

# 艾比湖微生物多样性及其功能分析\*

地丽胡玛·阿吉, 常娜娜, 杜菲, 马正海<sup>†</sup>

(新疆大学 生命科学与技术学院 新疆生物资源基因工程重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830017)

**摘要:** 艾比湖(Ebinur Lake)是中国新疆最大的咸水湖,近年来受气候变化和人类活动的影响,湖面急剧萎缩,水体污染愈发严重,湖水中的微生物资源亟待研究和保护.通过多点采集艾比湖水样,提取总DNA,用细菌16S rRNA和真菌18S rRNA通用引物进行扩增,扩增产物经Illumina HiSeq平台进行高通量测序,使用BLAST、USEARCH、QIIME等软件和在线工具分析艾比湖微生物的多样性并预测微生物的功能基因组成.结果显示:从艾比湖水体样品中获得细菌和真菌的有效读序分别为80 290条和80 117条,聚类为486个细菌OTUs和391个真菌OTUs.细菌分属25个门158个属,其中:优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和放线菌门;优势菌属为玫瑰变色菌属、盐单胞菌属和嗜冷弯菌属.真菌分属6个门94个属,其中:优势菌门为担子菌门和子囊菌门;优势菌属为芽枝孢属、散尾鬼笔属和隐球菌属.另外,艾比湖含有多种特有的嗜盐或耐盐的细菌和真菌.功能基因预测分析表明:艾比湖菌群多种代谢功能相关基因的丰度较高,并含有多种异源生物降解相关基因.艾比湖丰富多样的微生物资源,富含的嗜盐和耐盐微生物,其菌群含有的芳香族和有机氯等化合物降解相关基因,在湖泊污染物的降解和生物修复中可能发挥重要作用.

**关键词:** 艾比湖;高通量测序;微生物多样性

**DOI:** 10.13568/j.cnki.651094.651316.2021.10.26.0004

**中图分类号:** Q933 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-7675(2022)06-0720-07

**引文格式:** 地丽胡玛·阿吉,常娜娜,杜菲,马正海.艾比湖微生物多样性及其功能分析[J].新疆大学学报(自然科学版)(中英文),2022,39(6):720-726.

**英文引文格式:** Dilihuma Aji, CHANG Nana, DU Fei, MA Zhenghai. Microbial diversity and function analysis in Ebinur Lake[J]. Journal of Xinjiang University(Natural Science Edition in Chinese and English), 2022, 39(6): 720-726.

## Microbial Diversity and Function Analysis in Ebinur Lake

Dilihuma Aji, CHANG Nana, DU Fei, MA Zhenghai

(Xinjiang Key Laboratory of Biological Resources and Genetic Engineering, School of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi Xinjiang 830017, China)

**Abstract:** Ebinur Lake is the largest saltwater lake in Xinjiang. In recent years, the climate change and human activities have caused the lake area to shrink rapidly and water pollution to become more serious. The microbial resources in the lake urgently need to be studied and protected. The surface water samples were collected at multiple points in Ebinur Lake, then the total DNAs of the microorganisms in the water were extracted. The 16S rRNA universal primer of bacteria and 18S rRNA universal primer of fungi were used for amplification. The above amplification products were sequenced by Illumina HiSeq high-throughput sequencing platform. The microbial diversity and functional gene composition of Ebinur Lake were analyzed by the software and online tools including BLAST, USEARCH, QIIME and so on. The results show that effective sequences of 16S rRNA and 18S rRNA obtained from the water samples of Ebinur Lake were 80 290 and 80 117, respectively, which clustered into 486 bacterial OTUs and 391 fungal OTUs. The bacteria belongs to 25 phyla, 158 genera. Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes and Actinobacteria were main phyla and *Roseovarius*, *Halomonas*, *Psychroflexus* were main genera. The fungi belongs to 6 phyla, 94 genera. Basidiomycota and Ascomycota were main phyla and *Cladosporium*, *Lysurus*, *Cryptococcus* were main genera. In addition, Ebinur Lake contains a variety of halophilic salt-tolerant bacteria

\* 收稿日期: 2021-10-26

基金项目: 国家自然科学基金(41761096).

作者简介: 地丽胡玛·阿吉(1996-),女,硕士生,从事微生物的研究, E-mail: 805713218@qq.com.

