

西藏拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落 多样性及其对环境因子的响应

张敬一凡^{1,2} 李 谊^{1,2} 毕心怡^{1,2} 德 吉^{1,2} 张继峰^{1,2,3} 郭小芳^{1,2*}

(1. 青藏高原生物多样性与生态环境保护教育部重点实验室,拉萨 850000; 2. 西藏大学生态环境学院,拉萨 850000; 3. 拉萨城市湿地生态系统西藏自治区野外科学观测研究站,拉萨 850000)

摘要 为揭示拉鲁湿地芦苇(*Phragmites australis*)根际土壤细菌群落结构及其与环境因子的相关性,该研究通过土壤理化指标分析和16S rDNA扩增子高通量测序技术,对拉鲁湿地内不同采样地及区域的芦苇根际土壤细菌群落进行系统分析。共获得43 586个扩增子序列变异,注释结果涵盖64门162纲361目523科1 039属。结果表明:拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌优势门包括变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和酸杆菌门(Acidobacteriota);优势属主要为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)。相关性分析显示,土壤中钛和全钾含量是影响芦苇根际细菌群落组成的关键环境因子。综上,拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌资源丰富,解析其群落结构特征有助于从微生物生态学角度为拉鲁湿地的保护与管理提供科学依据。

关键词 高寒湿地;芦苇;土壤细菌群落;多样性;高通量测序

中图分类号:Q938.1 文献标志码:A doi:10.7525/j.issn.1673-5102.2026.01.016

Diversity and Environmental Responses of the Rhizosphere Bacterial Community in *Phragmites australis* from the Lhalu Wetland, Xizang

ZHANG Jingyifan^{1,2} LI Yi^{1,2} BI Xinyi^{1,2} DE Ji^{1,2} ZHANG Jifeng^{1,2,3} GUO Xiaofang^{1,2*}

(1. Key Laboratory of Biodiversity and Environment on the Qinghai-Xizang Plateau, Ministry of Education, Lhasa 850000; 2. School of Ecology and Environment, Xizang University, Lhasa 850000; 3. Lhasa, Urban Wetland Ecosystem, Observation and Research Station of Xizang Autonomous Region, Lhasa 850000)

Abstract To investigate the bacterial community structure in the rhizosphere soil of common reed (*Phragmites australis*) in the Lhalu Wetland and its correlation with environmental factors, this study conducted a systematic analysis using soil physicochemical property measurements and 16S rDNA amplicon high-throughput sequencing. A total of 43 586 amplicon sequence variants were obtained, and the annotation results encompassed 64 phyla, 162 classes, 361 orders, 523 families, and 1 039 genera. The results indicated that the dominant bacterial phyla in the reed rhizosphere soil of the Lhalu Wetland were Proteobacteria, Actinobacteriota, and Acidobacteriota, with *Sphingomonas* being the predominant genus. Correlation analysis revealed that the contents of titanium and total potassium in the soil were the key environmental factors affecting the composition of the reed rhizosphere bacterial community. In summary, the rhizosphere soil of reeds in the Lhalu Wetland is rich in bacterial resources, and elucidating the characteristics of its community structure provides a scientific basis from the perspective of microbial ecology for the conservation and management of the Lhalu Wetland.

Key words alpine wetland; *Phragmites australis*; soil bacterial community; diversity; high-throughput sequencing

基金项目:国家重点研发计划政府间国际科技创新合作项目(2021YFE0113700);西藏生态环境监测项目(GZFCG2024-23011);西藏自治区科技计划基地与人才计划项目(XZ202501JD0019);2025年中央财政支持地方高校改革发展专项资金项目“雅江流域全要素监测网络建设项目”(00061349);2025西藏大学生态环境学院“创新创业”项目(2025-CX-S018)。

第一作者简介:张敬一凡(1999—),女,硕士研究生,主要从事微生物生态学研究。

* 通信作者:E-mail:gxf005@hotmail.com。

收稿日期:2025年7月16日。

青藏高原高寒湿地是全球重要的生态系统之一,在其区域乃至全球气候调节、水源涵养和生物多样性维持方面发挥着不可替代的作用^[1]。位于拉萨市区的拉鲁湿地是典型的高寒草甸沼泽湿地,也是世界上海拔最高、面积最大的城市天然芦苇泥炭沼泽,被誉为“拉萨之肺”^[2];其在维持城市生态平衡、调节气候、保护生物多样性等方面具有核心价值^[3-4]。然而,拉鲁湿地经历了严峻的退化历程,自1989年至2009年湿地面积由942.45 hm²缩减至685.33 hm²。造成这一退化的主要原因包括早期城市治理不足、砂石和泥炭的无序开采及过度放牧等人为活动^[4-5],这些因素不仅导致湿地面积急剧缩小,还对拉萨城市生态环境和区域生态安全构成了威胁。深入理解拉鲁湿地的生态功能基础与环境响应机制,对于湿地保护与恢复具有重要的现实意义。

作为拉鲁湿地中广泛分布且具有重要意义的的关键植被^[6],芦苇(*Phragmites australis*)凭借其强大的根系,在吸收重金属污染物及净化水质中发挥核心作用^[7]。植物的根际细菌对环境压力具有快速响应的特性,因此常被用作诊断生态系统健康、预警环境变化的潜在生物指示器^[8]。作为土壤微生物的重要类群之一,细菌在养分转化、凋落物分解和物质循环中发挥着主导作用^[9-11]。然而,目前拉鲁湿地的研究仅聚焦于宏观生态格局的变化,如水生植物群落特征和水文过程等^[6,12-15];对土壤微生物群落,尤其是芦苇根际土壤细菌的群落多样性、结构特征及其对环境因子的响应机制关注不足。这不仅限制了对湿地功能维持机制的理解,也制约了湿地健康评估与修复策略的制定。

基于此,本研究以西藏拉鲁湿地芦苇根际土壤为研究对象,结合16S rDNA高通量测序和土壤理化指标,系统解析细菌群落多样性与结构特征,探讨关键环境因子对群落组成的调控机制,以期(1)揭示拉鲁湿地芦苇根际细菌群落组成与优势类群特征;(2)分析拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌空间分布格局及差异;(3)阐明主要环境因子对细菌群落结构变异的影响。该研究结果有助于深化对拉鲁湿地生态功能微生物学基础的理解,为湿地的保护与恢复管理提供科学支撑,同时,也可为其他高寒湿地微生物学研究与生态保护提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

拉鲁湿地(29°39'46"~29°41'6" N,91°3'49"~

91°6'51" E),地处西藏自治区拉萨市西北角,东西长约5.1 km,南北宽约4.7 km,平均海拔约3 645 m,湿地保护总面积为1 220 hm²^[4]。该区域属高原温带半干旱季风气候,具有日照时间长、空气干燥、蒸发量大等特征;全年降水主要集中在6—9月,年均温7.5 °C,年均相对湿度为45%^[13]。湿地地面坡度介于3‰~5‰,整体地势东北高、西南低,水流方向表现为自东向西^[15]。在植物多样性方面,拉鲁湿地北部和东部区域的植物多样性低于西部和中西部区域^[6]。

1.2 样地信息及土样采集方法

2024年9月,根据拉鲁湿地芦苇分布情况与水流走向布设采样点,共设置17个样地(表1)。依据样地空间分布特征,将其划分为4个区域:西部区域(XB)样地T1~T3;施工区域(SG)样地T5~T8;居民居住区域(JZ)样地T4,T9~T11;鸟类栖息区域(QX)样地T12~T17。

表1 拉鲁湿地土壤采集位点

Table 1 Sampling sites in Lhalu Wetland

区域 Region	样地 Sampling site	纬度 Latitude	经度 Longitude
西部区域(XB) Western region	T1	29°40'8.30"	91°4'7.84"
	T2	29°40'35.92"	91°4'57.77"
	T3	29°40'48.46"	91°5'26.74"
施工区域(SG) Construction region	T5	29°40'20.55"	91°6'15.49"
	T6	29°40'32.40"	91°6'5.18"
	T7	29°40'50.07"	91°6'0.68"
	T8	29°41'2.12"	91°6'3.75"
居住区域(JZ) Residential region	T4	29°40'8.68"	91°6'16.09"
	T9	29°40'12.43"	91°6'39.05"
	T10	29°40'25.36"	91°6'54.10"
栖息区域(QX) Bird habitation region	T11	29°40'54.07"	91°6'52.89"
	T12	29°40'30.67"	91°6'18.26"
	T13	29°40'37.04"	91°6'16.51"
	T14	29°40'43.23"	91°6'15.20"
	T15	29°40'26.38"	91°6'28.65"
	T16	29°40'35.25"	91°6'32.84"
	T17	29°40'46.40"	91°6'33.45"

使用GPS对样地进行定位,并确定各样地的经纬度坐标。在芦苇丛周边去除表层残渣后,于50 cm×50 cm的样方内采集根际土壤:使用不锈钢铲挖取3~5株芦苇的根系及根区土壤,清除地表凋落物及砾石等;采用标准抖落法分离松散附着的根系土壤,再用软刷收集紧密黏附于根表的根

际土壤,每个样地采集3份土壤样品,装入聚乙烯样品袋中密封,并做好信息标记,于-4℃条件下保存并运回实验室。

1.3 样品分析与环境因子测定

每个样地采集的3份独立土壤样品,分别用于不同试验。第1份土样用于高通量测序:每个生物学重复称取10g土壤,分装于无菌离心管中(共3管,合计30g),管口用封口膜密封并标记,17个样地共获得51份样品。这些样本置于超低温冰箱中-80℃冻存24h后,在干冰保护下寄送至诺禾致源(天津)公司进行测序分析。第2份土样用于土壤环境因子测定:土壤在实验室经自然风干、去除杂质、研磨后,通过孔径约为150μm筛网,之后将同一采样地3个生物学重复的预处理样品装入无菌离心管(共3管,每管10g),17个样地共获得51份样品,送至四川蓝城检测技术有限公司进行环境因子测定。第3份土样置于超低温冰箱中-80℃密封保存,以备后续试验使用。

