表明图形具有较好的表现效果;*R* 值大于 0 表示分组有效;*P* 值小于 0.05 则表明存在显著性差异;置信椭圆表示质心的 95% 置信

区间。根据图 6，Stress 值为 0.183，P = 0.001，R = 0.477，表明模型效果良好，且不同月份之间细菌的群落结构存在显著差异。

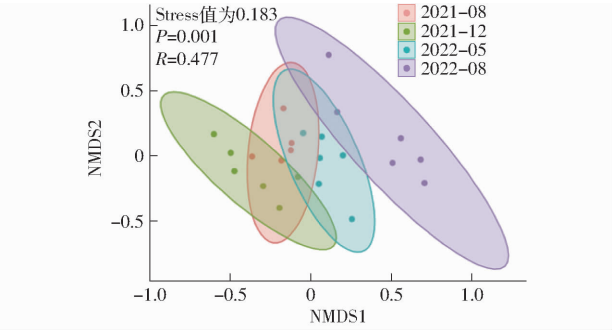

图 6　沉积物细菌群落结构在不同区域和不同月份的 NMDS 与 ANOSIM 分析

Fig. 6　NMDS and ANOSIM analysis of sediment bacterial community structure in different regions and months

对二排自 2021 年 8 月至 2022 年 8 月 4 次采样中沉积物细菌群进行 β 多样性分析（表 2，图 7）。结果表明 2021 年 8 月至 2022 年 8 月 4 次采样中沉积物细菌群总体 β 多样性指数为 0.358，物种替换占比 78.77%，物种丰富度差异占比 21.23%；其中在 2021 年 8 月物种替换占比 82.03%，物种丰富度差异占比 17.97%；2021 年 12 月物种替换占比 74.92%，物种丰富度差异占比 25.08%；2022 年 5 月物种替换占比 71.73%，物种丰富度差异占比 28.27%；2022 年 8 月物种替换占比 65.20%，物种丰富度差异占比 34.80%。自 2021 年至 2022 年 4 次采样结果表明，沉积物细菌总体的 β 多样性指数呈现上升趋势（0.295→0.360），同时物种丰富度差异占比也呈上升趋势（17.97%→34.80%）。

表 2　不同月份细菌群落 β 多样性指数与各组分占比

Tab. 2　β diversity index and proportion of each component in bacterial communities in different months

月份	总 β 多样性指数	替换	丰富度	替换占比/%	丰富度差异占比/%
2021－08	0.295	0.242	0.053	82.03	17.97
2021－12	0.315	0.236	0.079	74.92	25.08
2022－05	0.336	0.241	0.095	71.73	28.27
2022－08	0.360	0.235	0.125	65.20	34.80
2021—2022	0.358	0.278	0.080	77.66	22.34

