

DOI:10.7522/j.issn.1000-0240.2023.0019

MENG Huadanshang, XUE Zhao, GUO Xiaofang, et al. Structure of bacterioplanktonic community and ecological function prediction in coastal surface water of Nam Co lake, Tibet[J]. Journal of Glaciology and Geocryology, 2023, 45(1):254-266. [孟华旦尚, 薛翌, 郭小芳, 等. 西藏纳木错沿岸表层水体浮游细菌群落结构及生态功能预测[J]. 冰川冻土, 2023, 45(1):254-266.]

西藏纳木错沿岸表层水体浮游细菌群落结构及生态功能预测

孟华旦尚, 薛 翌, 郭小芳, 德 吉

(西藏大学 理学院, 西藏 拉萨 850000)

摘 要: 浮游细菌群落对高原湖泊变化具有高度响应性,并且会影响高原湖泊生境的地球化学平衡。因此,了解高原湖泊中浮游细菌群落的分布特征,阐明其在高原湖泊生态系统中的生态功能具有重要科学意义。2021年5月对纳木错沿岸浮游细菌群落分布特征进行了调查研究,并采用16S rDNA高通量测序技术对样品进行分析,通过 α -多样性指数分析浮游细菌群落的差异性,通过共现网络分析浮游细菌群落之间的相互作用,利用Pearson相关系数衡量理化因子与 α -多样性指数的相关性,采用冗余分析(RDA)探讨水体理化因子对浮游细菌群落结构的影响,并基于PICRUST2对纳木错浮游细菌进行功能预测。结果表明:浮游细菌群落主要由变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝细菌门(Cyanobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)组成,其中变形菌门相对丰度最高,主要包括 γ -变形菌纲(Gamma-proteobacteria)和 α -变形菌纲(Alpha-proteobacteria);噬氢菌属(*Hydrogenophaga*)和嗜冷菌属(*Algoriphagus*)为相对优势菌属。 α -多样性指数表明,纳木错浮游细菌群落比较丰富。共现网络节点间关系以正相关为主;总溶解固体量(TDS)和盐度(Sal)是影响纳木错浮游细菌群落结构的关键因子。功能预测结果显示,纳木错浮游细菌群落功能主要涉及代谢、遗传信息处理、环境信息处理等6类生物代谢通路,以及膜运输、氨基酸代谢、碳水化合物代谢等46个子功能。综上所述,纳木错浮游细菌群落结构在各样点间存在一定差异,浮游细菌在门级水平上类群间相互作用主要为协同作用,其群落结构是多个因子共同作用的结果。研究阐明了纳木错浮游细菌群落组成和功能及其与环境因子的相互联系,可为当地生态环境保护提供科学依据。

关键词: 纳木错; 浮游细菌; 群落结构; 生态功能

中图分类号: Q938.8 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-0240(2023)01-0254-13

0 引言

自然生态系统是动植物和微生物的“蓄水池”,其内部的生物与水生态系统相互依存、相互联系^[1-2]。其中,微生物是地球上分布最广、代谢效率高、适应性强的古老生物群体,它们在生物界发挥着极其重要的作用,是健康的水生态系统的基础^[3]。在全球范围内,湖泊是水生生态系统的重要组成部分

分,总面积约为 $2.0587 \times 10^6 \text{ km}^2$,占全球大陆面积的1.5%,总水量约为 $1.764 \times 10^5 \text{ km}^3$ ^[1]。湖泊作为生命的基本生活环境之一,影响着自然生态系统的结构^[2]。在湖泊微生物当中,浮游细菌作为其重要的组成部分,在湖泊水体中物质能量循环和信息传递以及地球化学循环中发挥着重要的作用^[4]。浮游细菌群落结构在湖泊生态系统中高度可变,浮游细菌群落对湖泊水体中环境因子的变化也较为敏感^[5]。

收稿日期: 2022-05-24; 修订日期: 2022-10-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(31960024); 2019年中央支持地方高校改革发展资金项目(藏财预指[2019]01号); 西藏大学研究生高水平人才培养计划项目(2020-GSP-S045)资助

作者简介: 孟华旦尚,硕士研究生,主要从事微生物学研究. E-mail: 2209764870@qq.com

通信作者: 郭小芳,教授,主要从事微生物生态学研究. E-mail: gxf005@Hotmail.com; 德吉,高级实验师,主要从事微生物生态学研究. E-mail: dg971103@163.com

湖泊中有机物的浓度和类型、食物网的组成和浮游细菌间的相互作用等均对浮游细菌的群落组成有影响^[6-7]。因此,研究湖泊中浮游细菌群落的分布格局及外界环境因素对其的驱动机制对了解和完善湖泊中浮游细菌群落的生态过程有十分重要的意义。