<sup>†</sup> 通讯作者: 马正海(1971-),男,博士,教授,主要从事病原微生物的研究, E-mail: mzhxju@126.com.

and fungi. Analysis of functional genes showed that there were abundant functional genes related to numerous metabolic processes, and some genes related to biodegradation of xenobiotic compounds. Ebinur Lake contains rich and diverse microbial resource, and which rich in halophilic salt-tolerant microorganisms, meanwhile, Ebinur Lake pollution is often accompanied by changes in microbial ecology, which may become a breakthrough point in lake management. The bacteria community in the lake contained genes related to the degradation of aromatic compounds and organochlorine compounds, which could play an important role in lake pollutant degradation and bioremediation.

**Key words:** Ebinur Lake; metagenomics; microbial diversity

## 0 引言

艾比湖位于中国新疆博尔塔拉蒙古自治州, 是新疆最大的咸水湖, 也是准噶尔盆地西部最低汇水中心, 山地降水和高山融雪是其主要水源<sup>[1]</sup>. 湖泊微生物是其水生生态系统的重要组成部分, 是了解并有效解决艾比湖生态问题的重要参与者. 受地理条件、气候因素和人类活动等因素影响, 艾比湖湖区面积正逐步缩小, 形成极端干盐湖. 艾比湖独特的生态和理化特性使得其湖水中蕴藏着极为丰富的微生物资源, 邵冠军<sup>[2]</sup>从艾比湖湖底沉积物中获得了多种新的放线菌和古菌, 韩晶等<sup>[3]</sup>报道了艾比湖湖区土壤微生物的多样性. 同时, 艾比湖湖面动态性变化引发的生态系统演替也将导致艾比湖微生物群落的变化以及部分珍稀微生物种类的消失. 湖泊生物多样性虽然受到越来越多的关注, 但是目前大多数研究主要集中在土壤和沉积物, 而针对艾比湖水体微生物宏基因的研究十分有限. 本文通过宏基因组学技术对艾比湖水体微生物种类、丰度及其功能进行分析, 以期探明和挖掘艾比湖微生物资源提供基础数据和参考依据.

## 1 材料与方法

### 1.1 采样方法

于2017年10月采集艾比湖表层水样, 根据水域结构选取6个采样点(图1), 每个样点于1~2 m深度采集500 mL水样, 之后混合为3 L. 样品置于-20 °C便携式冰箱保存, 当天运回, 三层灭菌纱布过滤除去颗粒杂质, 300 r/min离心10 min以除去细小颗粒杂质, 10 000 g离心30 min收集微生物, 于-80 °C保存备用.

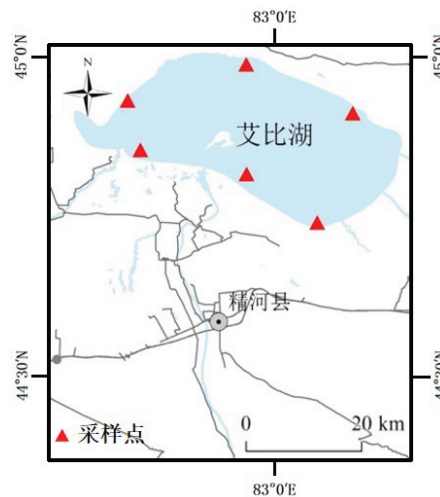


图1 艾比湖水样采集点

### 1.2 DNA提取及PCR扩增

微生物沉淀经CTAB法提取总DNA, 琼脂糖凝胶电泳和Qubit 2.0荧光定量仪检测DNA的纯度和浓度, DNA稀释至1 ng/μL. 此DNA为模板, 以细菌16S rRNA基因V3~V4区通用引物341F (5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3')和806R (5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3')<sup>[4]</sup>以及真菌18S rRNA ITS1通用引物ITS5-1737F (5'-GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG-3')和ITS2-2043R (5'-GCTGCGTTCCTTCATCGATGC-3')<sup>[5]</sup>分别进行扩增, 琼脂糖凝胶电泳后切胶回收PCR产物.

### 1.3 文库构建和上机测序

使用Thermo fisher的Ion Plus Fragment Library Kit 48 rxns建库试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经

过Qubit 2.0荧光定量仪定量和文库检测合格后,用Illumina HiSeq测序平台测序.文库构建和测序由北京诺禾致源科技股份有限公司完成.

#### 1.4 测序数据处理及分析

测序后的数据进行统计优化和样品复杂度分析,对操作分类单元(Operational Taxonomic Unit, OTU)代表序列在不同分类水平上进行物种注释.根据注释结果,在门、属分类水平对微生物种类及相对丰度进行分析.为探究艾比湖微生物的代谢功能,利用PICRUSt软件和KEGG数据库预测宏基因组测序数据的功能基因组成.