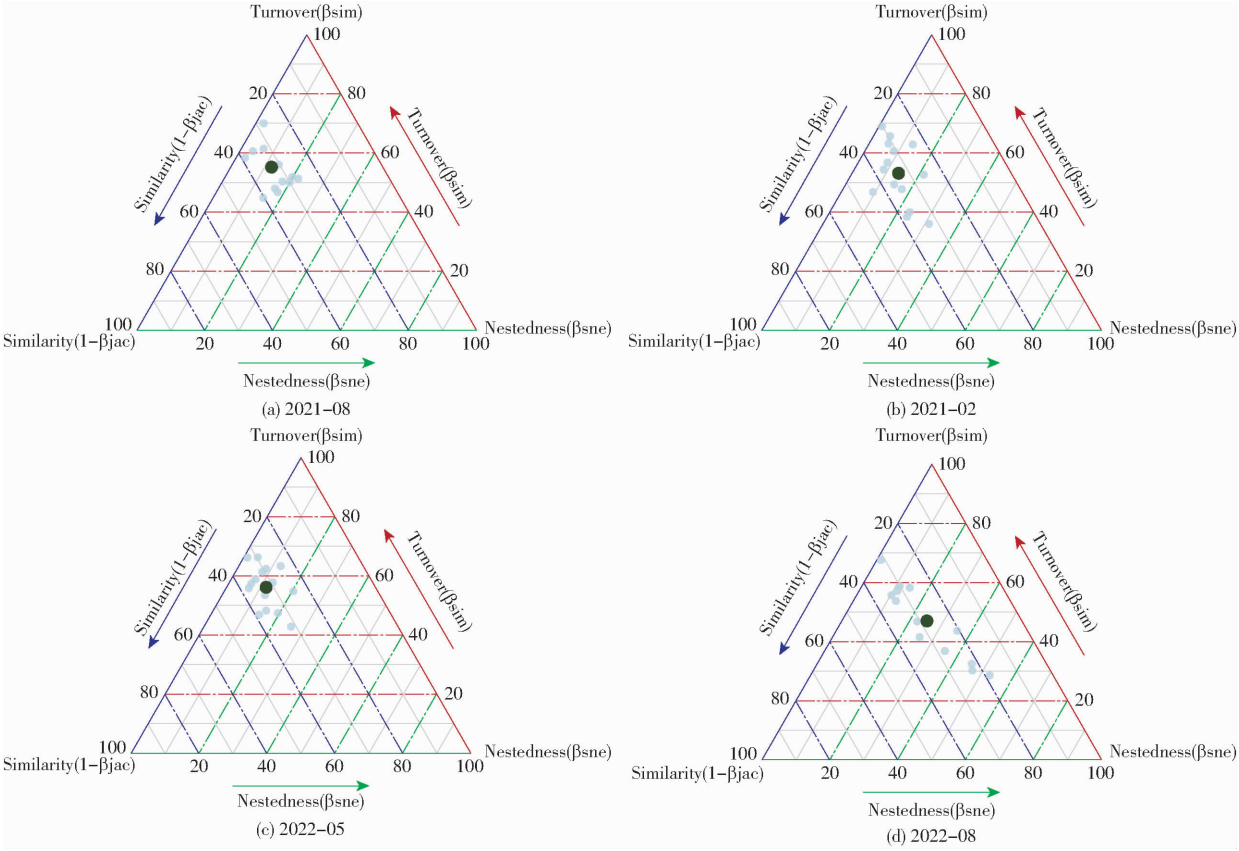

图 7　不同月份沉积物细菌群落 β 多样性

Fig. 7　β diversity of sediment bacterial communities in different months

2.4　二排沉积物细菌群落构建过程

中性群落模型的 R^2 表示模拟的拟合程度，值越高表示拟合程度越好，受随机性的影响越大。参数 N_m 表示每一代中从一个位置迁移到另一个位置的个体数量，N_m 值越高，迁移速率越大，更多的个体在不同的地点之间迁移，导致物种在这些地点之间的分布更加均匀。二排在 4 次采样的中性模型如图 8，其中 R^2 和 N_m 在 2021 年 8 月为 0.484 和 187，

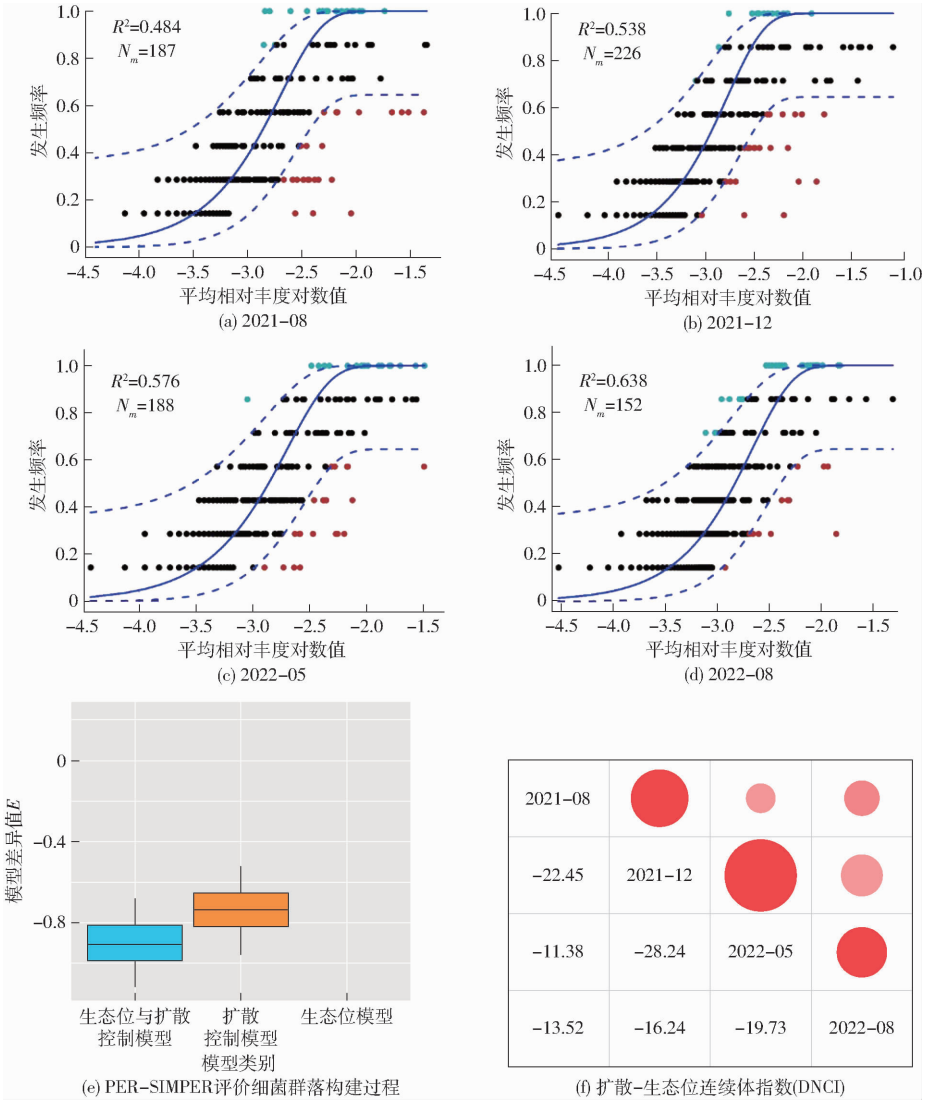

图 8 沉积物细菌群落的形成过程

Fig. 8 Formation process of sediment bacterial community

2021 年 12 月为 0.538 和 226,2022 年 5 月为 0.576 和 188,2022 年 8 月为 0.638 和 152。2021 年 8 月至 2022 年 8 月,R^2 逐步增大,表明细菌群落逐渐趋向随机性过程影响,而 N_m 从 2021 年 12 月的 226 到 2022 年 8 月的 152,呈现逐渐减小的趋势,表明迁移率在减小,且物种分布的均匀度也逐渐减小。在 2022 年 8 月 R^2 最大,N_m 值最小,表明群落中性模型能较好地拟合数据,解释了群落物种的分布和多样性;群落内部的变化可能主要由随机过程主导,尽管存在一定程度的迁移(N_m = 152),但迁移对群落结构的影响相对较小,群落之间可能较为独立或相对封闭。