目前,对于湖泊中浮游细菌群落特征及其与环境因子相互关系的研究已广泛开展。如Shang等^[3]探索呼伦湖不同季节水体细菌群落及其影响因素,得出浮游细菌群落在淡水生态系统水质调控和生物地球化学循环中起着重要作用。Corno等^[8]通过研究URV(紫外线)对Andean湖泊水体环境的影响,进而得出紫外线对其中浮游细菌群落结构有影响。靳燕等^[9]研究了浮游细菌集合群落中核心分类操作单元和特有分类操作单元是否具有相同的环境选择模式这一问题,发现核心分类操作单元和特有分类操作单元的环境选择模式具有较大差异。部分学者^[10-13]对水体中以及沉积物中的浮游细菌群落结构特征及影响因素进行了分析,结果显示,不同的环境因子,如pH、溶解氧含量(DO)、化学需氧量(COD)、营养元素(如总磷TP、总氮TN)等,对浮游细菌群落结构影响较大。然而,相对于这些研究区域,中国青藏高原有全国最大的湖泊群,面积占全国湖泊面积的45%以上,青藏高原具有温度低、养分利用率低、远离人为干扰等特点,这些特征使这个区域的湖泊成为研究区域和全球尺度上浮游细菌分布模式的独特自然实验室^[14]。近年来,对于青藏高原湖泊浮游细菌的研究也逐渐增多,刘桦聪^[15]、邓阳等^[16]、李明等^[17]分别采用纯培养和免培养等方法对青藏高原上湖泊细菌种群结构多样性进行了研究,发现在青藏高原上湖泊中有大量的细菌群落。刘晓波等^[18]、Liu等^[19]分析了纳木错表层水体细菌的丰度,发现细菌丰度与叶绿素a(chla)浓度呈显著相关。因此,在有重要生态环境意义的高原湖泊开展浮游细菌结构变化研究,可为不同气候条件下的湖泊水体生态系统演变对比提供基础数据,可为深入探讨全球生态环境演变提供理论基础^[20]。

基于以上分析,本文以青藏高原湖泊纳木错作为研究对象,于2021年在纳木错沿岸进行样品的采集,结合样品理化指标参数的测试,通过16S rDNA扩增子测序分析技术^[21],对纳木错沿岸水体浮游细菌群落组成、优势细菌门类进行分析,讨论纳木错

沿岸水体浮游细菌群落结构对水体理化指标参数变化的响应关系,对浮游细菌生态功能进行初步探讨,以实现高原湖泊水体浮游细菌群落组成以及浮游细菌群落对外部环境变化响应过程的分析。

1 研究区概况

青藏高原被称为“第三极”,是地球上最大的高原($2\times 10^6\text{ km}^2$)和最高的高原(平均海拔4 500 m)^[7,22],也是世界上高海拔湖泊数量最多的地区。青藏高原湖泊平均海拔4 000 m以上,总面积为($4\,3151.08\pm 411.49\text{ km}^2$)^[23]。青藏高原湖泊主要以高盐度湖泊和季节性或常年冰盖的层状湖泊为主^[24],且具有出现/消失和扩张/收缩的特征,是气候变化的敏感指标^[23-24]。

纳木错位于青藏高原东南部,属半湿润半干旱地带,有充足的光、热以及水资源,气压比较低,是中国第三大的咸水湖^[18]。湖面海拔4 718 m,面积约1 961 km²,最大水深达120 m以上^[18-19]。纳木错是念青唐古拉山西北侧大型断陷洼地中的构造湖泊,属于内流湖泊^[25]。据计算,每年进入湖泊的冰川融水为 $1.24\times 10^9\text{ m}^3$,降水径流为 $1.345\times 10^{10}\text{ m}^3$ ^[26-27]。

2 材料与方法

2.1 样点设置与样品采集

根据纳木错所处地貌、地形,以及水文特征,于2021年围绕纳木错沿岸共采集20样点的水样,通过全球定位系统(GPS)确定每个样点的经纬度,样点信息如图1所示。据当地地理条件,采用无菌采样器在距离岸边15 m处进行采样,采集水样深度为50 cm,每个采样点采集2份水样,共采集5.0 L。将采集的水样在4℃条件下带回实验室,一份用于理化性质测定,另一份水样定量1.4 L通过0.22 μm混合纤维素膜过滤,滤膜封存于-80℃进行浮游细菌群落结构测定。

2.2 水体理化性质测定

利用便携式多参数水质检测仪现场测定水温(T)、pH、电导率(EC)、盐度(Sal)和总溶解固体量(TDS)。其他指标,如总氮(TN)、总磷(TP)、化学需氧量(COD)和铵态氮(NH_4^+-N)等,送水样至西藏博远科技环境检测有限责任公司进行实验室测定。其中总磷(TP)和总氮(TN)的测定分别是用钼酸铵分光光度法和碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法;铵态氮(NH_4^+-N)用纳氏试剂分光光度法进行测定;