## 2 结果与分析

### 2.1 宏基因组测序结果

共获得细菌16S rRNA序列84 431条,质控后有效序列80 290条,97%的序列一致性可聚类为486个OTUs;获得真菌ITS序列81 111条,质控后有效序列80 117条,可聚类为391个OTUs(见表1).

表 1 艾比湖水样宏基因组测序结果

种类	原始读序数	有效读序数	GC含量/%	有效百分比	OTUs含量
细菌	84 431	80 290	53.45	95.1	486
真菌	81 111	80 117	47.08	98.8	391

### 2.2 艾比湖微生物群落组成分析

艾比湖水样细菌OTUs分属25个门158个属.菌门种类及其相对丰度如图2A所示,其中:相对丰度较高的菌门包括变形菌门(Proteobacteria, 66.18%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 24.58%)、放线菌门(Actinobacteria, 3.64%)、厚壁菌门(Firmicutes, 2.43%),低丰度菌门包括栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、帕库菌门(Parcubacteria)、SR1(Absconditabacteria)、蓝藻门(Cyanobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、纤细菌门(Gracilibacteria)、软壁菌门(Tenericutes)、绿菌门(Chlorobi)、螺旋体门(Spirochaetes)、异域菌门(Peregrinibacteria)、梭杆菌门(Fusobacteria)、糖分菌门(Saccharibacteria)、热袍菌门(Thermotogae)、绿弯菌门(Chloroflexi)、WS6、海微菌门(Marinimicrobia)、TM6\_(Dependentiae)、脱铁杆菌门(Deferribacteres)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、酸杆菌门(Acidobacteria)、贝克尔菌门(Berkelbacteria).属分类水平的结果如图2B所示,相对丰度较高的菌属包括玫瑰变色菌属(*Roseovarius*, 20.25%)、盐单胞菌属(*Halomonas*, 17.24%)、嗜冷弯菌属(*Psychroflexus*, 6.63%)、海命菌属(*Marivita*, 3.62%)、红杆菌属(*Rhodobacteraceae*, 2.52%)、*Pontimonas*(2%)、梭菌属(*Fusibacter*, 1.51%)、洛克氏菌属(*Loktanella*, 1.13%),低丰度菌属包括海杆菌属(*Marinobacter*)、丝硫细菌属(*Thiothrix*)、弧菌属(*Vibrio*)、盐矿单胞菌属(*Salinarimonas*)等.

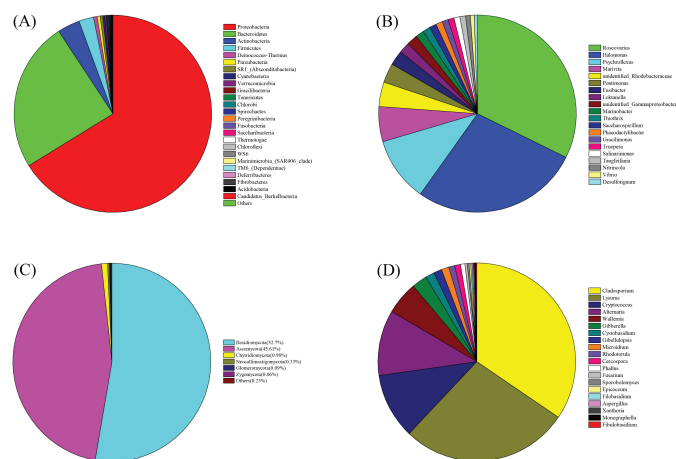


图 2 艾比湖微生物群落组成

注: A为门水平的细菌组成; B为属水平的细菌组成; C为门水平的真菌组成; D为属水平的真菌组成.

艾比湖水样真菌OTUs分属6个门94个属.真菌门分类的结果如图2C所示,其中担子菌门(Basidiomycota)和子囊菌门(Ascomycota)相对丰度较高,分别为52.71%和45.61%,另外还包括壶菌门(Chytridiomycota)、接

合菌门 (Zygomycota)、球能菌门 (Glomeromycota) 和新丽鞭毛菌门 (Neocallimastigomycota)。属分类水平如图2D所示, 相对丰度较高的真菌属包括芽枝孢属 (*Cladosporium*, 18.20%)、散尾鬼笔属 (*Lysurus*, 14.47%)、隐球菌属 (*Cryptococcus*, 5.66%)、链格孢属 (*Alternaria*, 5.65%)、节担菌属 (*Wallemia*, 2.86%) 和赤霉菌属 (*Gibberella*, 1.31%), 低丰度菌属包括红酵母属 (*Rhodotorula*)、掷孢酵母属 (*Sporobolomyces*)、曲霉菌属 (*Aspergillus*)、线黑粉菌属 (*Filobasidium*) 等。