PER - SIMPER 包含 3 个零模型;因此得到了 3 种不同的 E 值分布(图 8e、8f)。扩散控制模型和生态位与扩散控制模型的 E 值相对较低,说明扩散是驱动沉积物细菌群落构建的主要驱动力。DNCI 也得到了类似的结果(图 8f)。2021 年 8 月、2021 年 12 月、2022 年 5 月和 2022 年 8 月的 DNCI 值均为负值,表明沉积物细菌群落主要受到随机过程的影响。结合 NCM、PER - SIMPER 和 DNCI 的结果表明,二排沟沉积物细菌群落构建过程在很大程度上受随机过程的影响。

2.5 沉积物细菌群落共现网络

分别对 4 次采样沉积物细菌群落进行共现网络和拓扑结构特征分析(图 9 和表 3),根据共现网络拓扑指标的分析,从 2021 年 8 月到 2022 年 8 月,网络拓扑呈现出一定的演化趋势。2021 年 8 月,节点之间的距离适中,节点之间形成了较为集中的子群体,整体网络结构尚算紧凑,网络连接性较强,网络在这个阶段有一定的连通性。到 2021 年 12 月,最远节点之间的距离稍有增大,网络的扩展性略微降低,节点之间的连接更加紧密,网络逐渐扩展;模块化系数略微下降,节点之间的联系更加均匀、连接变得更加频繁,聚类系数轻微上升,局部结构的紧密度

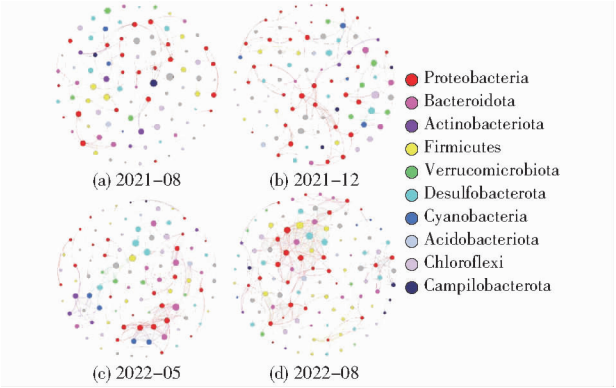

图 9　沉积物细菌群落共现网络

Fig. 9　Co-occurrence network of sediment bacterial communities

表 3　沉积物细菌群落共现网络的拓扑结构特征

Tab. 3　Topological characteristics of co-occurrence network of sediment bacterial communities

网络拓扑指标	2021－08	2021－12	2022－05	2022－08
网络直径	7	8	7	8
平均度	7.820	9.008	10.863	11.527
模块化系数	0.661	0.624	0.593	0.614
图密度	0.059	0.069	0.075	0.070
平均聚类系数	0.533	0.534	0.595	0.614
平均路径长度	3.211	3.251	3.065	3.213
链接部件数	7	4	7	6

有所增加；链接部件减少至 4，网络变得更加连通，孤立的子群体有所减少。到了 2022 年 5 月，最远节点之间的距离再次缩短，网络变得更加紧凑，网络的连通性进一步增强，节点之间的关系更加密切；聚类系数继续上升至 0.595，局部结构更加紧凑，节点间的邻居连接更为密切。节点之间的平均最短路径最短，网络的连通性最强。至 2022 年 8 月，最远节点之间的距离有所扩大，平均度继续上升至 11.527，节点之间的连接进一步增多，网络的复杂性进一步增强，局部群体的连接变得更加紧密，节点之间的联系更加稳定；网络的整体距离有所增加，但仍然保持较短的平均路径。同时网络中的孤立子群体数量有所减少，整体连通性进一步提高。

2.6　群落构建过程的结构方程模型

为了探究细化特性对沉积物细菌群落构建过程及共现网络稳定性[20]特征的影响，开展了结构方程模型（SEM）对数据进行筛选和拟合，最终筛选出 EC、NH_4-N 含量、TP 含量、NMDS、Shannon 指数、中性模型的 R^2 和共现网络稳定性指数构建结构方程模型（图 10），图中实线表示正相关、虚线表示负相关。结果显示模型参数表现良好（X^2 = 6.959，自由度为 10，P = 0.374，GFI 值为 0.968，CFI 值为 1.000，RMSEA 值小于 0.001，SRMR 值为 0.039）。