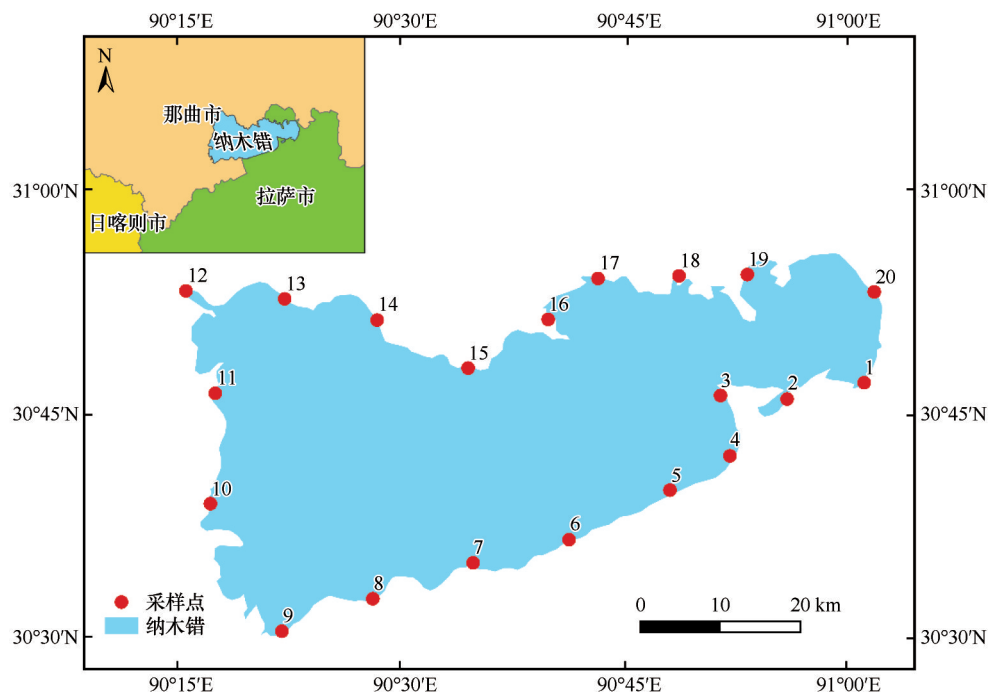


图1 纳木错采样点分布图

Fig. 1 Distribution of sampling sites in Nam Co lake

化学需氧量(COD)采用重铬酸钾法进行测定^[28]。

2.3 DNA提取与PCR扩增

采用SDS法提取基因组DNA,用1%琼脂糖凝胶检测DNA浓度和纯度。对16S rDNA基因的V4高突变区片段进行PCR扩增。引物序列为R:806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')和F:515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')^[28]。PCR反应均使用15 μ L Phusion[®] highfidelity PCR Master Mix (New England Biolabs)进行,步骤为98 $^{\circ}$ C预变性1 min,98 $^{\circ}$ C变性10 s,50 $^{\circ}$ C退火30 s,72 $^{\circ}$ C延伸30 s,一共30个循环。最后在72 $^{\circ}$ C下保温5 min。PCR扩增产物检测利用的是2%琼脂糖凝胶电泳,PCR产物的回收使用Qiagen公司的凝胶回收试剂盒。使用TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample Preparation Kit生成文库,构建好的文库经过Qubit和Q-PCR定量,文库合格后,委托北京诺禾致源科技股份有限公司在NovaSeq 6000平台上进行测序。

2.4 数据处理

首先对原始测序数据进行拼接、除去非特异性片段及杂质,筛选出有效数据,然后对有效数据进行OTU聚类分析和物种分类分析,将具有97%以上相似性的序列归为一类OTU,每一类当中最长的序列为代表序列,最后在QIIME采用Blast对序列进行比对,获得每个OUT所代表的序列的分类信息。使

用QIIME计算Simpson、Shannon、Chao1和ACE等 α -多样性指数,使用R语言程序进行NMDS分析、聚类分析和浮游细菌丰度分析,使用Canoco5对浮游细菌群落进行去趋势对应分析(detrended correspondence analysis, DCA),使用SPSS 22.0和Origin 2021分析浮游细菌群落结构 α -多样性指数和环境因子间的相关性,并结合Gephi(V0.9.2)进行浮游细菌群落共现网络拓扑特征分析,使用PICRUSt2软件预测浮游细菌功能并进行分类。

3 结果与分析

3.1 水体理化性质

纳木错各样点理化指标如图2所示。从图中可以看出,各样点(S1~S20)pH值在9.43~9.77之间,各样点水体呈碱性;6号样点(即S6,图中的编号前加S,下同)水体温度低于16号样点;TDS、EC和Sal三个理化因子变化趋势一致,11号样点最高,6号样点最低;1号样点的COD值最小为17 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,8号样点COD值最大为66 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。从雷达图的聚合程度看,各样点的 NH_4^+-N 和TP间的差异与其他理化因子相比较小,平均值分别为0.27 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和0.03 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$;与各样点TP相比,各样点TN的差异较大,其中13号样点的TN值最小,为0.16 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,17号样点最大,为0.98 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。