土壤含水量(soil water content, SWC)采用烘干称质量法测定;土壤元素含量(Ca、Fe、Ti、Mn、Zr、Sr、Rb)使用DELTA手持式XRF分析仪(DCC-6000,美国)测定,每个参数重复测定3次;土壤有机质(soil organic matter, SOM)使用重铬酸钾-硫酸溶液法依据《土壤检测第6部分:土壤有机质的测定》(NY/T 1121.6—2006)测定;土壤全氮(total nitrogen, TN)参照《土壤检测第24部分:土壤全氮的测定》(NY/T 1121.24—2012),采用自动凯氏定氮法测定;土壤全磷(total phosphorus, TP)采用碱熔-钼锑抗分光光度法测定,依据《土壤总磷的测定碱熔-钼锑抗分光光度法》(HJ 632—2011);土壤全钾(total potassium, TK)参照《土壤和沉积物11种元素的测定碱熔-电感耦合等离子体发射光谱法》(HJ 974—2018)测定。

1.4 高通量测序与生物信息学分析

经扩增检测合格的DNA样品用于文库构建。PCR产物经混合与纯化后,依次进行末端修复、A尾添加、接头连接及最终纯化。细菌16S rDNA基因V4区的扩增采用引物515F和806R,PCR反应体系包括15μL Phusion Mix、0.2μmol·L⁻¹引物及10ng DNA。反应条件为98℃预变性1min;随后30个循环(98℃10s,50℃30s,72℃30s);最后72℃延伸5min。扩增得到的产物,经过磁珠纯化、等量混合后,检测并回收目的条带,最终在Il-

lumina NovaSeq 6000平台进行双端测序。

测序原始数据基于Barcode序列和引物信息拆分样本,利用FLASH软件对Reads进行拼接,生成原始标签数据(raw tags)。随后,使用Cutadapt去除残留引物序列,结合Fastp0.23.1过滤低质量序列,获得高质量clean tags。随后基于Silva 138.1数据库(<https://www.arb-silva.de/documentation/release-1381>)识别并去除嵌合体序列,并采用DA-DA2方法去噪,最终获得ASVs(amplicon sequence variants)。ASVs的物种注释基于QIIME2平台的Classify-sklearn算法,采用预训练的Naive Bayes分类器和Silva 138.1数据库LTP分类框架进行由界至种的七级注释,并生成标准化相对丰度表。

1.5 数据处理

本研究数据分析主要包括:细菌群落多样性分析、土壤环境因子差异检验及环境因子与细菌群落的相关性分析3个部分。

基于QIIME2平台计算细菌群落α多样性指数(包括Observed_features、Shannon、Simpson、Chao1、Goods_coverage及Pielou_e指数),并利用R4.0.3软件中的plyr包绘制稀疏曲线以评估测序深度。β多样性分析基于Bray-Curtis距离矩阵,采用非度量多维尺度分析(NMDS)和主坐标分析(PCoA)方法,通过R语言中的ade4包完成;其结果可视化使用ggplot2 3.4.0包。为评估不同区域间细菌群落结构的差异显著性,采用了Anosim(相似性分析)非参数检验。

为检验不同样地间土壤理化性质的差异,使用SPSS 26.0软件对数据进行单因素方差分析(One-way ANOVA)。对于满足方差齐性且ANOVA检验显著的因子($P<0.05$),进一步采用Duncan多重比较法($\alpha=0.05$)进行事后检验,以确定具体哪些区域间存在显著差异。

为探究土壤环境因子与细菌物种丰度间的关联,利用Canoco 5.0软件进行冗余分析(RDA),并绘制RDA排序表以直观展示其关系。同时,基于R4.0.3软件计算环境因子与物种丰度之间Spearman相关系数,并使用Origin 2024软件将相关系数以热图形式可视化。

本研究原始数据已提交至NCBI数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>),并通过SRAToolkit在线工具(<https://github.com/ncbi/sra-tools>)进行处理,获得登录号PRJNA1262125。

2 结果与分析

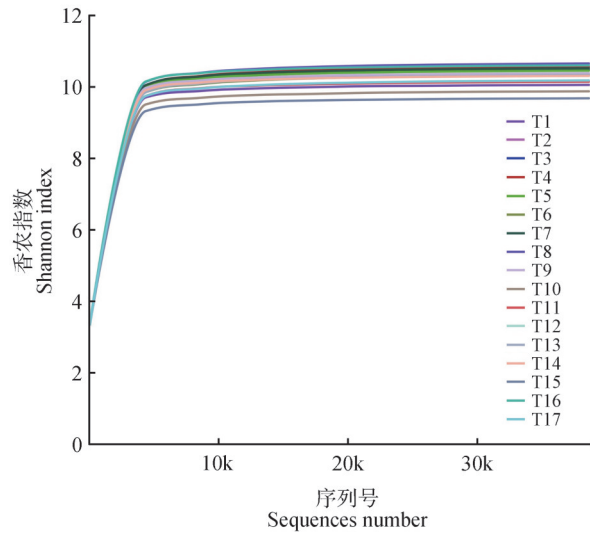
2.1 拉鲁湿地芦苇根际土壤测序结果分析

采用 Illumina NovaSeq 6000 平台对拉鲁湿地 17 个样地的 51 份芦苇根际土壤样品进行高通量测序,共获得 43 586 条 ASVs。稀释曲线(图 1)结果表明,随着测序量的增加,曲线逐渐趋于平缓,说明当前测序深度已能够充分覆盖样品中细菌群落真实多样性。

2.2 拉鲁湿地芦苇根际土壤环境因子分析

2.2.1 拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤环境因子特征

表 2 数据显示,拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤的元素含量存在显著差异:Ca 含量在 T1 样地最高,且 T1、T2 显著高于其他样地($P<0.05$),T10 样地最低;Ti 含量的高值区为 T3 样地,低值区为 T9 样地;Fe 含量在 T12 样地含量最高,T3 样地最低;Mn 含量在 T11 样地显著高于其他样地($P<0.05$),T10 样地最低;Zr 含量在 T11、T16 样地较高,T2、T9 样地较低;Sr 含量以 T16 样地最高,T9 样地最低;



T1~T17 代表 17 个不同的样地。

T1~T17 represented 17 different sampling sites.

图 1 基于土壤细菌 ASVs 水平的稀释曲线

Fig.1 Rarefaction curve based on soil bacterial ASVs level

Rb 含量的最高值出现在 T13 样地,而在 T9 样地最低。

表 2 拉鲁湿地各样点芦苇根际土壤元素含量

Table 2 Soil element contents in rhizosphere of *Phragmites australis* at different sampling sites in Lhalu Wetland mg·kg⁻¹

样地 Sampling site	质量分数 Mass fraction						
	钙 Ca	钛 Ti	铁 Fe	锰 Mn	锆 Zr	锶 Sr	铷 Rb
T1	18 300.00±1 734.94 ^a	1 440.00±954.83 ^{abc}	15 866.67±2 967.04 ^c	325.33±21.73 ^{gh}	216.00±13.75 ^d	147.00±24.27 ^{bcd}	103.67±11.01 ^{bc}
T2	17 600.00±953.94 ^a	1 350.67±282.25 ^{abc}	10 900.00±264.58 ^{ef}	499.00±76.50 ^b	94.00±16.37 ^f	103.67±7.02 ^{ef}	55.00±5.57 ^{ef}
T3	9 238.33±2 482.03 ^{de}	3 215.00±3 798.94 ^a	9 217.33±949.86 ^f	237.33±30.14 ^{ij}	131.00±5.56 ^e	127.67±14.05 ^{cde}	80.00±4.58 ^d
T4	9 366.00±982.11 ^{de}	1 815.33±108.14 ^{abc}	17 033.33±1 858.31 ^c	361.33±4.04 ^{efg}	231.67±21.19 ^{cd}	150.00±10.82 ^{bcd}	116.00±13.45 ^{ab}
T5	13 833.33±230.94 ^b	1 972.00±281.79 ^{abc}	13 033.33±850.50 ^{de}	382.33±44.52 ^{defg}	150.67±7.51 ^e	122.00±15.62 ^{cdef}	72.00±17.78 ^{de}
T6	8 632.00±3 090.87 ^{ef}	1 561.67±110.44 ^{abc}	15 133.33±472.58 ^{cd}	293.33±9.45 ^{hi}	165.00±13.00 ^e	117.67±6.42 ^{def}	86.00±8.19 ^{cd}
T7	11 355.00±2 602.42 ^{cd}	1 679.67±157.49 ^{abc}	16 266.66±1 703.92 ^c	398.33±40.53 ^{cdef}	158.00±27.07 ^e	133.00±11.53 ^{bcd}	87.33±18.00 ^{cd}
T8	7 550.00±244.35 ^{ef}	1 679.67±106.84 ^{abc}	12 433.33±2 779.08 ^e	337.67±17.04 ^{gh}	155.67±24.58 ^e	122.00±15.52 ^{cdef}	76.33±26.63 ^d
T9	4 625.67±116.50 ^{gh}	580.67±61.09 ^e	10 769.67±771.72 ^{ef}	208.00±33.29 ^j	71.33±2.08 ^f	48.33±3.21 ^g	42.33±4.51 ^f
T10	2 960.33±192.63 ^h	1 161.67±65.68 ^{bc}	11 466.67±57.74 ^{ef}	182.67±8.62 ^j	152.00±14.11 ^e	84.67±3.51 ^f	67.33±1.15 ^{de}
T11	8 060.00±317.87 ^{ef}	2 099.33±114.79 ^{abc}	22 900.00±1 058.30 ^b	576.33±26.69 ^a	289.00±20.66 ^a	160.00±12.12 ^{abc}	125.67±6.11 ^{ab}
T12	6 421.67±844.10 ^{fg}	2 267.00±606.92 ^{abc}	28 033.33±2 967.04 ^a	404.33±85.87 ^{cdef}	249.00±29.46 ^{bcd}	129.00±21.79 ^{bcd}	106.33±18.56 ^{abc}
T13	7 557.33±504.98 ^{ef}	2 362.33±48.22 ^{abc}	25 933.33±152.75 ^a	411.67±10.69 ^{cde}	257.00±13.89 ^{abc}	134.00±4.58 ^{bcd}	128.00±3.61 ^a
T14	7 490.67±84.74 ^f	2 531.67±40.28 ^{ab}	26 900.00±781.02 ^a	409.67±37.54 ^{cde}	236.67±16.44 ^{cd}	136.33±1.15 ^{bcd}	125.33±5.03 ^{ab}
T15	9 797.00±23.58 ^{de}	2 467.00±79.30 ^{abc}	27 400.00±916.52 ^a	449.33±17.50 ^{bcd}	257.33±17.21 ^{abc}	168.00±13.00 ^{ab}	112.00±6.24 ^{ab}
T16	12 000.00±1 819.34 ^{bc}	2 315.33±53.12 ^{abc}	27 400.00±1 248.99 ^a	436.67±22.90 ^{bcd}	282.00±45.13 ^{ab}	192.67±21.55 ^a	120.00±4.00 ^{ab}
T17	9 802.00±32.08 ^{de}	2 223.33±41.97 ^{abc}	23 066.67±737.11 ^b	453.67±22.59 ^{bc}	266.67±8.08 ^{abc}	120.33±66.20 ^{cdef}	117.67±4.73 ^{ab}