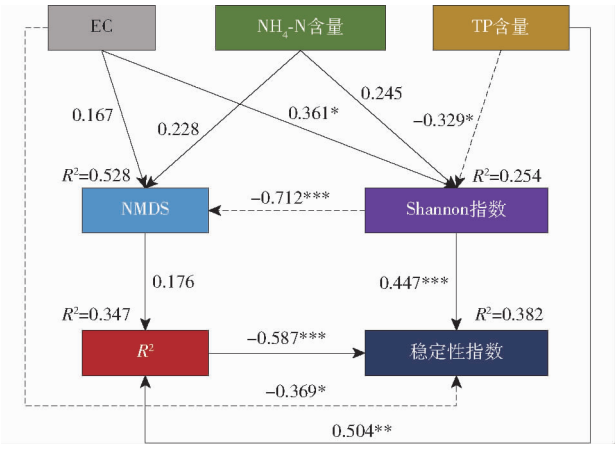

图 10　SEM 结构方程模型

Fig. 10　SEM structural equation model

结果表明，EC 和 NH_4-N 含量对细菌群落构建过程的 R^2 无直接影响，仅 TP 含量和 NMDS 直接影响 R^2，且 TP 含量与其呈现显著正相关（r = 0.504）；稳定性指数主要受 EC、Shannon 指数和 R^2 的直接影响，且都呈现显著性。其他因素对 R^2 和稳定性指数的变化主要为间接影响。同时表明 NMDS 主要受 EC、NH_4-N 含量和 Shannon 指数的直接影响，其中 Shannon 指数与其呈现极显著负相关。

3　讨论

3.1　沉积物细菌 α 多样性及环境因子分析

在本研究中，Chao1 指数和 Observed 指数主要反映了物种丰富度，结果显示这两项指标在不同月份存在显著性差异，其中 2022 年 5 月达到最高值，而 2021 年 12 月则最低，这可能与春季温暖、资源丰富等环境条件促进物种繁殖有关，而冬季低温等不利因素导致物种减少有关[21]。相较之下，Shannon 指数和 Simpson 指数既考虑物种丰富度又关注物种丰度均匀性，其 4 次测定均无显著性差异，这表明虽然物种数目在不同季节有所变化，但各物种之间的相对丰度分布较为稳定；尽管 2022 年 8 月这两个指数略低，可能与少数优势物种的增多使得群落均匀性下降有关，但总体变化不足以达到统计显著性[22]。

Mantel_test 分析表明 α 多样性指数与 NO_3-N 含量及 EC、SAL、高程均存在显著正相关，说明这些环境因子可能在该研究区域为微生物群落提供了有利的生长条件，促进了物种丰富和分布[23]。其中，Chao1 和 Shannon 指数与 NO_3-N 含量和 EC 存在显著性，可能是氮源和离子浓度变化对物种数目及其多样性具有较直接的影响。文献[24]表明土壤微生物物种数目增加的原因是化感物质的添加为土壤微生物提供了碳源和氮源，促进了微生物生长繁殖。

Observed 指数不仅与 NO_3-N 含量和 EC 相关,还受到 SAL 的影响,反映出盐度变化对部分群落物种出现的调控作用,文献[25]表明盐度能够影响氨氧化微生物的群落结构、丰度以及硝化速率;而 Simpson 指数与 EC 和高程的显著相关则可能揭示在电化学因素作用下,优势物种竞争的变化趋势。此外,TN 和 NH_4-N 含量与 α 多样性呈负相关,这表明在这些因子较高时,可能因营养失衡或局部富营养化效应而降低群落多样性[26]。整体而言,这些结果反映出环境化学因子对微生物群落结构的复杂调控作用,既有促进物种多样性的因素,也存在抑制多样性的风险。

3.2 沉积物细菌群落组成及结构特征

4 次采样中变形菌门占据了主导地位,丰度范围为 31.5% ~42.5%,其次是脱硫杆菌门(11.5% ~14.7%)和拟杆菌门(8.4% ~11.7%)。2022 年 8 月的累积丰度最高(92%),其原因主要是蓝菌门和厚壁菌门相对丰度显著提高。文献[27]研究表明厚壁菌门在 8 月的面源污染池塘中的相对丰度稍大,文献[28]表明夏秋季蓝菌门相对丰度较高。2022 年 5 月的累积丰度最低(83.8%),表明微生物群落的多样性较高,前 10 个菌门的丰度较为分散。4 次采样群落结构差异可能与采样时间以及环境因素等相关,文献[29]表明不同季节细菌群落结果存在显著差异。主要优势菌属为 *Thiobacillus*、*Rhodoferax*、*Sulfuricurvum*、*Bacteroidetes_vadinHA*17 和 *Dechloromonas* 菌属,其中每次 *Thiobacillus* 菌属的相对丰度均最高。*Thiobacillus* 菌属在许多环境中表现出相对丰度最高的现象[30],这主要归因于其独特的代谢优势和对极端环境的良好适应能力。*Thiobacillus* 拥有高效的硫氧化代谢途径,能够利用环境中的硫化氢、硫化物等硫化合物作为能量来源,使其在富含这些化合物的环境中迅速繁殖,形成群落优势[31]。

NMDS 分析结果显示,不同月份的群落组成存在显著差异,自 2021 年至 2022 年的 4 次采样数据显示,沉积物细菌总体 β 多样性指数从 0.295 上升到 0.360,同时物种丰富度差异占比从 17.97% 增加到 34.80%。这种变化可能是温度、营养盐、盐度等环境因子的时空波动导致各采样点生态位差异加大[32];同时,生态系统动态演替过程中,群落结构可能经历优势物种的替换,新物种逐步进入,从而增加了物种丰富度差异[33]。