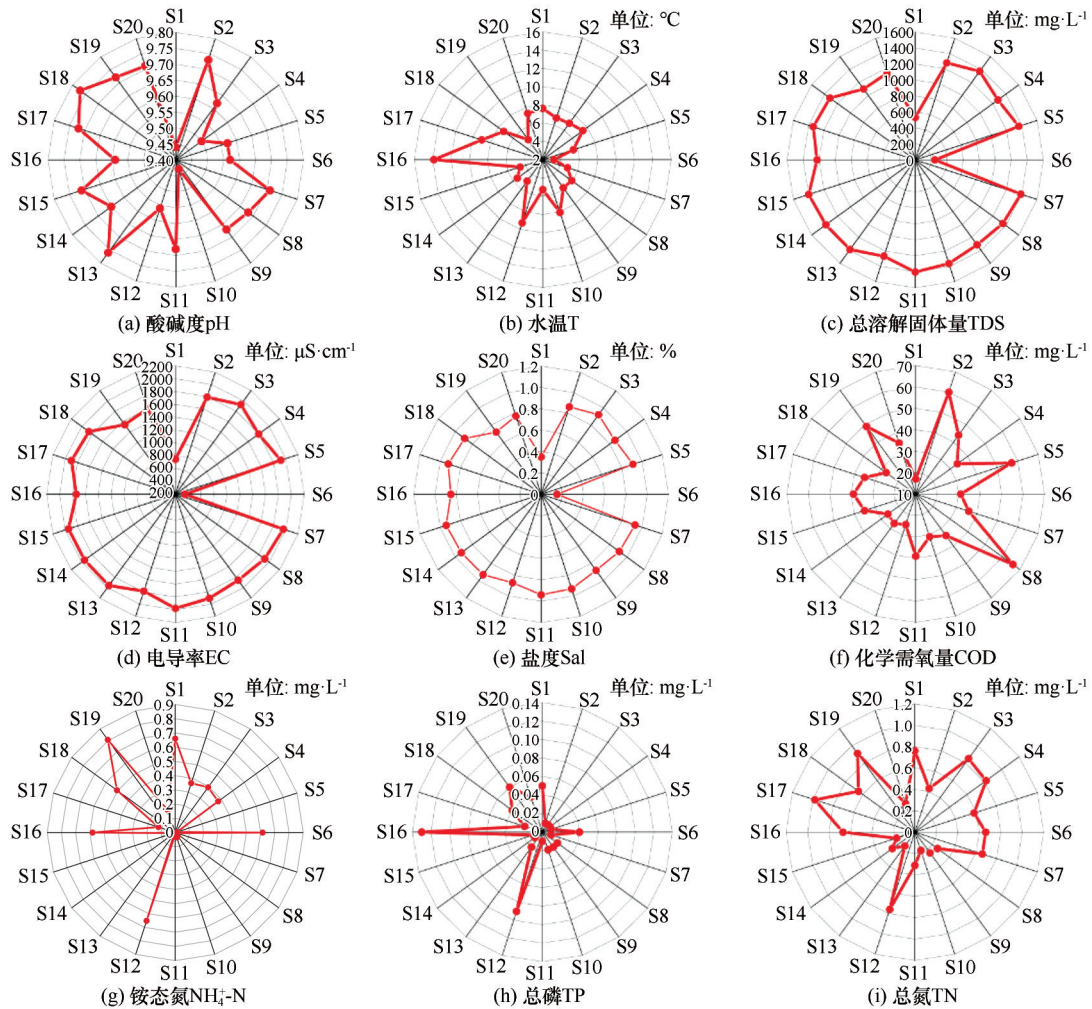


图2 纳木错各样点水体的主要理化参数

Fig. 2 Main physical and chemical properties of water at different sampling sites in Nam Co lake

3.2 浮游细菌群落多样性评估

Shannon 多样性指数和 Simpson 多样性指数(图3)显示,4号和9号样点物种多样性最低,1号和11号采样点物种多样性最高;丰富度指数 Chao1 和 ACE 表明4号和5号样品的物种丰度最低,2号采样点的物种丰度最高。

3.3 浮游细菌多样性的UPGMA与NMDS分析

非度量多维度尺度(NMDS)分析和UPGMA聚类树分析均用来描述样点间浮游细菌群落组成差异。NMDS 根据不同样点包含的浮游细菌群落信息,以点的形式将各样点反映在二维空间上,点与点距离的远近表示各样点间浮游细菌群落的差异。本研究中,20个样点不规则分布在4个区域。从图4(a)看出,1号和6号样点距离其他样点较远,表明1号和6号两个样点的浮游细菌群落组成与其他样点相比差异较大。除1号和6号样点外,可以看出4号和12号样点的横向距离最大,4号样点和16号样点

的纵向距离最大,表明4号样点与12号、16号样点细菌群落组成相似性较低。UPGMA 聚类树分析结果同样证明了上述结论。在UPGMA 聚类分析中,在聚类树右侧为各样点门分类水平丰度排名前10的浮游细菌堆叠柱形图。

3.4 物种组成与差异分析

在本研究中,高通量测序结果显示,浮游细菌共属80门、176纲、333目、474科和685属。对纳木错20个样点门和属水平上相对丰度前15的浮游细菌进行统计,如图5所示。从图5(a)中可以得出,在门水平,相对丰度最高的为变形菌门(Proteobacteria, 54.98%),其次为拟杆菌门(Bacteroidota, 20.00%)、放线菌门(Actinobacteriota, 11.61%)、蓝藻菌门(Cyanobacteriota, 2.74%)和厚壁菌门(Firmicutes, 1.53%)。其余门类别相对丰度1.00%。变形菌门中, γ -变形菌纲(Gamma-proteobacteria, 42.58%)相对丰度最高,其次是 α -变形菌纲(Alpha-