### 2.3 艾比湖嗜盐和耐盐微生物组成分析

基于上述艾比湖微生物组成系统挖掘其中的嗜盐菌, 嗜盐细菌为21个属, 相对丰度较高的嗜盐细菌包括变形菌门所属的玫瑰变色菌属、盐单胞菌属和海命菌属, 放线菌门所属的 *Pontimonas*, 拟杆菌门所属的冷弯菌属, 厚壁菌门所属的梭菌属; 嗜盐真菌为12个属, 主要集中于子囊菌门, 相对丰度较高的为该门所属的芽枝孢属和链格孢属 (表2)。

表 2 艾比湖中的嗜盐微生物

分类	门	属	丰度/%	
细菌	变形菌门 (Proteobacteria)	玫瑰变色菌属 ( <i>Roseovarius</i> )	20.25	
		盐单胞菌属 ( <i>Halomonas</i> )	17.24	
		海命菌属 ( <i>Marivita</i> )	3.62	
		弧菌属 ( <i>Vibrio</i> )	0.39	
		螺杆菌属 ( <i>Spiribacter</i> )	0.23	
		<i>Pseudohalaea</i>	0.22	
		盐硫杆状菌属 ( <i>Halothiobacillus</i> )	0.15	
		赤杆菌属 ( <i>Erythrobacter</i> )	0.15	
		盐着色菌属 ( <i>Halochromatium</i> )	0.12	
		玫瑰活泼菌属 ( <i>Roseivivax</i> )	0.04	
		岛杆菌属 ( <i>Nesiotobacter</i> )	0.04	
		湖菌属 ( <i>Lacimicrobium</i> )	0.01	
		放线菌门 (Actinobacteria)	<i>Pontimonas</i>	2.00
			冷弯菌属 ( <i>Psychroflexus</i> )	6.63
		拟杆菌门 (Bacteroidetes)	盐需杆菌属 ( <i>Salegentibacter</i> )	0.02
			<i>Planktosalinus</i>	0.02
			<i>Aliifodinibius</i>	0.004
		厚壁菌门 (Firmicutes)	梭菌属 ( <i>Fusibacter</i> )	1.51
			盐厌氧菌属 ( <i>Halanaerobium</i> )	0.27
		螺旋体门 (Spirochaetes)	盐水球菌属 ( <i>Salinispira</i> )	0.01
		疣微菌门 (Verrucomicrobia)	疣微菌属 ( <i>Haloferula</i> )	0.16
真菌	子囊菌门 (Ascomycota)	芽枝孢属 ( <i>Cladosporium</i> )	18.20	
		链格孢属 ( <i>Alternaria</i> )	5.65	
		假丝酵母属 ( <i>Candida</i> )	0.01	
		短梗霉属 ( <i>Aureobasidium</i> )	0.06	
		尾孢菌属 ( <i>Cercospora</i> )	0.50	
		镰刀菌属 ( <i>Fusarium</i> )	0.21	
		曲霉菌属 ( <i>Aspergillus</i> )	0.12	
		茎点霉属 ( <i>Phoma</i> )	0.05	
		毛壳菌属 ( <i>Chaetomium</i> )	0.01	
		青霉菌属 ( <i>Penicillium</i> )	0.01	
		漆斑菌属 ( <i>Myrothecium</i> )	0.01	
		担子菌门 (Basidiomycota)	红冬孢酵母属 ( <i>Rhodospordium</i> )	0.03