3.3 沉积物细菌群落构建机制及共现网络分析

NCM 分析显示:自 2021 年 8 月到 2022 年 8 月,R^2 从 0.484 增大到 0.638,细菌群落逐渐受到随机性过程的影响。受随机性过程影响,群落结构变得更加随机,群落的多样性和物种分布在逐渐趋向无序,生态过程的影响逐步减弱[34]。同时,N_m 从 2021 年 12 月的 226 下降到 2022 年 8 月的 152,出迁移率的减少,群落间的物种迁移变得较少,物种的分布趋向封闭[35]。在 2022 年 8 月,R^2 达到了最大值,而 N_m 最小,表明群落中性模型能够较好地拟合数据,解释了物种的分布和多样性[23]。尽管此时还存在一定程度的物种迁移,但迁移对群落结构的影响相对较小,群落之间可能较为独立,内部的变化主要由随机过程主导,群落物种分布的均匀度逐渐减小。

PER - SIMPER 分析显示扩散控制模型和生态位与扩散控制模型的 E 值较低,表明扩散在群落构建中的作用较为突出。扩散过程可能通过水流和沉积物运动使得群落中的细菌物种在空间上发生扩散,从而导致群落在空间分布上的相似性和环境因素的相对弱化。此外,DNCI 值为负值,进一步证实了群落构建的主要驱动力为随机过程,群落的演替和物种组成并未表现出明显的环境驱动,更多地受到遗传漂变和随机迁移的影响[36]。NCM、PER - SIMPER 和 DNCI 的分析结果相互印证,表明沉积物细菌群落的形成过程更多依赖于随机过程,群落结构较为无序,易受外部随机事件或生态波动的影响。

共现网络分析显示:从 2021 年 8 月到 2022 年 8 月,网络拓扑呈现出一定的演化规律,节点之间的连接性逐渐增强。网络直径较小,连接较强,随后逐渐增大,平均度上升,节点联系更紧密,整体连通性增强。模块化系数变化显示网络社区结构动态调整,局部群体更加明显。图密度和聚类系数增加,局部结构更紧密,联系更稳定。细菌共现网络的拓扑结构受多种生态和环境因素的影响[37]。细菌群落在演化过程中经历了从核心紧密联系到整体扩展再到局部稳固化的过程,可能受到物种互作、SAL 和 EC 等环境因子以及微生物适应策略的共同驱动[38]。

3.4 沉积物细菌群落构建过程及共现网络稳定性影响机制

结构方程模型显示,沉积物中 pH 值、SAL、EC、TN 含量、NO_3-N 含量、NH_4-N 含量、高程和 TP 含量这 8 个指标中主要影响细菌群落构建过程及共现网络稳定的因子为 EC 以及 NH_4-N 和 TP 含量。沉积物中的 EC 和 NH_4-N 含量通过影响微生物群落的结构,进而通过 NMDS 和 Shannon 指数等生态指标,最终间接影响 R^2。EC 作为沉积物中溶解离子的浓度指标,影响着水体和沉积物的化学环境,改变了微生物的生长条件和群落结构[39];文献[40]表明 NH_4-N 含量作为重要的氮源,直接参与沉积物中的氮循环

过程，是三峡库区香溪河微生物群落的种类和丰度的主要因素。随着 EC 和 NH_4-N 含量的变化，沉积物中的微生物群落组成发生变化，这种变化通过 NMDS 反映为样本之间的相似性改变，并通过 Shannon 指数影响群落多样性，最终导致中性模型的 R^2 大小发生改变（群落随机性过程占比改变）。共现网络稳定性指数主要受到 EC、Shannon 指数和 R^2 的直接影响，这些因素对网络的稳定性具有显著性作用。EC 直接影响微生物群落的化学环境，从而改变物种间的相互作用模式，进而影响共现网络的稳定性[41]。Shannon 指数反映了群落的多样性，物种多样性越高，生态系统的抗干扰能力越强，网络的稳定性也越高[42]。而 R^2 代表了生态模型的拟合优度，较高的拟合度意味着物种间的相互作用模式较为稳定，从而提高了共现网络的稳定性[43]。其他因素对共现网络稳定性指数和 R^2 的影响主要是间接的，这些因素通过改变 NMDS、Shannon 指数或其他中介变量，最终间接影响网络稳定性。这些间接效应展示了生态系统中因素相互作用和反馈的复杂性，表明环境变化不仅能直接影响生态稳定性，也能通过多重路径间接影响共现网络的稳定性。

4　结论

（1）Chao1 指数和 Shannon 指数与 NO_3-N 含量和 EC 存在显著性；Observed 指数与 NO_3-N 含量、EC 和 SAL 存在显著性；TN 和 NH_4-N 含量与 α 多样性指数均呈现负相关，而 NO_3-N 含量、EC、SAL 和高程与 α 多样性指数均呈现正相关。

（2）细菌群落主要以变形菌门、脱硫杆菌门为主，其中 2022 年 8 月份丰度前十菌门累积相对丰度最大（92%），而 2022 年 5 月最低（83.8%）。主要优势菌属分别为 *Thiobacillus*、*Bacteroidetes* _ *vadinHA*17 和 *Dechloromonas*，其中 *Thiobacillus* 菌属的相对丰度均最高；4 次采样，细菌群落结构存在显著性差异，细菌总体的 β 多样性呈现上升趋势（0.295→0.360），同时物种丰富度差异占比也呈现上升趋势（17.97%→34.80%）。