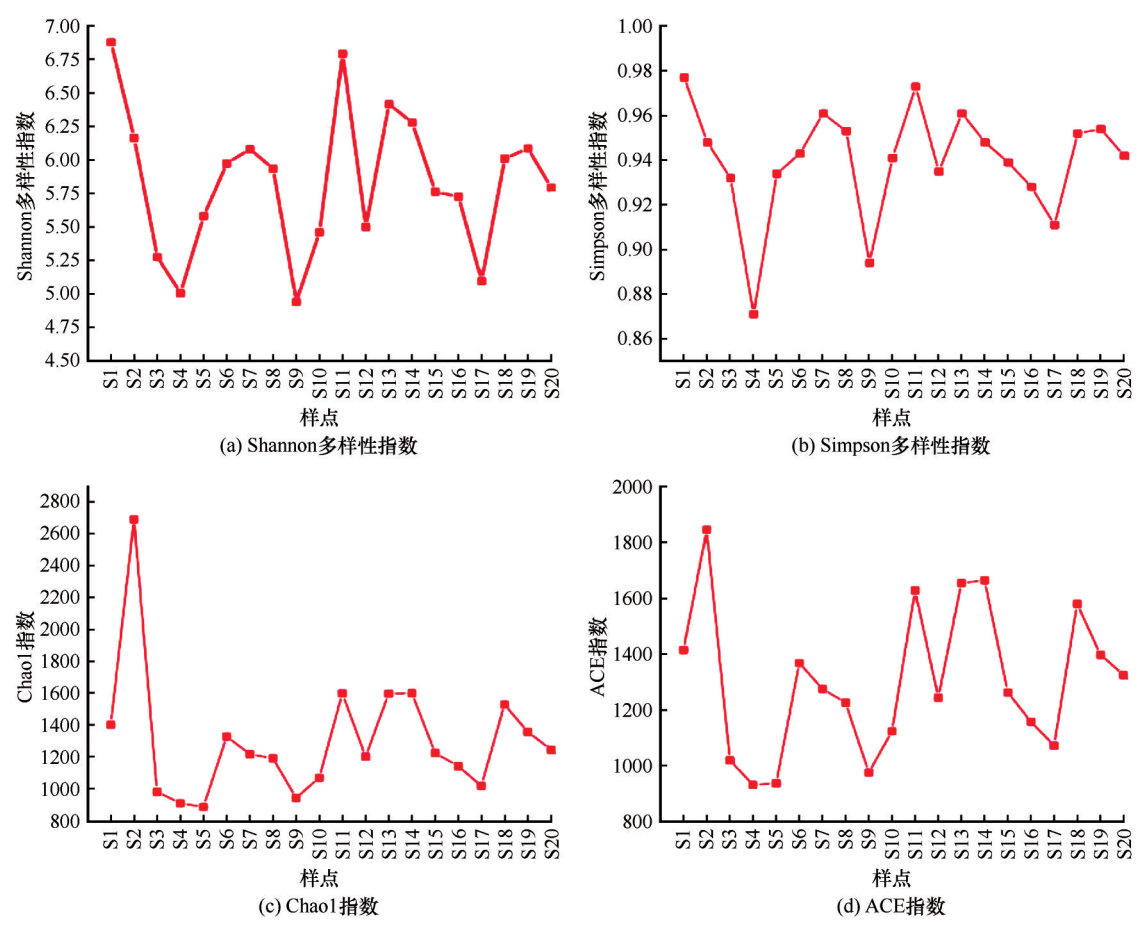


图3 纳木错各样点水体的 α -多样性指数

Fig. 3 The α -diversity indexes of water at different sampling sites in Nam Co lake

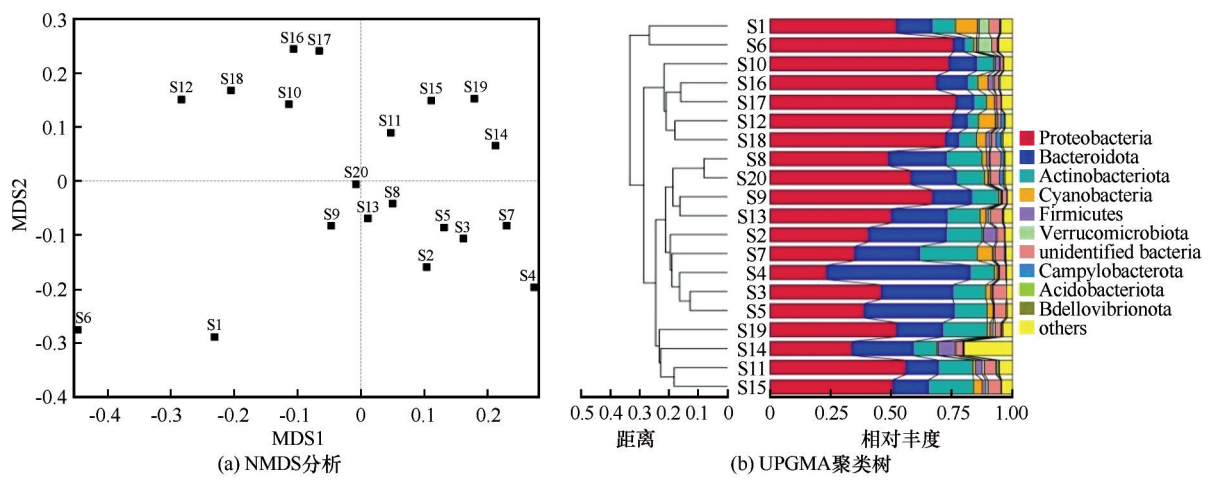


图4 基于Bray-Curtis距离的采样点非度量多维尺度(NMDS)分析(a)和UPGMA聚类树(b)

Fig. 4 Nonmetric multi-dimensional scale (NMDS) analysis (a) and UPGMA clustering tree (b) based on Bray-Curtis dissimilarity between different sampling sites

proteobacteria, 12.36%), β -变形菌纲(Beta-proteobacteria)相对丰度低于1%。变形菌门、拟杆菌门和放线菌门占基因总数的比例为86.59%,是纳木错水体的优势种群。

图5(b)为属水平浮游细菌群落分布,其中噬氢

菌属(*Hydrogenophaga*)和嗜冷菌属(*Algoriphagus*)占比较高,分别为9.51%和9.00%。CL500-29 marine group(4.43%)、hgcl clade(3.79%)、*Commensalibacter* (3.45%)和假单胞菌属(*Pseudomonas*, 3.27%),其他浮游细菌属类相对丰度均小于3%。