注:同列不同小写字母表示差异显著(Duncan 检验, $P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters in the same column indicated significant differences (Duncan's test, $P<0.05$).

拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤的环境因子分析结果显示(表3),SWC、SOM、TN、TP含量在不同样地间差异显著,而TK含量无显著差异。SWC在不同样地间的变幅较大,为58.40~582.00 g·kg⁻¹,其中T9样地的SWC含量最高,T11样地含量显著较低($P<0.05$)。SOM含量为10.10~230.00 g·kg⁻¹,

以T9样地最高,T14样地最低。TN含量分布在0.80~9.72 g·kg⁻¹,T9样地含量最高,T14样地最低。TP含量差异相对较小,为0.49~0.95 g·kg⁻¹,T2样地含量最高,T14样地最低。TK含量为15.90~24.90 g·kg⁻¹,T14样地含量最高,T9样地含量最低。

表3 拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤环境因子

Table 3 Environmental factors of rhizosphere soil samples of *Phragmites Australis* in Lhalu Wetland g·kg⁻¹

样地 Sampling site	质量分数 Mass fraction				
	土壤含水量SWC	土壤有机质SOM	全氮TN	全磷TP	全钾TK
T1	155.40±8.71 ^{gh}	22.90±0.30 ^k	1.33±0.02 ^f	0.56±0.02 ^{def}	23.10±0.30 ^a
T2	351.13±14.94 ^e	99.80±0.30 ^b	4.08±0.30 ^b	0.95±0.02 ^a	20.70±3.00 ^a
T3	218.00±3.12 ^e	48.80±2.00 ^{ef}	2.25±0.10 ^d	0.59±0.02 ^{cde}	23.50±2.00 ^a
T4	178.60±2.42 ^{fg}	42.60±4.00 ^{fg}	1.80±0.20 ^{def}	0.52±0.03 ^{fg}	23.90±2.00 ^a
T5	142.60±1.75 ^{hi}	30.20±4.00 ^{ijk}	1.42±0.30 ^f	0.52±0.01 ^{fg}	23.70±2.00 ^a
T6	176.00±2.88 ^{fg}	33.60±1.20 ^{hi}	1.46±0.20 ^{ef}	0.61±0.03 ^{cd}	22.00±0.20 ^a
T7	259.80±1.41 ^d	62.00±8.00 ^d	2.79±0.30 ^c	0.62±0.02 ^c	22.20±4.20 ^a
T8	196.8±2.23 ^{ef}	45.80±5.00 ^{efg}	1.97±0.10 ^{de}	0.61±0.04 ^{cd}	21.80±2.00 ^a
T9	582.00±6.26 ^a	230.00±13.00 ^a	9.72±0.30 ^a	0.71±0.03 ^b	15.90±2.00 ^b
T10	389.33±16.34 ^b	77.10±6.30 ^c	3.05±0.30 ^c	0.61±0.03 ^{cd}	22.40±4.00 ^a
T11	58.40±1.80 ^l	40.20±1.80 ^{gh}	1.79±0.10 ^{def}	0.55±0.04 ^{ef}	22.40±2.00 ^a
T12	106.27±10.99 ^{jk}	24.90±2.00 ^{jk}	1.36±0.10 ^f	0.56±0.01 ^{def}	22.93±1.51 ^a
T13	121.93±3.89 ^{ij}	32.70±2.00 ^{hij}	1.67±0.10 ^{ef}	0.59±0.04 ^{cde}	23.70±2.00 ^a
T14	129.53±2.91 ^{ij}	10.10±1.10 ^l	0.80±0.20 ^g	0.49±0.02 ^g	24.90±0.40 ^a
T15	92.00±9.89 ^k	32.20±0.80 ^{hij}	1.59±0.30 ^{ef}	0.52±0.04 ^{fg}	22.50±0.91 ^a
T16	94.67±48.61 ^k	53.20±3.00 ^c	2.19±0.70 ^d	0.58±0.02 ^{cde}	22.00±1.75 ^a
T17	92.60±1.11 ^k	30.80±1.00 ^{ijk}	1.52±0.20 ^{ef}	0.57±0.02 ^{cdef}	22.30±0.30 ^a

注:同列不同小写字母表示差异显著(Duncan 检验, $P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters in the same column indicated significant differences (Duncan's test, $P<0.05$).

进一步分析表明,T9样地的SWC、SOM和TN含量均显著高于其他样地($P<0.05$),但其TK含量显著较低($P<0.05$)。T14样地的TK含量较高,而SOM、TN和TP含量显著低于其他样地($P<0.05$)。T2样地的TP含量显著高于其他样地($P<0.05$)。

2.2.2 拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤环境因子特征

为深入揭示拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤的理化特征,本研究开展了区域间的比较分析。结果显示(表4),居住区域(JZ)的SWC、SOM和TN含量均显著高于其他区域($P<0.05$);西部区域(XB)中TP含量最高,显著高于其他区域($P<0.05$);TK在各区域间无显著差异。土壤元素分析表明,Ca

在西部区域(XB)含量最高,且显著高于其他区域($P<0.05$);Ti、Mn和Sr含量在栖息区域(QX)最高;Fe、Zr和Rb含量也在栖息区域(QX)达到最高值,并显著高于其他区域($P<0.05$)。

2.3 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落组成特征

2.3.1 拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤细菌群落组成特征

高通量测序结果表明,按100%的序列相似性水平,细菌序列归类为43 586个ASVs,注释鉴定出64门、162纲、361目、523科和1 039属。图2A显示,前10的优势菌门及其相对丰度分别为变形菌门(Proteobacteria, 37.70%)、放线菌门(Actino-

表 4 拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤环境因子分析

Table 4 Analysis of environmental factors of rhizosphere soil of *Phragmites australis* in different regions in Lhalu wetland