（3）从 2021 年 8 月到 2022 年 8 月，NCM、PER－SIMPER 和 DNCI 的结果表明，二排细菌群落构建过程受随机过程的影响逐渐增大；共现网络结构特征表明网络密度和节点连接性逐渐增强，局部结构紧密度上升，聚类系数明显提高，连通性保持强，孤立子群体逐渐减少。

（4）结构方程模型分析表明，所选 pH 值、SAL、EC、高程以及 TN、NO_3-N、NH_4-N 和 TP 含量这 8 个指标中，EC、NH_4-N 含量和 TP 含量是影响沉积物细菌群落构建过程及共现网络稳定性的主要指标。

参　考　文　献

[1] 游进军，贾玲，王彦兵，等. 协调公平与效率的“四水四定”研究Ⅱ：应用[J]. 水利学报，2024，55(3)：266－277，287.
YOU Jinjun，JIA Ling，WANG Yanbing，et al. Study on “water dominates development” based on equity and efficiency Ⅱ：application[J]. Journal of Hydraulic Engineering，2024，55(3)：266－277，287.（in Chinese）

[2] SCHIMEL J P，GULLEDGE J A Y. Microbial community structure and global trace gases[J]. Global Change Biology，1998，4(7)：745－758.

[3] 王静，程昱润，肖国举，等. 宁夏银北不同草田轮作模式对细菌群落组成特征的影响[J]. 农业机械学报，2021，52(7)：283－292.
WANG Jing，CHENG Yurun，XIAO Guoju，et al. Effect of grass-crop rotation patterns on soil bacterial community composition in Northern Ningxia[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery，2021，52(7)：283－292.（in Chinese）

[4] ZHOU J，NING D. Stochastic community assembly：does it matter in microbial ecology？[J/OL]. Microbiology and Molecular Biology Reviews，2017，81(4). https：//doi. org/10. 1128/mmbr. 00002－17.

[5] 胡佳欣，陈瑜，袁伟皓. 太湖入湖河口表层沉积物细菌群落结构和功能演变规律研究[J]. 环境科学学报，2023，43(10)：371－381.
HU Jiaxin，CHEN Yu，YUAN Weihao. Research on the variation of bacterial community structure and function in the estuarine surface sediment of Taihu Lake[J]. Acta Scientiae Circumstantiae，2023，43(10)：371－381.（in Chinese）

[6] 王丹丹，黄跃飞，杨海娇. 青藏高原湖泊沉积物与水体细菌群落共发生网络和群落构建过程差异解析[J]. 湖泊科学，2023，35(3)：959－979.
WANG Dandan，HUANG Yuefei，YANG Haijiao. Differences of bacterial community co-occurrence network and assembly processes between sediment and water in lakes on the Qinghai－Tibet Plateau[J]. Journal of Lake Sciences，2023，35(3)：959－979.（in Chinese）

[7] 朱庆威，潘保柱，孙贺，等. 汉江上游干支流沉积物细菌群落多样性和影响因素[J]. 水资源保护，2022，38(6)：202－210.
ZHU Qingwei，PAN Baozhu，SUN He，et al. Diversity and influencing factors of bacterial community in sediments of upper reaches of the Hanjiang River and its tributaries[J]. Water Resources Protection，2022，38(6)：202－210.（in Chinese）