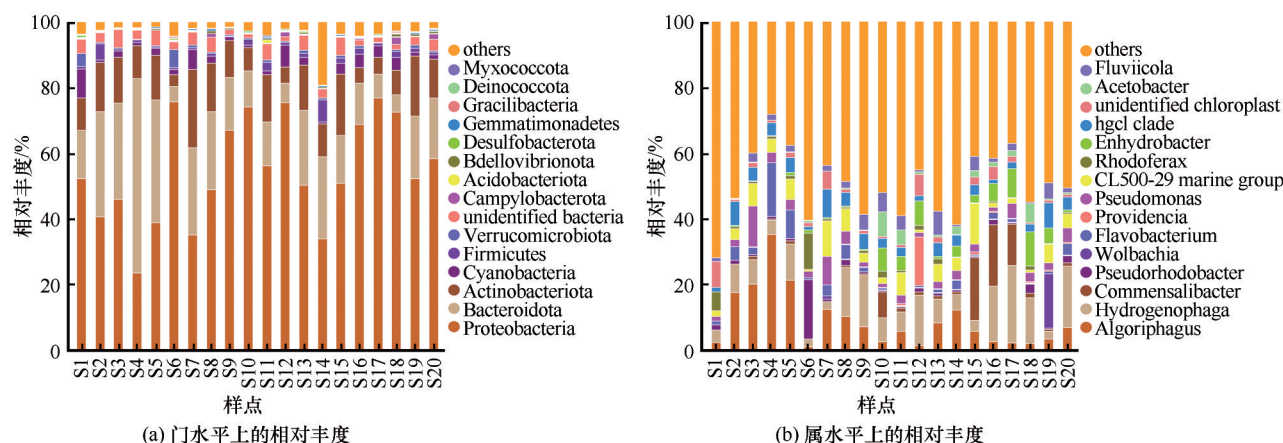


图5 纳木错各样点水体浮游细菌门(a)和属(b)水平上的相对丰度分布

Fig. 5 Relative abundance distribution of bacterioplankton in phylum level (a) and genus level (b) at different sampling sites in Nam Co lake

因此,以上6个菌属在属水平上为优势菌。在不同样点中,噬氢菌属在相对丰度上仍存在较大差异:在17号样点相对丰度为23.62%,而在19号样点仅为2.20%。*Commensalibacter*在15号和16号样点的相对丰度分别达到了19.13%和18.84%,而在1号和6号样点却未被检测出来。*hgcl clade*在各样点分布比较均匀。

图6为根据各样点 OTU 数目制作的多集合维恩图,在图中黑色点表示该样点有数据,点线图表示样点间存在交集,柱状图上的数字表示样点间的

共有物种数,左边柱形图表示各样点的物种数。从图中得出,2号和14号样点共有物种数最多为196;6号和7号、1号和5号、2号和6号以及11号和17号样点间的共有物种数最少为9。11号样点的特有物种数150,在所有样点中最多;5号样点的特有物种数仅有21,在所有样点中最少。

3.5 浮游细菌群落与环境因子相关性分析

通过对纳木错浮游细菌群落 α -多样性指数与环境因子进行Spearman相关性分析显示(图7),pH与丰富度指数Chao1和ACE指数呈显著正相关

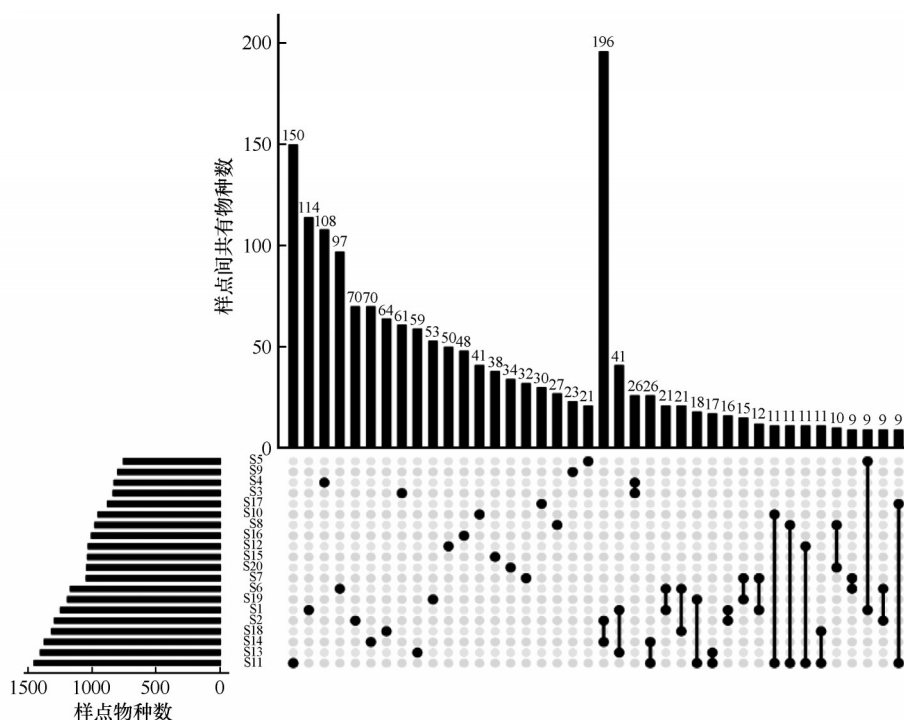


图6 纳木错各样点间浮游细菌种类多集合维恩图

Fig. 6 Multi-set Venn diagram of bacterioplankton on species at different sampling sites in Nam Co lake