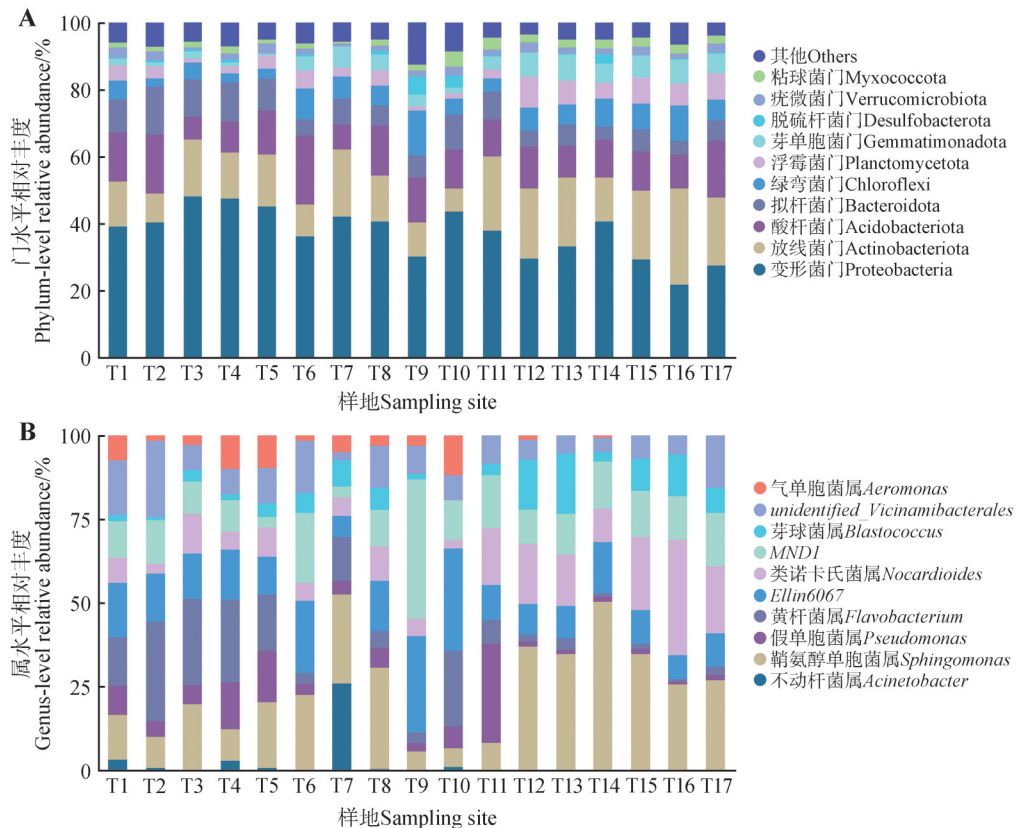
区域 Region	质量分数Mass fraction											
	含水量SWC/ (g·kg ⁻¹)	有机质SOM/ (g·kg ⁻¹)	全氮TN/ (g·kg ⁻¹)	全磷TP/ (g·kg ⁻¹)	全钾TK/ (g·kg ⁻¹)	钙Ca/ (mg·kg ⁻¹)	钛Ti/ (mg·kg ⁻¹)	铁Fe/ (mg·kg ⁻¹)	锰Mn/ (mg·kg ⁻¹)	锆Zr/ (mg·kg ⁻¹)	锶Sr/ (mg·kg ⁻¹)	铷Rb/ (mg·kg ⁻¹)
西部区域 XB	241.51±87.01 ^{ab}	57.17±34.00 ^b	2.55±1.22 ^b	0.70±0.19 ^a	22.43±22.34 ^a	15 046.11± 4 545.99 ^a	2 001.89± 2 164.51 ^{ab}	11 994.67± 3 377.57 ^a	353.89± 122.90 ^{ab}	147.00± 55.29 ^b	126.11± 23.71 ^{ab}	79.56± 22.08 ^b
施工区域 SG	193.80±44.67 ^{bc}	42.90±13.73 ^b	1.91±6.12 ^b	0.59±0.52 ^b	22.43±22.98 ^a	10 342.58± 3 084.90 ^b	1 633.75± 288.09 ^{ab}	14 216.67± 2 174.58 ^{bc}	352.92± 50.58 ^{ab}	157.33± 17.70 ^b	123.67± 12.44 ^{ab}	80.42± 17.40 ^b
居住区域 JZ	302.08±106.17 ^a	97.48±81.61 ^a	4.09±3.44 ^a	0.60±0.80 ^b	21.15±39.39 ^a	6 253.00± 2 723.13 ^a	1 414.25± 620.30 ^b	15 542.42± 5 201.29 ^b	332.08± 164.73 ^b	186.00± 86.94 ^b	110.75± 48.80 ^b	87.83± 36.46 ^b
栖息区域 QX	106.17±23.20 ^c	30.65±13.18 ^b	1.52±5.09 ^b	0.55±0.43 ^b	23.05±15.03 ^a	8 844.78± 2 057.92 ^b	2 361.11± 239.73 ^a	26 455.56± 2 078.52 ^a	427.56± 40.24 ^a	258.11± 25.47 ^a	146.72± 36.43 ^a	118.22± 10.60 ^a

注:同列不同小写字母表示差异显著(Duncan 检验, P<0.05)。

Note: Different lowercase letters in the same column indicated significant differences(Duncan's test, P<0.05).

bacteriota, 16.00%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 12.40%)、拟杆菌门(Bacteroidete, 7.70%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 6.30%)、浮霉菌门(Planctomycetota, 4.50%)，芽单胞菌门(Gemmatimonadota,

4.20%)、粘菌门(Myxococcota, 2.20%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 2.10%)、脱硫杆菌门(Desulfobacteria, 0.94%)。图 2B 显示,细菌属水平丰度排名前 10 的分类单元为鞘氨醇单胞菌属(*Sphin-*



A.物种相对丰度前10的门;B.物种相对丰度前10的属。横坐标中T1~T17代表17个不同的样地。

A.Top 10 phyla with species relative abundance; B.Top 10 genera with species relative abundance. The x-axis (T1–T17) represented the 17 sampling sites.

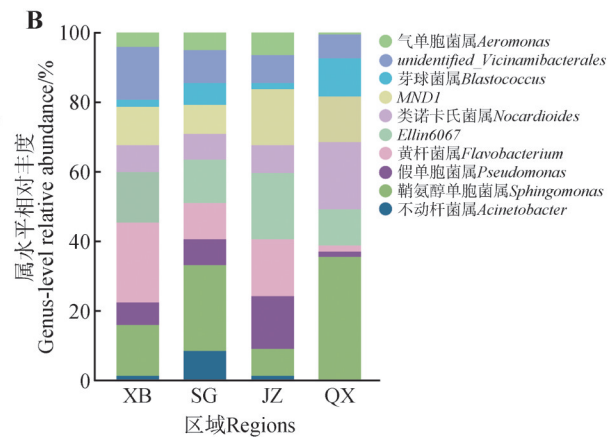
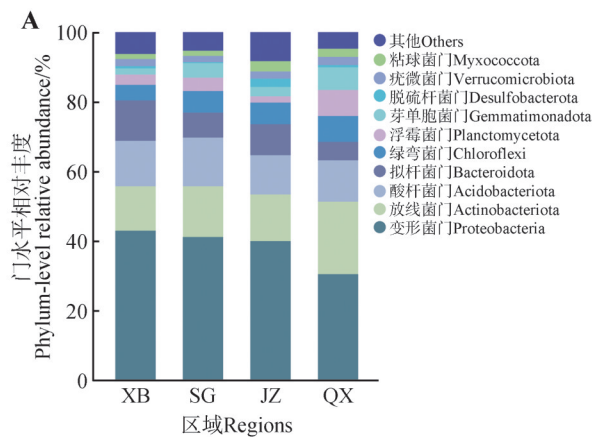
图 2 拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤细菌组成分析

Fig.2 Analysis of bacterial composition in rhizosphere soil of *Phragmites australis* at different sampling sites in Lhalu Wetland

gomonas, 3.09%)、*Ellin6067*(1.82%)、*MND1*(1.62%)、*Nocardioidea*(1.54%)、黄杆菌属(*Flavobacterium*, 1.46%)、*unidentified_Vicinamibacterales*(1.23%)、芽球菌属(*Blastococcus*, 0.84%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 0.94%)、气单胞菌属(*Aeromonas*, 0.47%)、不动杆菌属(*Acinetobacter*, 0.41%)。

2.3.2 拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤细菌群落组成特征

如图3A所示,拉鲁湿地不同区域根际土壤细菌



A.物种相对丰度前10的门;B.物种相对丰度前10的属。XB.西部区域;SG.施工区域;JZ.居住区域;QX.栖息区域。

A.Top 10 phyla with species relative abundance; B.Top 10 genera with species relative abundance. XB.Western region; SG.Construction region; JZ.Residential region; QX.Habitat region.

图3 拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤细菌组成分析

Fig.3 Analysis of the bacterial composition of *Phragmites australis* in different regions of Lhalu Wetland

2.4 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落多样性分析

2.4.1 拉鲁湿地不同样地芦苇根际土壤细菌α多样性分析

α多样性指数由图4A所示,Chao1指数和Observed_features指数在T10样地值最高;Chao1指数在T7样地值最低,Observed_features指数在T1样地观测到的特征数最少。Shanno指数、Simpson指数和Pielou_e指数整体波动较小。17个样地中的Goods_coverage指数均高于0.99,表明测序深度已充分覆盖样本中的微生物多样性。