[8] 马朋辉，宋常吉，宋静茹，等. 有机无机肥配施对冬小麦农田温室气体排放与氮肥利用效率的影响[J]. 农业机械学

报, 2025, 56(2): 474 – 484.
MA Penghui, SONG Changji, SONG Jingru, et al. Effects of combined application of organic and inorganic fertilizer on greenhouse gas emission and nitrogen use efficiency of winter wheat farmland[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(2): 474 – 484. (in Chinese)
[9] CHENG J, ZHAO M, CONG J, et al. Soil pH exerts stronger impacts than vegetation type and plant diversity on soil bacterial community composition in subtropical broad-leaved forests[J]. Plant and Soil, 2020, 450: 273 – 286.
[10] 刘双羽, 蒙俊杰, 邱小琮, 等. 典农河沉积物细菌群落结构特征及其与重金属的关系[J]. 环境科学, 2024, 45(4): 2233 – 2245.
LIU Shuangyu, MENG Junjie, QIU Xiaocong, et al. Bacterial community structure and its relationship with heavy metals in sediments of Diannong River[J]. Environmental Science, 2024, 45(4): 2233 – 2245. (in Chinese)
[11] ZHAO Q, GUO W, LUO H, et al. Deciphering the transfers of antibiotic resistance genes under antibiotic exposure conditions: driven by functional modules and bacterial community[J]. Water Research, 2021, 205: 117672.
[12] TRIPATHI B M, STEGEN J C, KIM M, et al. Soil pH mediates the balance between stochastic and deterministic assembly of bacteria[J]. The ISME Journal, 2018, 12(4): 1072 – 1083.
[13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京:中国农业出版社,2010.
[14] 金院, 汪勇, 胡洁, 等. 升金湖重金属污染历史、来源解析及其生态风险评价[J]. 长江流域资源与环境, 2023, 32(5): 1005 – 1017.
JIN Yuan, WANG Yong, HU Jie, et al. Pollution history of the heavy metal, source analysis and its ecological risk recorded in Shengjin Lake[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2023, 32(5): 1005 – 1017. (in Chinese)
[15] WANG Y, CUI J, LI S, et al. Review on the assessment methods of heavy metal pollution in offshore sediments and suspended matter[J]. Journal of Guangdong University of Petrochemical Technology, 2020, 30(6): 87 – 92.
[16] NIU Y, YUAN R. Effects of water diversion and seasonal change on archaea community in river sediments[J]. China Environmental Science, 2020, 40(3): 1294 – 1304.
[17] BASELGE A. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity[J]. Global Ecology and Biogeography, 2010, 19(1): 134 – 143.
[18] SLOAN W T, LUN M, WOODCOCK S, et al. Quantifying the roles of immigration and chance in shaping prokaryote community structure[J]. Environmental Microbiology, 2006, 8: 732 – 740.
[19] VILMI A, GIBERT C, ESCARGUEL G, et al. Dispersal-niche continuum index: a new quantitative metric for assessing the relative importance of dispersal versus niche processes in community assembly[J]. Ecography,2021, 44: 370 – 379.
[20] ZHANG C, LEI S, WU H, et al. Simplified microbial network reduced microbial structure stability and soil functionality in alpine grassland along a natural aridity gradient[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 191: 109366.
[21] 刘晨宇, 祝亚楠, 王继华, 等. 不同季节尾水排放对河道细菌群落结构的影响[J]. 环境科学研究, 2018, 31(5): 893 – 900.
LIU Chenyu, ZHU Ya'nan, WANG Jihua, et al. Impact of tail water discharged on bacterial community structure in river in different seasons[J]. Research of Environmental Sciences, 2018, 31(5): 893 – 900. (in Chinese)
[22] 燕树杰, 裴鹏刚, 铁军. 漳泽湖国家城市湿地公园优势种植物根际土壤细菌群落特征[J]. 生态学杂志, 2025, 44(3):875 – 883.
YAN Shujie, PEI Penggang, TIE Jun. Characteristics of soil bacterial community in rhizosphere of dominant plant species in Zhangze Lake National Urban Wetland Park[J]. Chinese Journal of Ecology, 2025, 44(3):875 – 883. (in Chinese)
[23] 常博然, 陈茹岚, 蓝天, 等. 西藏折拉山森林不同土层土壤细菌群落的海拔分布格局及驱动因子[J]. 环境科学, 2025,46(10):6663 – 6674.
CHANG Boran, CHEN Rulan, LAN Tian, et al. Altitudinal distribution pattern of soil bacterial communities in different soil layers and driving factors in the forests of Mountain Zhela, Xizang[J]. Environmental Science, 2025,46(10):6663 – 6674. (in Chinese)
[24] 段蕊, 罗钦, 肖雪, 等. 大狼毒主要化感物质对山地草甸土壤微生物物种多样性的影响[J]. 草地学报, 2025, 33(1): 10 – 20.
DUAN Rui, LUO Qin, XIAO Xue, et al. Effects of main allelopathic substances of *Euphorbia jolkinii* on species diversity of soil microorganisms in montane meadow[J]. Acta Agrestia Sinica, 2025, 33(1): 10 – 20. (in Chinese)
[25] ZHAO M, TANG X, SUN D, et al. Salinity gradients shape the nitrifier community composition in Nanliu River estuary sediments and the ecophysiology of commonx nitrospira inopinata[J]. Science of the Total Environment, 2021, 795: 148768.
[26] 马录花, 孟宪超, 王贵强, 等. 藓类结皮接种对三江源高寒草甸土壤性状和微生物的影响[J]. 植物生态学报, 2025, 49(1): 173 – 188.
MA Luhua, MENG Xianchao, WANG Guiqiang, et al. Effects of moss crust inoculation on soil properties and microbial communities in alpine meadow in Sanjiangyuan, China[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2025, 49(1): 173 – 188. (in Chinese)
[27] 邵志平, 赖姜伶, 苑宏英, 等. 不同类型富营养化微型水体藻华暴发期微生物群落结构变化分析[J]. 环境科学学报, 2023, 43(3): 490 – 502.
SHAO Zhiping, LAI Jiangling, YUAN Hongying, et al. Analysis on the microbial community structure during the outbreak of algal bloom in different kinds of eutrophic micro water bodies[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2023, 43(3): 490 – 502. (in Chinese)
[28] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. 环境科学, 2018, 39(8): 3660 –