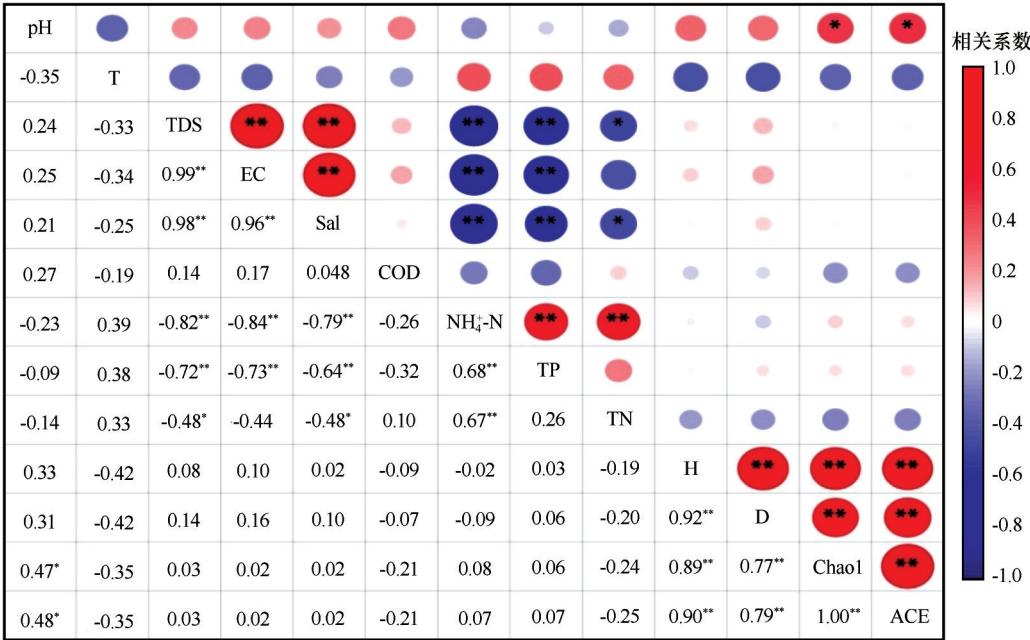


图7 纳木错水体浮游细菌α-多样性指数与理化因子的相关性(H表示 Shannon-Wiener 多样性指数, D表示 Simpson 多样性指数)

Fig. 7 Correlation between bacterioplanktonic α-diversity indexes and physical and chemical factors in Nam Co lake water (H represents Shannon-Wiener diversity index, and D represents Simpson diversity index)

($P<0.05$); TDS 与 EC 和 Sal 呈极显著正相关 ($P<0.01$), 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 与 TN 呈显著负相关 ($P<0.05$); EC 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 但与 Sal 呈极显著正相关 ($P<0.01$); Sal 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 与 TN 呈显著负相关 ($P<0.05$); $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与 TP 和 TN 呈极显著正相关 ($P<0.01$); Shannon-Wiener 多样性指数与 Simpson 多样性指数、chao1 和 ACE 丰富度指数呈极显著正相关 ($P<0.01$); Simpson 多样性指数与 Chao1 和 ACE 丰富度指数呈极显著正相关 ($P<0.01$); Chao1 和 ACE 丰富度指数呈极显著正相关 ($P<0.01$)。T 和 COD 与各个 α-多样性指数和环境因子之间没有相关性。

对纳木错水体浮游细菌群落门水平上物种丰度排名前 10 的物种进行 DCA 分析, 结果排序轴梯度最大值小于 3, 故采用 RDA 分析。利用蒙特卡拟合方法对环境因子进行显著性检验, 通过筛选得出。如图 8 所示, TDS ($F=2.7, P=0.002$)、Sal ($F=3.8, P=0.006$) 为极显著解释性变量, 对群落变异的解释率为分别为 25.5% 和 30.7%。因此 TDS 和 Sal 是影响纳木错水体浮游细菌群落结构的主要环境因子。第一、二排序轴物种-环境累计方差的解释率分别为 47.59% 和 21.00%; 物种-环境因子的相关系数分别为 0.8976 和 0.8373; 前两轴累计

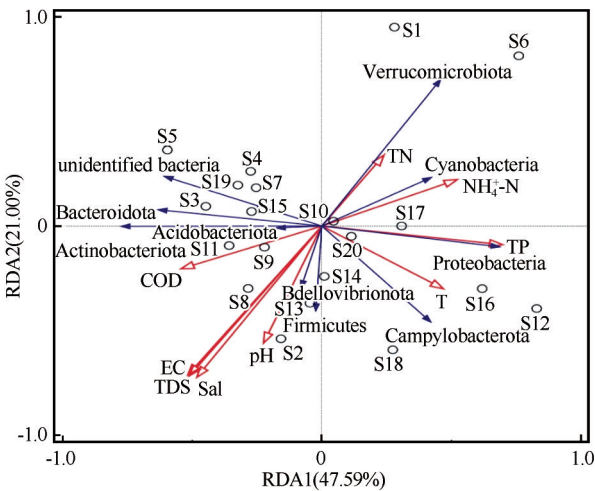


图8 纳木错水体浮游细菌门分类群落与环境因子的冗余分析

Fig. 8 Redundancy analysis of phylum taxonomic community of bacterioplankton and environmental factors in Nam Co lake water