### 2.4 艾比湖菌群功能的预测分析

使用PICRUST软件预测艾比湖菌群的功能基因, KEGG通路分析结果如图3所示。总体而言, 与细菌生长相

关的各类代谢以及遗传信息处理、信号传递和细胞生长等功能基因丰度均较高. 通路内的细化分析表明: 遗传信息处理通路中翻译(40.9%)以及复制与修复(30.67%)相关基因相对丰度较高, 在环境信息处理通路中膜运输(60%)相关基因丰度最高, 在注释到的11类代谢通路中, 相对丰度较高的包括氨基酸代谢(20.33%)、碳水化合物代谢(19.04%)和能量代谢(14.27%)相关基因, 以上结果说明艾比湖菌群生长旺盛. 在代谢通路分析中, 发现艾比湖菌群含有3.4%异源生物降解与代谢相关的基因(图4), 为探讨艾比湖污染状况以及微生物在修复水环境中的功能, 继而对菌群碳水化合物代谢和异源生物降解与代谢相关功能基因进行了细化分析. 图4A显示了碳水化合物代谢相关基因的相对丰度, 其中丙酮酸代谢、甘氨酸与二甲酸酯代谢、糖酵解、三羧酸循环、氨基糖和核苷酸糖代谢、丙烷酸酯代谢、丁酸桂酯代谢相关基因的丰度较高, 另外还包括淀粉和蔗糖代谢、抗血酸和阿尔达酸盐代谢、肌醇磷酸代谢等碳水化合物代谢途径相关基因. 图4B显示了异源生物降解与代谢途径相对功能基因的丰度, 其中苯甲酸降解、药物代谢、氯烷烃和氯烯烃降解、氨基苯甲酸降解、苯乙烯降解、己内酰胺降解、药物代谢-细胞色素P450相关基因的相对丰度均较高, 除此之外, 还包括甲苯、萘、多环芳烃、二噁英、氯环己烷和氯苯等有机化合物降解相关的基因.

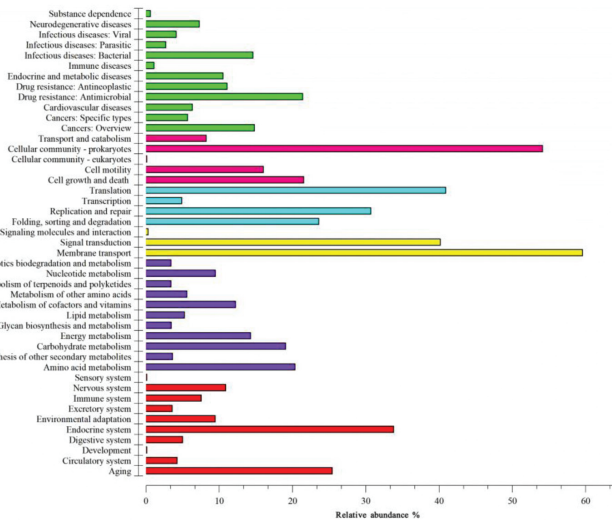


图 3 基于KEGG次级代谢通路基因注释结果

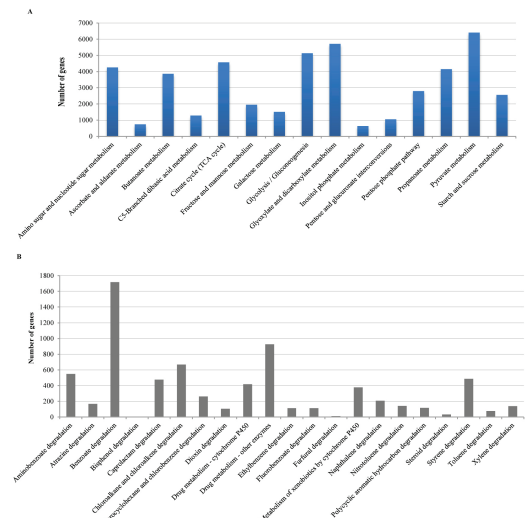


图 4 基于KEGG分析碳水化合物代谢(A)和环境异源生物降解(B)相关功能基因的分类及丰度

### 3 讨论与结论

不同类型的盐湖中含有丰富多样的微生物资源, 探究其群落组成及功能是开发和利用湖泊微生物资源的前提<sup>[6]</sup>. 利用宏基因组学方法对水环境微生物总DNA进行高通量测序和生物信息学分析可全面了解微生物组成、多样性以及潜在的功能基因, 目前已广泛用于各类水环境微生物多样性和生态质量评价的研究<sup>[7]</sup>. 本文利用宏基因组学方法对艾比湖水样微生物多样性进行分析, 共注释到细菌OTU 486个, 分属25门、43纲、73目、127科、158属; 注释到真菌OTU 391个, 分属6门、22纲、51目、82科、94属(表1). 以上结果说明艾比湖富含丰富多样的细菌和真菌, 且细菌的多样性明显高于真菌, 前期也有多项研究表明湖水中细菌的多样性高于真菌<sup>[8]</sup>, 说明细菌适应各类水环境的能力高于真菌.