3669.
WANG Huan, ZHAO Wen, XIE Zaigang, et al. Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe reservoir and its key driving factors[J]. Environmental Science, 2018, 39(8): 3660 – 3669. (in Chinese)
[29] 蒙俊杰, 刘双羽, 邱小琮, 等. 银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系[J]. 环境科学, 2024, 45(5): 2727 – 2740.
MENG Junjie, LIU Shuangyu, QIU Xiaocong, et al. Bacterial community structure of typical lake sediments in Yinchuan City and its response to heavy metals[J]. Environmental Science, 2024, 45(5): 2727 – 2740. (in Chinese)
[30] GAN C, CUI S, WU Z, et al. Multiple heavy metal distribution and microbial community characteristics of vanadium-titanium magnetite tailing profiles under different management modes[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 429: 128032.
[31] 薛璐, 向冬芳, 鲜博, 等. 保安湖水体细菌群落结构时空变化特征及驱动因子[J]. 水生生物学报, 2023, 47(3): 450 – 461.
XUE Lu, XIANG Dongfang, XIAN Bo, et al. Temporal and spatial variation characteristics and driving factors of bacterial community structure in Bao'an Lake[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2023, 47(3): 450 – 461. (in Chinese)
[32] 郝建华, 张秀娟, 李君剑. 不同灌丛根际土壤和根内生细菌的群落结构特征[J]. 环境科学, 2024, 45(11): 6756 – 6765.
HAO Jianhua, ZHANG Xiujuan, LI Junjian. Characterization of the community structure of rhizosphere soil and root-endophytic bacteria in different shrubs[J]. Environmental Science, 2024, 45(11): 6756 – 6765. (in Chinese)
[33] 宋江琴, 尹亚丽, 赵文, 等. 青海高原黑土滩退化草地土壤微生物群落空间分异特征[J]. 生态环境学报, 2024, 33(11): 1696 – 1707.
SONG Jiangqin, YIN Yali, ZHAO Wen, et al. Characteristics of spatial differentiation of soil microbial communities in degraded grassland on the "black soil beaches" of Qinghai Plateau[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2024, 33(11): 1696 – 1707. (in Chinese)
[34] 郭馨, 林晓晴, 郑欣怡, 等. 中国亚热带–热带 3 个海区微型鞭毛虫群落优势种和稀有种的分布特征和建群机制[J]. 应用海洋学学报, 2022, 41(3): 356 – 374.
GUO Xin, LIN Xiaoqing, ZHENG Xinyi, et al. Distribution patterns and assembly mechanisms of dominant and rare species of microbial flagellate communities in the subtropic-tropic marine areas in China[J]. Journal of Applied Oceanography, 2022, 41(3): 356 – 374. (in Chinese)
[35] 陈屹洋, 张秀梅, 胡成业, 等. 嵊泗枸杞岛贻贝养殖区大型底栖动物优势类群群落构建机制[J]. 生态学报, 2025, 45(7): 3507 – 3519.
CHEN Yiyang, ZHANG Xiumei, HU Chengye, et al. Community assembly mechanism of dominant macrobenthos species in mussel culture area of Gouqi Island, Shengsi[J]. Chinese Journal of Ecology, 2025,45(7): 3507 – 3519. (in Chinese)
[36] 李怡, 张含笑, 张靖天, 等. 湖泊微生物群落构建机制及研究展望[J]. 中国环境监测, 2023, 39(6): 1 – 11.
LI Yi, ZHANG Hanxiao, ZHANG Jingtian, et al. Advances in assembly mechanisms of microbial community in lakes[J]. Environmental Monitoring in China, 2023, 39(6): 1 – 11. (in Chinese)
[37] 万凌琳, 陈芷凡, 郭佳, 等. 生物共现网络原理及其在淡水生态系统评估中的应用[J]. 湖泊科学, 2022, 34(6): 1765 – 1789.
WAN Linglin, CHEN Zhifan, GUO Jia, et al. Principle and application of co-occurrence networks for fresh water ecosystem assessment[J]. Journal of Lake Sciences, 2022, 34(6): 1765 – 1789. (in Chinese)
[38] 陈幸婷, 杜晨亮, 王建军, 等. 青藏高原湖泊沉积物细菌群落的盐度梯度分布格局及驱动因素[J]. 湖泊科学, 2025, 37(1): 238 – 254.
CHEN Xingting, DU Chenliang, WANG Jianjun, et al. Salinity gradient distribution pattern and driving factors of bacterial communities in sediment of lakes on the Qinghai – Tibet Plateau[J]. Journal of Lake Sciences, 2025, 37(1): 238 – 254. (in Chinese)
[39] 段曼莉, 徐洪波, 覃振伦, 等. 磁化水复合保氮剂对堆肥过程中氮素损失和微生物群落的影响[J]. 农业工程学报, 2024, 40(12): 202 – 212.
DUAN Manli, XU Hongbo, QIN Zhenlun, et al. Effects of magnetized water combined with nitrogen-preserving agents on nitrogen loss and microbial communities during composting[J]. Transactions of the CSAE, 2024, 40(12): 202 – 212. (in Chinese)
[40] 朱智杰, 陈默, 薛思敏, 等. 氮和磷是影响三峡库区香溪河表层沉积物中微生物群落结构的主要因素[J]. 湖泊科学, 2023, 35(2): 473 – 486.
ZHU Zhijie, CHEN Mo, XUE Simin, et al. Nitrogen and phosphorusas major factors shaping microbial community structures in surface sediments in Xiangxi River, Three Gorges Reservoir[J]. Journal of Lake Sciences, 2023, 35(2): 473 – 486. (in Chinese)
[41] ISHIMOTO C K, AONO A H, NAGAI J S, et al. Microbial co-occurrence network and key microorganisms in soil with permanent application of composted tannery sludge[J]. Science of the Total Environment, 2021, 789: 147945.
[42] WU X, YANG J, RUAN H, et al. The diversity and co-occurrence network of soil bacterial and fungal communities and their implications for a new indicator of grassland degradation[J]. Ecological Indicators, 2021, 129: 107989.
[43] XIAO Q, WANG B, LI Z, et al. The assembly process and co-occurrence network of soil microbial community driven by cadmium in the volcanic ecosystem[J]. Resources, Environment and Sustainability, 2024, 17: 100164.