2.4.2 拉鲁湿地不同区域芦苇根际土壤细菌α多样性分析

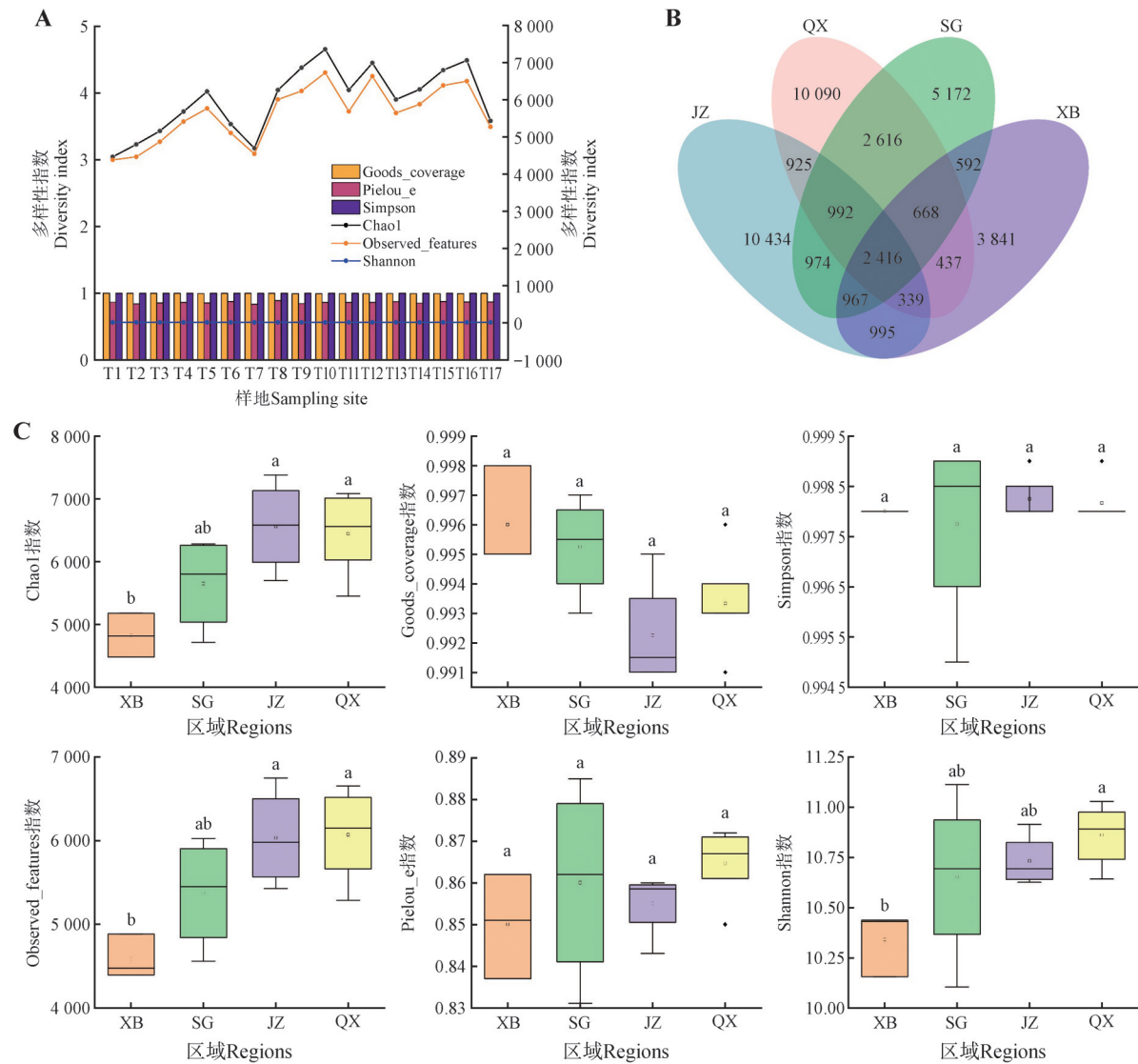
ASVs聚类结果以Venn图展示(图4B),拉鲁湿地4个区域共有2416个ASVs;居住区域(JZ)、栖息区域(QX)、施工区域(SG)和西部区域(XB)的特有ASVs数量分别为10434、10090、5172和3841个,数量关系表现为居住区域(JZ)>栖息区域(QX)>施工区域(SG)>西部区域(XB)。不同区

域门水平分析表明:变形菌门(Proteobacteria)为优势类群,相对丰度为30.7%~43.0%;放线菌门(Actinobacteriota)与酸杆菌门(Acidobacteriota)为次优势门,二者的相对丰度分别为12.9%~20.6%和11.2%~13.9%。属水平群落结构表明(图3B),鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)在4个区域均为优势菌属,相对丰度为7.6%~35.7%,其次是黄杆菌属(*Flavobacterium*, 1.81%~22.60%)、*Ellin6067*(10.3%~19.1%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 1.5%~15.3%)。

域芦苇根际土壤细菌α多样性指数结果显示(图4C),Chao1指数在居住区域(JZ)和栖息区域(QX)显著高于西部区域(XB),施工区域(SG)处于中间水平;Goods_coverage指数在西部区域(XB)和施工区域(SG)较高,居住区域(JZ)最低,但区域间无显著差异;Observed_features指数在西部区域(XB)显著低于居住区域(JZ)和栖息区域(QX);Pielou_e指数在4个区域间无显著差异;Shannon指数在栖息区域(QX)较高,西部区域(XB)最低,两者间差异显著($P<0.05$);Simpson指数在4个区域间均无显著差异。总体来看,居住区域(JZ)和栖息区域(QX)的物种丰富度最高,西部区域(XB)最低,施工区域(SG)处于中等水平。

2.4.3 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌β多样性分析

基于加权Unifrac距离矩阵进行UPGMA层次聚类分析,并整合门水平前10物种的相对丰度进行协同可视化(图5)。聚类时主要分为2个分支,上部分以西部区域(XB)和居住区域(JZ)为主,变形菌门占主导地位,且T9样地与其他样地差异较



A. 不同样地土壤细菌 alpha 多样性指数; B. 不同区域细菌组内 ASVs 水平韦恩图分析; C. 不同区域间土壤细菌多样性指数组间差异分析; 不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。T1~T17 代表 17 个不同的样地; XB. 西部区域; SG. 施工区域; JZ. 居住区域; QX. 栖息区域。

A. Soil bacterial alpha diversity indices across different sample sites; B. Venn diagram analysis of bacterial ASVs within different regions; C. Analysis of inter-regional differences in soil bacterial diversity indices; different lowercase letters above bars indicated significant differences ($P < 0.05$).

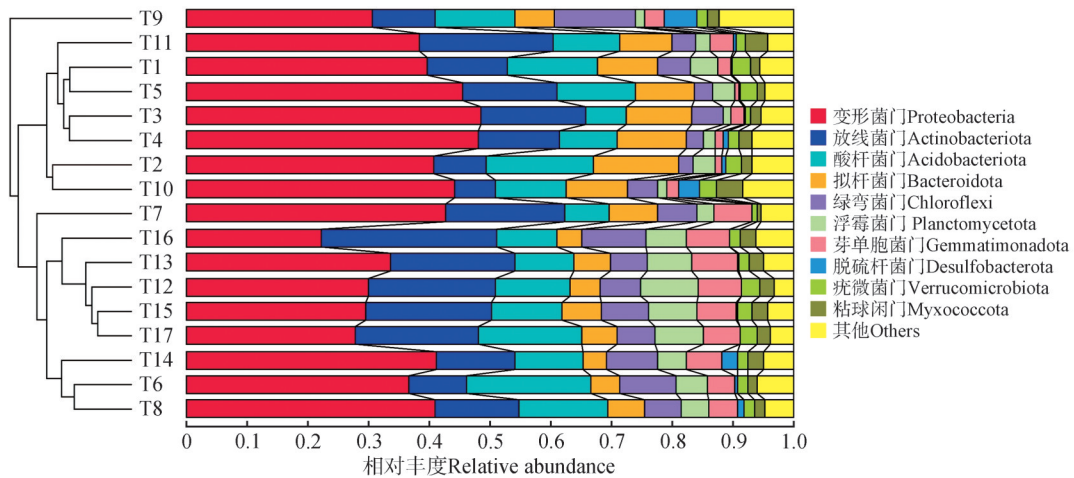
T1 to T17 corresponded to the 17 sampling sites; XB. Western region; SG. Construction region; JZ. Residential region; QX. Habitat region.

图 4 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌多样性特征

Fig.4 Soil bacterial diversity characteristics of *Phragmites australis* rhizosphere in Lhalu Wetland

大;下部分群落结构相对复杂,放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门占比上升。通过 Bray-Curtis 距离使用 PCoA 分析(图 6A),第一和第二主坐标分别解释 23.50%、11.19% 的变异度,图中西部区域(XB)和施工区域(SG)、居住区域(JZ)有部分交叉,表明区域间细菌群落存在相似性;栖息区域(QX)与居住区域(JZ)、西部区域(XB)相对独立,反映 3 个区域中的细菌群落结构差异较大。基于 Bray-Curtis

距离矩阵的非度量多维尺度分析 NMDS(图 6B)显示,4 个区域的根际细菌群落呈现空间异质性。进一步采用 ANOSIM 相似性分析($R=0.645, P=0.001$)与 Adonis 置换多元方差分析($R^2=0.315, P=0.001$)共同证实:组间差异大于组内差异,区域间细菌群落结构存在极显著差异($P < 0.001$)。整体看来,拉鲁湿地各采样地芦苇根际土壤细菌群落结构相似度较高,但区域间仍存在显著分化。

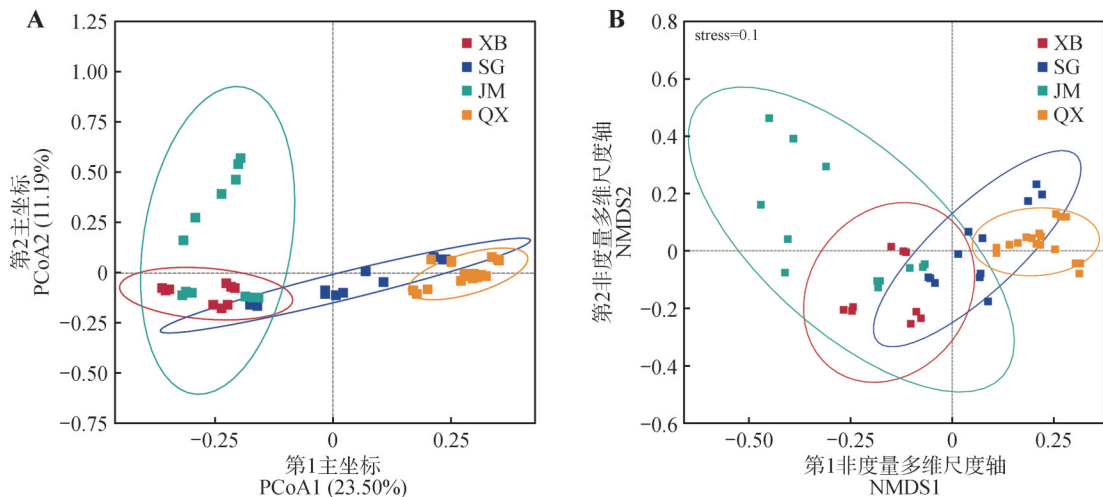


纵坐标中T1~T17代表17个不同的样地。

The y-axis(T1-T17) represented the 17 sampling sites.