细菌多样性方面, 在门分类阶元丰度最高的为变形菌和拟杆菌, 这两个菌门均广泛栖息于各类环境中, 具有富集酸性氨基酸、水解纤维素和有机化合物矿化等功能; 其次为放线菌和厚壁菌, 两者均具有重要的生态功能, 在维持水质方面发挥着重要作用(图2A). 据报道变形菌、拟杆菌、酸杆菌和放线菌等是盐湖的主要菌群<sup>[9]</sup>, 但各类盐湖菌群组成随盐离子种类及水质等特性不同而呈现差异, 如花马盐湖以变形菌、拟杆菌和厚壁菌为优势菌群<sup>[10]</sup>, 青藏高原盐水湖阿翁错以变形菌、放线菌和厚壁菌为优势菌群<sup>[11]</sup>. 本文研究显示艾比湖中放线菌的相对丰度(3.64%)高于艾丁湖<sup>[12]</sup>及茶卡盐湖<sup>[13]</sup>. 通常富含钾盐及pH偏碱性的盐湖中放线菌门含量较高, 据报道艾比湖湖底沉积物偏碱性且富含钾离子, 其中含有丰富的放线菌<sup>[2]</sup>, 湖区周边湿地及土壤同样偏碱性<sup>[14]</sup>, 故艾比湖沉积物和周边湿地中蕴含的放线菌进入湖水使得其丰度增高. 在属分类阶元丰度较高的菌属包括玫瑰变

色菌、盐单胞菌、嗜冷弯菌、海命菌、红杆菌和 *Pontimonas* 等 (图2B), 与许多盐湖的菌群组成有明显差异, 如花马盐湖卤水中的细菌以乳球菌属、假单胞菌属和螺杆菌属为主<sup>[15]</sup>。艾比湖属于极端咸水湖, 水体理化性质与海洋相似, 分析表明其中蕴含的一些菌属为海洋富含菌, 如玫瑰变色菌属广泛分布于极地海洋, 约占海洋浮游细菌群落的15%~25%<sup>[16]</sup>, 该菌属也存在于一些高盐湖泊和土壤中<sup>[17]</sup>, 海命菌存在于深海沉积物中, 低丰度的海杆菌亦存在于海水中。另一些为新疆多个盐湖共有的菌属, 如盐单胞菌在新疆达坂城盐湖、巴里坤湖和罗布泊盐湖中均具有较高丰度, 其对温度、盐度和溶解氧的适应范围广, 具有很强的适应能力。还有一些菌属和艾比湖特殊的环境有关, 如嗜冷弯菌主要存在于海冰等寒冷环境<sup>[18]</sup>, 其在艾比湖的相对丰度达到6.63%, 可能是周边山区冰雪中存在该菌并随冰雪融化注入艾比湖, 本文于秋末采样, 低水温也将促使该菌相对丰度的增加。此外, 艾比湖还存在 *Pontimonas*、洛克氏菌等多种特色菌属。

真菌多样性方面, 门分类阶元主要包括担子菌、子囊菌和壶菌 (图2C)。属分类阶元包括芽枝孢、散尾鬼笔、隐球菌、链格孢和节担菌等高丰度菌, 以及葡萄穗霉等低丰度菌 (图2D), 其中散尾鬼笔、隐球菌和赤霉菌等菌属在其它水体环境中很少发现。盐湖等水环境中的真菌群落组成随环境差异而不同<sup>[19]</sup>, 如内蒙古鄂尔多斯一古盐湖中曲霉属为优势菌<sup>[20]</sup>, 海南海口温泉优势真菌为轮枝菌属<sup>[21]</sup>, 程海湖水体和底泥中的优势真菌为枝孢菌属和青霉菌属<sup>[22]</sup>, 艾比湖特有的真菌组成及多样性与其水环境的特性有关。

艾比湖微生物组成中包含大量嗜盐和耐盐菌, 包括21个嗜盐细菌属和12个嗜盐真菌属 (表2)。其中大多菌属在其它高盐环境中已见报道, 如盐单胞菌属、螺杆菌属、岛杆菌属等广泛存在于海洋、盐场等高盐水环境中, 具有较高的NaCl耐受性<sup>[23-24]</sup>, 青霉菌和曲霉菌存在于菲律宾海盆沉积物中, 具高度耐盐性<sup>[25]</sup>, 镰刀霉菌、链格孢在高盐土壤中分布广泛<sup>[26]</sup>。相对丰度较高的嗜盐细菌包括变形菌门所属的玫瑰变色菌、盐单胞菌和海命菌, 放线菌门所属的 *Pontimonas*, 拟杆菌门所属的冷弯菌, 厚壁菌门所属的梭菌; 嗜盐真菌主要集中于子囊菌门, 相对丰度较高的为该门所属的芽枝孢和链格孢。以上嗜盐菌是适应艾比湖极端盐碱环境的产物, 也是具有潜在应用价值的微生物资源, 包括海杆菌、纺锤杆菌等在内的嗜盐细菌能降解芳香酸污染物<sup>[27-28]</sup>, 岛杆菌、弧菌可以作为水环境金属污染的指示菌<sup>[29]</sup>, 青霉菌、镰刀霉菌、曲霉菌等嗜盐菌能有效降解烃类化合物和木质素<sup>[30-31]</sup>, 以上嗜盐微生物在艾比湖环境修复中亦可发挥重要作用。

基于KEGG数据库预测功能基因表明 (图3), 与细菌生长相关的各类代谢以及遗传信息处理、信号传递和细胞生长等功能基因丰度均较高, 说明水库中细菌生长旺盛。碳水化合物代谢相关功能基因分析表明 (图4A), 艾比湖菌群富含多种碳水化合物代谢通路的功能基因, 其中丙酮酸代谢、三羧酸循环和糖酵解相关通路的功能基因相对丰度较高, 提示艾比湖菌群糖代谢以有氧代谢为主, 并可利用多种碳源。分析异源生物降解相关功能基因表明 (图4B), 苯甲酸、氯烷烃和氯烯烃、氨基苯甲酸、苯乙烯、己内酰胺等降解代谢相关功能基因在艾比湖菌群中的相对丰度均较高, 由于细菌对环境异源生物具有趋化性, 即细菌感应、趋向 (或趋离) 并降解环境污染物的特性, 故环境污染物含量和菌群降解污染物功能基因的含量呈正相关。就本文而言, 艾比湖菌群富含芳香族和有机氯等化合物降解相关基因, 说明艾比湖存在相应污染。据报道, 多种细菌能有效降解各类污染物, 其中艾比湖中含有的放线菌、弧菌、玫瑰杆菌<sup>[32-33]</sup>等均可趋向和降解污染物, 在污染物的生物修复中可能发挥重要作用。

## 参考文献:

- [1] LIU D, ABUDUWAILI J, LEI J, et al. Deposition rate and chemical composition of the Aeolian Dust from a Bare Saline Playa, Ebinur Lake, Xinjiang, China[J]. Water Air & Soil Pollution, 2011, 218(1/2/3/4): 175-184.
- [2] 邵冠军. 艾比湖湖底沉积物中放线菌和古菌菌群多样性研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学, 2015.
- [3] 韩晶, 胡文革, 王艳萍, 等. 新疆艾比湖湿地博乐河入口处土壤细菌多样性分析[J]. 微生物学通报, 2014, 41(11): 2244-2253.
- [4] ZHANG J, DING X, GUAN R, et al. Evaluation of different *16S rRNA* gene V regions for exploring bacterial diversity in a eutrophic freshwater lake[J]. Science of the Total Environment, 2018, 618: 1254-1267.
- [5] ZHAO X D, LI X J, LI Y, et al. Shifting interactions among bacteria, fungi and archaea enhance the removal of antibiotics and antibiotic resistance genes in soil microbial fuel cells[J]. Biotechnology for Biofuels, 2019, 12: 160.
- [6] 罗建桦, 陶晔, 邢鹏, 等. 湖泊微生物宏基因组学研究进展[J]. 湖泊科学, 2020, 32(1): 271-280.
- [7] CANTAREL B L, ERICKSON A R, VERBERKMOES N C, et al. Strategies for metagenomic-guided whole-community proteomics of complex microbial environments[J]. PLoS One, 2011, 6(11): e27173.