图5 基于加权Unifrac距离矩阵进行UPGMA层次聚类分析

Fig.5 UPGMA hierarchical clustering analysis based on weighted Unifrac distance matrix



A. 基于 Bray-Curtis 距离的芦苇根际土壤细菌的主坐标分析(PCoA); B. 土壤细菌群落结构在不同区域的非度量多维尺度(NMDS)分析; 不同颜色的样本点及围绕在点群外围的椭圆, 分别代表不同的分组。XB. 西部区域; SG. 施工区域; JZ. 居住区域; QX. 栖息区域

A. Principal Coordinate Analysis (PCoA) of bacterial communities in the rhizosphere soil of *Phragmites australis* based on Bray-Curtis distance; B. Non-metric Multidimensional Scaling (NMDS) analysis of soil bacterial community structure in different regions. Different groups were represented by the colors of the sample points and the corresponding ellipses. XB. Western region; SG. Construction region; JZ. Residential region; QX. Habitat region.

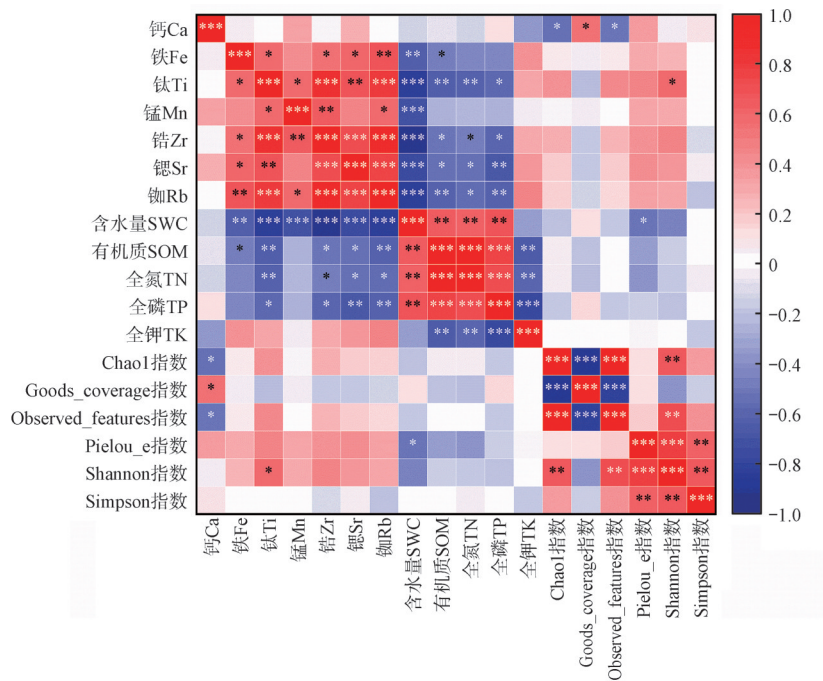
图6 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落β多样性分析

Fig.6 β-diversity analysis of bacterial communities in the rhizosphere soil of *Phragmites australis* in Lhalu Wetland

2.5 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌多样性与环境因子的相关性分析

热图分析结果显示(图7), 土壤元素中除Ca与其他元素之间无显著相关性外, Fe、Ti、Mn、Zr、Sr、Rb之间均存在不同程度的正相关。SWC与Fe、Ti、Mn、Zr、Sr、Rb元素均呈极显著负相关($P < 0.001$), 而与SOM、TN和TP则极显著正相关($P < 0.001$), 且均与TK呈极显著负相关。此外, Ti与TP呈显著负相关($P < 0.05$); Zr、Sr和Rb与SOM、TN、TP三者均呈显著负相关。Chao1指数与Ob-

served_features指数呈极显著正相关($P < 0.001$), 二者均与Goods_coverage指数呈极显著负相关($P < 0.001$)。Pielou_e指数与Shannon指数呈极显著正相关($P < 0.001$), 与Simpson指数呈显著正相关($P < 0.01$)。Ca与Chao1、Observed_features指数呈显著负相关($P < 0.05$), 与Goods_coverage指数呈显著正相关($P < 0.05$); SWC与Pielou_e指数呈显著负相关($P < 0.05$), 表明SWC对群落均匀度产生显著影响; Ti与Shannon指数显著正相关($P < 0.05$), 表明其在调控群落多样性方面具有重要作用。



*.P<0.05; **.P<0.01; ***.P<0.001.

图7 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌多样性指数与土壤环境因子Spearman相关关系

Fig.7 Spearman correlation between bacterial diversity indices and environmental factors in the rhizosphere soil of *Phragmites australis* in Lhalu Wetland

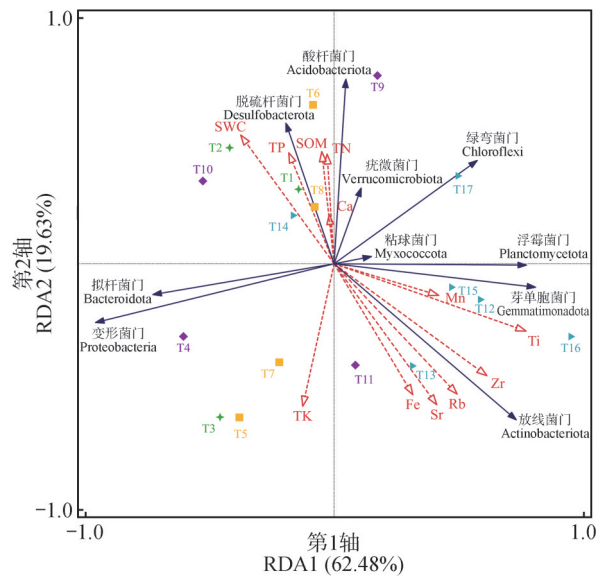
2.6 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落与环境因子的RDA分析

采用冗余分析(图8)解析土壤环境因子与相对丰度前10的优势菌门之间的驱动-响应关系。结果显示,第1和第2轴对细菌群落结构变化的贡献率分别为62.48%和19.63%,两者共同解释了拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落结构变化的82.11%。其中Ti和TK具有较高的解释率(表5),分别为39.10%和21.00%,且P均为0.002,表明Ti和TK是驱动拉鲁湿地芦苇根际细菌群落的核心环境因子;TP、TN和Sr三者的P均小于0.05,也具有显著影响。

3 讨论

3.1 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落多样性特征

不同环境条件下的细菌群落多样性存在差异。4个区域中,Chao1和Observed_features指数呈极显著正相关(P<0.001),物种丰富度由大到小依次为居住区域(JZ)>栖息区域(QX)>施工区域(SG)>西部区域(XB)。居住区域(JZ)中SOM、TN、SWC含量均高于其他区域,因而具有较高的物种丰富度,有助于维持群落稳定性;这与钟文辉和蔡



图中相同颜色代表同一组。Ca. 钙; Fe. 铁; Ti. 钛; Mn. 锰; Zr. 锆; Sr. 锶; Rb. 铷; SWC. 含水量; SOM. 有机质; TN. 全氮; TP. 全磷; TK. 全钾。
The same color in the figure indicated the same group. Ca. Calcium; Fe. Iron; Ti. Titanium; Mn. Manganese; Zr. Zirconium; Sr. Strontium; Rb. Rubidium; SWC. Soil water content; SOM. Soil organic matter; TN. Total nitrogen; TP. Total phosphorus; TK. Total potassium.
图8 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落与环境因子的相关性分析

Fig.8 Correlation analysis between bacterial communities and environmental factors in the rhizosphere soil of *Phragmites australis* in Lhalu Wetland

表5 拉鲁湿地芦苇根际土壤环境因子与细菌群落相关性
Table 5 Correlation analysis of environmental factors and bacterial community composition in the rhizosphere soil of *Phragmites australis* in Lhalu Wetland

环境因子 Environmental factor	解释率 Explanation rate/%	贡献率 Contribution rate/%	伪F值 Pseudo-F	显著性 P
Ti	39.1	41.1	9.6	0.002
TK	21.0	22.1	7.4	0.002
TP	5.1	5.4	3.3	0.016
TN	6.9	7.2	2.7	0.032
Sr	6.6	7.0	3.0	0.036
Mn	4.3	4.5	2.1	0.076
Ca	3.0	3.2	2.2	0.112
Fe	2.1	2.2	2.0	0.130
SOM	2.4	2.5	1.9	0.158
SWC	3.0	3.2	1.6	0.200
Zr	1.1	1.1	1.0	0.460
Rb	0.5	0.6	0.4	0.746

祖聪^[16]关于微生物多样性与土壤有机质含量关系密切的研究结果一致。Pielou_e和Simpson指数在不同区域间无显著差异,表明拉鲁湿地不同区域芦苇根际细菌群落分布均匀度相似,且核心优势种地位稳定。

在门分类层级中,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门在17个样地中均占据主导地位,共同构成了本研究中的核心优势菌门;该结果与张玲豫等^[17]在河西走廊湿地芦苇根际微生物优势菌群的研究结论吻合,体现了不同区域湿地芦苇根际微生物群落结构的保守性与相似性。除上述三大优势菌门外,拟杆菌门和绿弯菌门在各样本中也呈现广泛分布特征,与长江口^[18]、北部湾^[19]、珠江三角洲^[20]、九龙江口^[21]、黄河三角洲^[22]等湿地土壤微生物优势菌群的研究结果趋同,进一步揭示了湿地生态系统中植被根际微生物群落组成的普遍性规律,表明不同地理区域的湿地生境可能对根际微生物群落的构建具有相似的选择性压力。在高寒湿地及其演替类型中,变形菌门是主要的优势细菌门类群,本研究与李金业等^[22]、李玉倩等^[23]及赵定蓉等^[24]研究结果一致,进一步证实变形菌门是湿地植被根际微生物群落的关键组成^[25]。