- [8] ZHANG H, WANG Y, CHEN S, et al. Water bacterial and fungal community compositions associated with Urban Lakes, Xi'an, China[J]. International Journal of Environmental Research & Public Health, 2018, 15(3): 469.
- [9] VENTOSA A, FERNANDEZ A B, LEON M J, et al. The Santa Pola saltern as a model for studying the microbiota of hypersaline environments[J]. Extremophiles, 2014, 18(5): 811-824.
- [10] 刘开辉, 张波, 丁小维, 等. 基于高通量测序的花马盐湖原核微生物及其耐盐基因[J]. 微生物学报, 2018, 58(10): 1743-1753.
- [11] 时玉, 孙怀博, 刘勇勤, 等. 青藏高原淡水湖普莫雍错和盐湖阿翁错湖底沉积物中细菌群落的垂直分布[J]. 微生物学通报, 2014, 41(11): 2379-2387.
- [12] 迪丽拜尔·托乎提, 徐晓晶. 新疆艾丁湖及邻近地区嗜盐菌和耐盐菌的数量分布[J]. 生态学报, 2001, 21(8): 1388-1391.
- [13] 张欣, 刘静, 沈国平, 等. 基于高通量测序研究青藏高原茶卡盐湖微生物多样性[J]. 微生物学通报, 2017, 44(8): 1834-1846.
- [14] 傅德平, 何龔, 袁月, 等. 艾比湖湿地植物群落特征与土壤环境关系研究[J]. 江西农业学报, 2008, 20(5): 106-109.
- [15] 张波. 陕北花马盐湖原核微生物多样性及耐盐逆境研究[D]. 汉中: 陕西理工学院, 2016.
- [16] XIE K, DENG Y, ZHANG S, et al. Prokaryotic community distribution along an ecological gradient of salinity in surface and subsurface saline soils[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 13332.
- [17] LU L, ZHANG Y, PENG X, et al. *Roseovarius arcticus* sp. nov. a bacterium isolated from Arctic marine sediment[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2020, 70(3): 2072-2078.
- [18] WAGNER-DOBLER I, BIEBL H. Environmental biology of the marine roseobacter lineage[J]. Annu Rev Microbiol, 2006, 60: 255-280.
- [19] AYALA-DEL-RIO H L, CHAIN P S, GRZYMSKI J J, et al. The genome sequence of psychrobacter arcticus 273-4, a psychroactive siberian permafrost bacterium, reveals mechanisms for adaptation to low-temperature growth[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(7): 2304-2312.
- [20] 郭庆兰, 刘开辉, 丁小维, 等. 内蒙古鄂尔多斯—古盐湖真菌多样性及其功能酶的初步筛选[J]. 微生物学通报, 2014, 41(8): 1547-1555.
- [21] 舒为, 田晓玉, 赵洪伟. 海南海口温泉真菌、细菌多样性及其环境影响因素分析[J]. 微生物学报, 2020, 60(9): 1999-2011.
- [22] 晋方佑. 程海湖可培养淡水真菌多样性及其抗菌、产酶活性评价[D]. 昆明: 云南大学, 2013.
- [23] ODILIA A S, HUXLEY M M, REMMY W K, et al. Diversity and distribution of fungal communities within the hot springs of soda lakes in the Kenyan rift valley[J]. African Journal of Microbiology Research, 2017, 11(19): 764-775.
- [24] DONACHIE S P, BOWMAN J P, ALAM M. *Nesiotobacter exalbescens* gen. nov., sp. nov., a moderately thermophilic alphaproteobacterium from an Hawaiian hypersaline lake[J]. International Journal of Systematic & Evolutionary Microbiology, 2006, 56(3): 563-567.
- [25] 马艺源, 张守梅, 冯春辉, 等. 菲律宾海盆沉积物可培养真菌及其温度、盐度适应性初步研究[J]. 菌物学报, 2020, 39(7): 1291-1300.
- [26] LEON M J, FERNANDEZ A B, GHAI R, et al. From metagenomics to pure culture: isolation and characterization of the moderately halophilic bacterium *Spiribacter salinus* gen. nov. sp. nov.[J]. Applied & Environmental Microbiology, 2014, 80(13): 3850-3857.
- [27] CHUNG D, KIM H, CHOI H S. Fungi in salterns[J]. The Journal of Microbiology, 2019, 57(9): 717-724.
- [28] 李倩, 崔志松, 赵爱芬, 等. 一株石油烃降解菌新种 *Marinobacter* sp. PY97S 的鉴定[J]. 微生物学报, 2011, 51(5): 648-655.
- [29] ZHANG L, ZHANG M, GUO J, et al. Effects of  $K^+$  salinity on the sludge activity and the microbial community structure of an A~2O process[J]. Chemosphere, 2019, 235: 805-813.
- [30] DASHTI N, ALI N, ELIYAS M, et al. Most hydrocarbonoclastic bacteria in the total environment are diazotrophic, which highlights their value in the bioremediation of hydrocarbon contaminants[J]. Microbes & Environments, 2015, 30(1): 70-75.
- [31] CHEN Y, JIANG Y, HUANG H, et al. Long-term and high-concentration heavy-metal contamination strongly influences the microbiome and functional genes in Yellow River sediments[J]. Science of the Total Environment, 2018, 637/638: 1400-1412.
- [32] 张科, 李臻, 郑瑶, 等. 河南叶县岩盐可培养中度嗜盐菌的多样性[J]. 微生物学通报, 2020, 47(12): 3987-3997.
- [33] 程晓宇, 刘伟伟, 许楹, 等. 中国东海和南海海域可培养烃类降解细菌的筛选及功能[J]. 微生物学通报, 2019, 46(5): 975-985.