在属分类水平下,不同样地根际细菌群落组成存在显著差异。鞘氨醇单胞菌属为优势菌属,其广泛生态分布及强适应性可归因于它们进化出

的代谢策略——能在寡营养环境中持续生存繁衍^[26];其次是黄杆菌属和*Ellin6067*。齐雅柯^[27]对河西走廊湿地芦苇根际细菌的研究表明,相对丰度前3的属为类诺卡氏菌属、鞘氨醇单胞菌属和链霉菌属。这种差异可能与地区气候、海拔等环境因素导致的土壤微生物环境差异有关;不同的土壤生境塑造了特定的微生物群落组成,而微生物群落间的互作关系又进一步影响其结构特征^[28]。

3.2 拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落与环境因子间的关系

本研究通过冗余分析和热图分析揭示,Ti和TK是驱动拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落结构变化的2个重要环境因子。其中,Ti和TK贡献率最高且统计显著性最强($P < 0.002$),表明二者是该生态系统中细菌群落组装的核心驱动力。TP、TN和Sr同样有显著影响,但其解释率远低于Ti和TK。Ti的驱动作用主要体现在非生物环境筛选上。热图分析显示,Ti与其他金属元素之间均呈现极显著正相关($P < 0.001$),表明它们可能存在相同来源,这与白永飞等^[7]在拉鲁湿地芦苇不同部位金属元素富集规律研究中得出的结论一致。青藏高原有着较强的物理风化和独特的地质历史背景^[29],本研究推测风化产物通过水流、冰川等搬运途径在湿地中沉积,形成了本研究区域高钛、高金属元素含量的土壤环境。这种环境筛选出了一批具备抗逆特性的细菌类群,包括放线菌门、芽孢杆菌门、浮霉菌门和绿弯菌门。在本研究中,放线菌门能够在Ti等多种元素环境中富集,可能得益于其作为革兰氏阳性菌的细胞壁结构。其细胞壁含有厚层的肽聚糖和带负电的磷壁酸,可通过静电作用吸附金属阳离子(如 Ti^{4+})。此外,许多放线菌孢子的疏水性外壁可能在一定程度上物理阻隔了金属离子的渗透,这些特性可能共同促使它们在高金属离子浓度环境中占据优势^[30-31]。芽孢杆菌门通常能形成芽孢,对多种环境胁迫具有较强的抵抗能力;绿弯菌门以光能异养代谢为特征,其独特的3-羟基丙酸双循环光合途径使其在拉鲁湿地高海拔、强日照的独特光照条件下具备能量获取优势^[32]。TK的驱动作用则更多反映了生物互作过程。K是植物生长的必需元素,芦苇作为湿地优势植物,其生长状况和根系分泌物会强烈调节根际K循环,从而选择特定的细菌类群。与TK显著正相关的菌门包括变形菌门和拟杆菌门等。变

形菌门作为典型的富营养型细菌,能快速利用根系分泌的有机物质,适应养分相对丰富的根际微区;拟杆菌门在本研究与SOM含量呈正相关,该门细菌擅长降解复杂有机物,在湿地碳循环中扮演关键角色^[33]。

RDA结果清晰地展示了群落结构分异的2个部分,形成了天然的对照:第一部分主要由Ti、Sr等金属元素驱动,塑造了以放线菌、芽孢杆菌、绿弯菌为代表的寡营养型群落。Ti与Shannon多样性指数呈显著正相关($P < 0.05$),暗示适度的金属元素压力可能抑制了某些优势菌群的过度生长,反而维持了较高的群落多样性。第二部分主要由SWC、TP、SOM、TN等因素驱动,富集酸杆菌门、脱硫菌门、疣微菌门等菌群,这些菌群多依赖有机质分解获取碳源,富养分生境为其提供充足代谢底物^[34]。酸杆菌门与SOM负相关,据研究^[35]发现其属于厌氧菌群,偏好潮湿、低氧生境,但通过胞外多糖合成与补偿溶质积累的机制,具备适应干旱环境的能力^[36],这解释了其在拉鲁湿地(高海拔、长日照)土壤中高丰度的现象;脱硫菌门、疣微菌门与TP、SWC呈正相关关系,这与解维俊等^[37]研究结果一致,表明高水分条件带来的厌氧环境及充足的磷营养,为其进行硫酸盐还原等厌氧呼吸过程提供了必要条件^[38]。

本研究的主要局限性在于样本均来源于拉鲁湿地单一植被类型(芦苇)的根际,未来研究可拓展至不同植被类型或非根际土壤,以验证上述驱动因子的普适性。此外,本研究主要揭示了拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落的多样性及与其与环境因子的相关性,对于Ti、TK影响具体微生物的机理(如Ti离子的微生物耐受/转化机制,钾循环如何调控特定菌株的基因表达)仍有待通过宏基因组学、培养组学等技术进行深入探究。

4 结论

本研究以西藏拉鲁湿地芦苇根际土壤为研究对象,通过高通量测序及生态统计分析,阐明了西藏拉鲁湿地芦苇土壤根际细菌群落组成、多样性分布特征及其对环境因子的响应。通过16S rDNA高通量测序技术,对拉鲁湿地17个样地芦苇根际土壤进行分析,发现变形菌门、放线菌门、酸杆菌门为主要优势菌门,鞘氨醇单胞菌属为主要优势属。相关性分析显示,拉鲁湿地芦苇根际土壤群

落结构和多样性受到多种环境因子的影响,Ti和TK是驱动该湿地微生物群落结构变化的核心力量。以上工作完善了对西藏拉鲁湿地芦苇根际土壤细菌群落结构认知,揭示了拉鲁湿地芦苇根际细菌群落的生态格局与维持机制,并为今后开展拉鲁湿地微生物生态修复提供理论基础。

参 考 文 献

- [1] 道日娜,张英,李希来,等.高寒湿地演替过程对土壤细菌多样性的影响[J].环境科学,2025,46(3):1897-1904. DAO R N, ZHANG Y, LI X L, *et al.* Impact of alpine wetland succession to soil bacterial diversity [J]. Environmental Science, 2025, 46(3): 1897-1904.
- [2] 秦卫华,李中林,楚克林.拉萨的“城市之肺”:拉鲁湿地国家级自然保护区[J].生命世界,2022(7):4-19. QIN W H, LI Z L, CHU K L. Lhasa's "lung of the city": Lhalu Wetland National Nature Reserve [J]. Life World, 2022(7): 4-19.
- [3] 陈黎明,陈炼钢,李褪来,等.城市湿地公园生态补水调度方案对比分析[J].水资源保护,2022,38(6):162-167. CHEN L M, CHEN L G, LI T L, *et al.* Comparative analysis of operation schemes for ecological water supply in urban wetland park [J]. Water Resources Protection, 2022, 38(6): 162-167.
- [4] 巴桑,黄香,普布,等.拉鲁湿地肉鞭虫群落特征及其水环境评价[J].湿地科学,2014,12(2):182-191. BA S, HANG X, PU B, *et al.* Community characteristics of sarcodines and flagellates and water environment evaluation in Lhalu Wetlands [J]. Wetland Science, 2014, 12(2): 182-191.
- [5] 刘晓曼,庄大方,屈冉,等.基于遥感数据的1989-2009年拉鲁湿地变化研究[J].湿地科学,2013,11(4):433-437. LIU X M, ZHUANG D F, QU R, *et al.* Change of Lhalu Wetlands from 1989 to 2009 based on remote sensing data [J]. Wetland Science, 2013, 11(4): 433-437.
- [6] 王佳俊,田瀚鑫,周磊,等.拉鲁湿地水生植物群落多样性与水环境因子的关系[J].环境科学,2020,41(4):1657-1665. WANG J J, TIAN H X, ZHOU L, *et al.* Relationship between diversity of aquatic plant communities and water environmental factors in Lhalu Wetland [J]. Environmental Science, 2020, 41(4): 1657-1665.
- [7] 白永飞,吕学斌,吴坚扎西,等.拉鲁湿地芦苇不同部位金属元素富集规律研究[J].环境监测管理与技术,2019,31(2):35-39. BAI Y F, LÜ X B, WU J Z X, *et al.* Study on the enrichment of metallic element in different parts of *Phragmites*

- australis* in Lhalu Wetland[J]. The Administration and Technique of Environmental Monitoring, 2019, 31(2): 35-39.
- [8] WANG D L, BAI Y H, QU J H, *et al.* The *Phragmites* root-inhabiting microbiome: a critical review on its composition and environmental application[J]. Engineering, 2022, 9(2): 42-50.
- [9] 陈孝杨, 王芳, 严家平, 等. 覆土厚度对矿区复垦土壤呼吸昼夜变化的影响[J]. 中国矿业大学学报, 2016, 45(1): 163-169.
- CHEN X Y, WANG F, YAN J P, *et al.* Effect of coversoil thickness on diurnal variation characteristics of reclaimed soil respiration in coal mining areas[J]. Journal of China University of Mining & Technology, 2016, 45(1): 163-169.
- [10] 肖博文. 气候变化下高寒草地土壤微生物群落结构变化及季节动态[D]. 兰州: 兰州大学, 2022.
- XIAO B W. Changes in soil microbial community structure and its seasonal dynamics in an alpine grassland under climate change[D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2022.
- [11] 安丽芸, 李君剑, 严俊霞, 等. 微生物多样性对土壤碳代谢特征的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(10): 4420-4426.
- AN L Y, LI J J, YAN J X, *et al.* Effects of microbial diversity on soil carbon mineralization[J]. Environmental Science, 2017, 38(10): 4420-4426.
- [12] 周生灵, 杨乐, 刘善思, 等. 西藏拉鲁湿地自然保护区鸟类群落季节动态[J]. 生物学杂志, 2020, 37(4): 66-71.
- ZHOU S L, YANG L, LIU S S, *et al.* Seasonal dynamics of bird community in Lhalu Wetland National Nature Reserve, Tibet, China[J]. Journal of Biology, 2020, 37(4): 66-71.
- [13] 李伟, 孙晶, 熊健, 等. 西藏拉鲁湿地表层土壤重金属分布特征和风险评估[J]. 环境科学与技术, 2023, 46(1): 92-100.
- LI W, SUN J, XIONG J, *et al.* Distribution characteristics and risk assessment of heavy metals in the surface soil of Lhalu Wetland, Xizang [J]. Environmental Science & Technology, 2023, 46(1): 92-100.
- [14] 刘洋, 张艳秋, 宋文涛, 等. 西藏拉鲁湿地浮游植物优势种时空动态及其生态适应性[J]. 湖泊科学, 2024, 36(6): 1864-1878.
- LIU Y, ZHANG Y Q, SONG W T, *et al.* The spatio-temporal dynamics and ecological adaptability of dominant phytoplankton species in Lhalu Wetland, Xizang, China[J]. Journal of Lake Sciences, 2024, 36(6): 1864-1878.
- [15] 杨方典, 张鹏, 罗帅, 等. 基于宏基因组的西藏拉鲁湿地原生生物多样性研究[J]. 水生态学杂志, 2025, 46(1): 81-89.
- YANG F D, ZHANG P, LUO S, *et al.* Protist diversity in the Lhalu Wetland of Tibet based on metagenomic sequencing[J]. Journal of Hydroecology, 2025, 46(1): 81-89.
- [16] 钟文辉, 蔡祖聪. 土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展[J]. 生物多样性, 2004, 12(4): 456-465.
- ZHONG W H, CAI Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity: a review[J]. Biodiversity Science, 2004, 12(4): 456-465.
- [17] 张玲豫, 齐雅柯, 焦健, 等. 河西走廊沙地芦苇(*Phragmites australis*)根际土壤微生物群落多样性[J]. 中国沙漠, 2021, 41(6): 1-9.
- ZHANG L Y, QI Y K, JIAO J, *et al.* Microbial community diversity of reed rhizosphere soil in different sandy land habitats of Hexi Corridor, Gansu, China[J]. Journal of Desert Research, 2021, 41(6): 1-9.
- [18] 张鑫磊, 金锐, 杨镇, 等. 长江口崇明东滩湿地微生物群落结构研究[J]. 土壤通报, 2019, 50(5): 1178-1184.
- ZHANG X L, JIN R, YANG Z, *et al.* Microbial community structure in the Chongming eastern wetland of the Yangtze estuary [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2019, 50(5): 1178-1184.
- [19] 赵华显, 阎冰, 徐悦, 等. 北部湾红树林沉积物中微生物群落结构的时空变化分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, 39(5): 2161-2169.
- ZHAO H X, YAN B, XU Y, *et al.* Spatiotemporal analysis of microbial community structure in the mangrove sediments in Beibu Gulf[J]. Genomics and Applied Biology, 2020, 39(5): 2161-2169.
- [20] 孟妍君, 秦鹏. 珠江三角洲滨海湿地土壤微生物群落多样性与养分的耦合关系[J]. 水土保持研究, 2020, 27(6): 77-84.
- MENG Y J, QING P. Coupling relationship between microbial community diversity and soil nutrients in different wetlands in coastal area of Pearl River Delta[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2020, 27(6): 77-84.
- [21] 唐旖. 九龙江口及台湾海峡沉积物中细菌和古菌群落结构分析[D]. 上海: 上海大学, 2021.
- TANG Y. Community structure analysis of bacteria and archaea in sediments of the Jiulong River Estuary and the Taiwan Strait[D]. Shanghai: Shanghai University, 2021.
- [22] 李金业, 陈庆锋, 李青, 等. 黄河三角洲滨海湿地微生物多样性及其驱动因子[J]. 生态学报, 2021, 41(15): 6103-6114.
- LI J Y, CHEN Q F, LI Q, *et al.* Analysis of microbial diversity and driving factors in coastal wetlands of the Yellow River Delta [J]. Acta Ecologica Sinica, 41(15): 6103-6114.
- [23] 李玉倩, 马俊伟, 高超, 等. 青藏高原高寒湿地春夏两

- 季根际与非根际土壤反硝化速率及 *nirS* 型反硝化细菌群落特征分析[J]. 环境科学, 2021, 42(10): 4959-4967.
- LI Y Q, MA J W, GAO C, *et al.* Denitrification rates and *nirS*-type denitrifying bacteria community structure characteristics of bulk and rhizosphere soil in spring and summer in the alpine wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau [J]. Environmental Science, 2021, 42(10): 4959-4967.
- [24] 赵定蓉, 陆梅, 赵旭燕, 等. 土壤细菌群落对纳帕海高原湿地退化的响应[J]. 浙江农林大学学报, 2024, 41(2): 406-418.
- ZHAO D R, LU M, ZHAO X Y, *et al.* Response of soil bacterial community to wetland degradation in the Napahai Plateau [J]. Journal of Zhejiang A&F University, 2024, 41(2): 406-418.
- [25] ZHANG M Z, DARAZ U, SUN Q Y, *et al.* Denitrifier abundance and community composition linked to denitrification potential in river sediments [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, 28(37): 51928-51939.
- [26] 刘辉, 韦璐璐, 朱龙发, 等. 鞘氨醇单胞菌的研究进展[J]. 微生物学通报, 2023, 50(6): 2738-2752.
- LIU H, WEI L L, ZHU L F, *et al.* Research progress of *Sphingomonas* [J]. Microbiology China, 2023, 50(6): 2738-2752.
- [27] 齐雅柯. 河西走廊不同生态型芦苇异速生长和根际生物多样性研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2023.
- QI Y K. Study on the allometry and rhizosphere microorganism diversity of different ecotypes of *Phragmites australis* in Hexi Corridor [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2023.
- [28] 陈桂鲜, 吴传发, 葛体达, 等. 土壤多功能性对微生物多样性降低的响应[J]. 环境科学, 2022, 43(11): 5274-5285.
- CHEN G X, WU C F, GE T D, *et al.* Response of soil multifunctionality to reduced microbial diversity [J]. Environmental Science, 2022, 43(11): 5274-5285.
- [29] 王建民, 潘保田. 青藏高原东部黄土沉积的基本特征及其环境[J]. 中国沙漠, 1997, 17(4): 395-402.
- WANG J M, PAN B T. Loess deposit in eastern part of Qinghai-Xizang Plateau: its characteristics and environment [J]. Journal of Desert Research, 1997, 17(4): 395-402.
- [30] CHEN L, WANG Z W, DU S, *et al.* Antimicrobial activity and functional genes of actinobacteria from coastal wetland [J]. Current Microbiology, 2021, 78(8): 3058-3067.
- [31] 陈晨, 陈涇, 李彦澄, 等. 贵州典型煤矸石堆场微生物群落结构及功能特征[J]. 微生物学通报, 2023, 50(12): 5300-5319.
- CHEN C, CHEN L, LI Y C, *et al.* Structural and functional characteristics of microbial communities of typical coal gangue dumps in Guizhou Province [J]. Microbiology China, 2023, 50(12): 5300-5319.
- [32] 陈伟, 季秀玲, 孙策, 等. 纳帕海高原湿地土壤细菌群落多样性初步研究[J]. 中国微生态学杂志, 2015, 27(10): 1117-1123.
- CHEN W, JI X L, SUN C, *et al.* Preliminary study on diversity of bacteria community in Napahai Plateau wetland [J]. Chinese Journal of Microecology, 2015, 27(10): 1117-1123.
- [33] BAUER M, KUBE M, TEELING H, *et al.* Whole genome analysis of the marine Bacteroidetes '*Gramella forsetii*' reveals adaptations to degradation of polymeric organic matter [J]. Environmental Microbiology, 2006, 8(12): 2201-2213.
- [34] 支君, 段文标, 高明, 等. 土地利用方式对土壤细菌群落结构和功能的影响[J]. 植物研究, 2025, 45(1): 22-33.
- ZHI J, DUAN W B, GAO M, *et al.* Impact of land use patterns on the structure and function of soil bacterial communities [J]. Bulletin of Botanical Research, 2025, 45(1): 22-33.
- [35] COLUCCIA M, BESAURY L. Acidobacteria members harbour an abundant and diverse carbohydrate-active enzymes (cazyme) and secreted proteasome repertoire, key factors for potential efficient biomass degradation [J]. Molecular Genetics and Genomics, 2023, 298(5): 1135-1154.
- [36] ZEGLIN L H, DAHM C N, BARRETT J E, *et al.* Bacterial community structure along moisture gradients in the parafluvial sediments of two ephemeral desert streams [J]. Microbial Ecology, 2011, 61(3): 543-556.
- [37] 解维俊, 赵玉庭, 刘元进, 等. 大钦岛不同养殖年限深水网箱沉积物微生物群落结构分析[J]. 海洋科学, 2022, 46(12): 31-40.
- XIE W J, ZHAO Y T, LIU Y J, *et al.* Analysis of the microbial community structure of deep-water net tank sediments of Daqin Island at different culture years [J]. Marine Sciences, 2022, 46(12): 31-40.
- [38] 赵玉卉, 路等学, 金辉, 等. 甘肃省野生羊肚菌根际细菌群落与土壤环境因子相关性研究[J]. 微生物学通报, 2022, 49(2): 514-528.
- ZHAO Y H, LU D X, JIN H, *et al.* Relationship between the bacterial community and environmental factors in the rhizosphere soil of wild morels in Gansu [J]. Microbiology China, 2022, 49(2): 514-528.