方差为 68.59%; 表明前两轴能较好地反映夏季纳木错沿岸表层水体浮游细菌相对丰度与各环境因子的关系, 且主要由第一排序轴决定。第一排序轴与 TDS 和 Sal 呈负相关; 第二排序轴与 TDS 和 Sal 呈正相关; 放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、浮霉菌门 (Planctomycetes)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、脱硫杆菌门 (Desulfobacterota) 和不明细菌 (unidenti-

fied bacteria)与TDS、Sal呈正相关;疣微菌门(Verrucomicrobiota)、蓝藻菌门和变形菌门与TDS和Sal呈负相关。

3.6 群落共现网络拓扑特征

通过群落共现网络(图9)表明,纳木错水体浮游细菌群落生态网络节点和边的数量分别是150和1 250,平均路径长度为2.861。在生态网络中,

87.92%的边为正相关关系,说明细菌群落之间的协同作用强于竞争作用。其中,平均聚类系数为0.638,图密度为0.112。说明浮游细菌群落之间的相互作用较为复杂。网络的模块化为0.610,根据贪婪算法,纳木错湖中浮游细菌网络可被分解为12个模块。作为代表网络紧密关系程度的中心性参数,该网络图的接近中心性为0.4778。

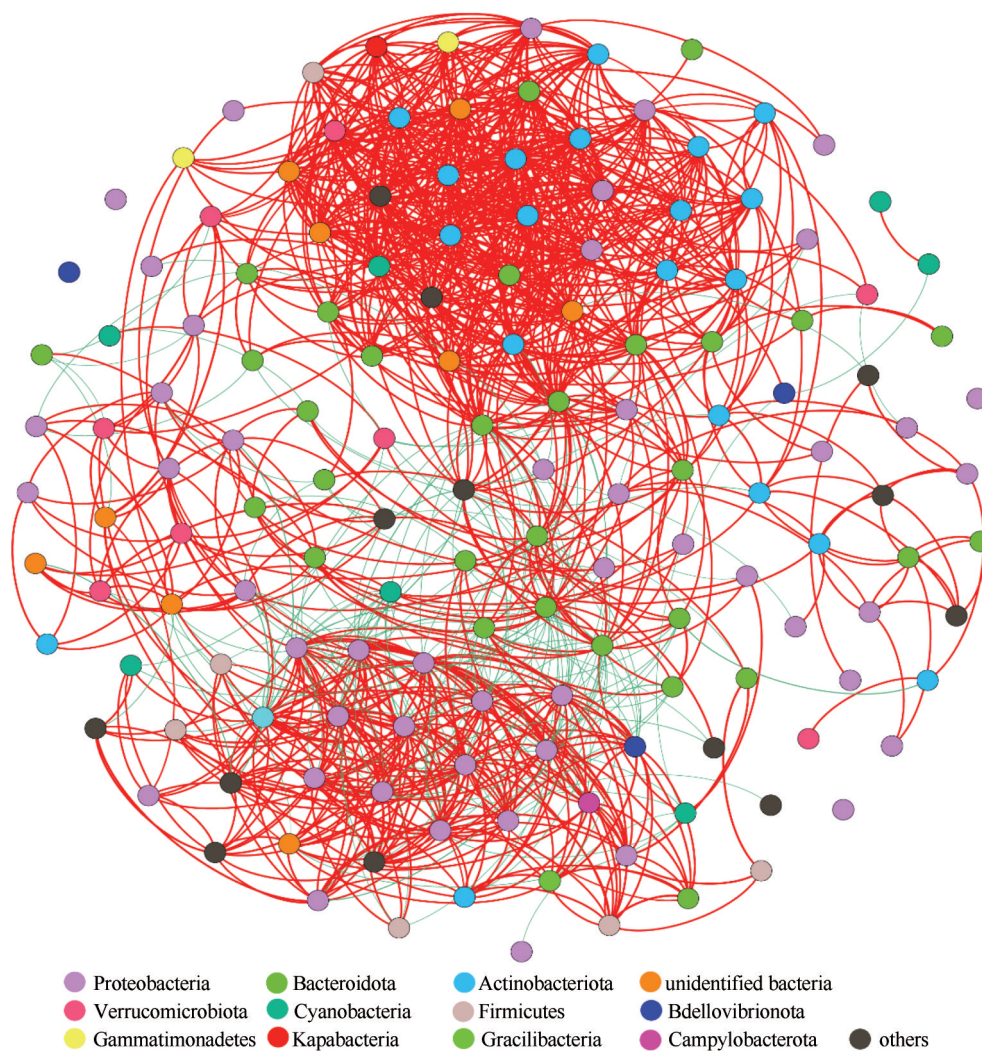


图9 纳木错水体浮游细菌群落分子生态网络

Fig. 9 Molecular ecological network of bacterioplanktonic community in Nam Co lake water

3.7 PICRUSt2功能预测分析

PICRUSt2主要是16S扩增子结果样品中细菌群落的功能组成进行预测,通过KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)数据库进行比对。通过对纳木错不同样点浮游细菌功能组成进行预测,共获得6类生物代谢功能分析[一级功能层,图10(a)]:代谢(metabolism)、遗传信息处理(genetic information processing)、环境信息处理(environmental

information processing)、细胞过程(cellular processes)、人类疾病(human diseases)和有机系统(organismal systems)。其中,代谢、遗传信息处理、环境信息处理和细胞过程为其主要组成。占比分别为49.00%~52.42%、14.27%~18.24%、11.42%~15.78%和2.90%~4.29%。不同样点浮游细菌功能预测比较分析表明,代谢功能层预测基因拷贝数平均占比最高(50.79%),依次为遗传信息处理

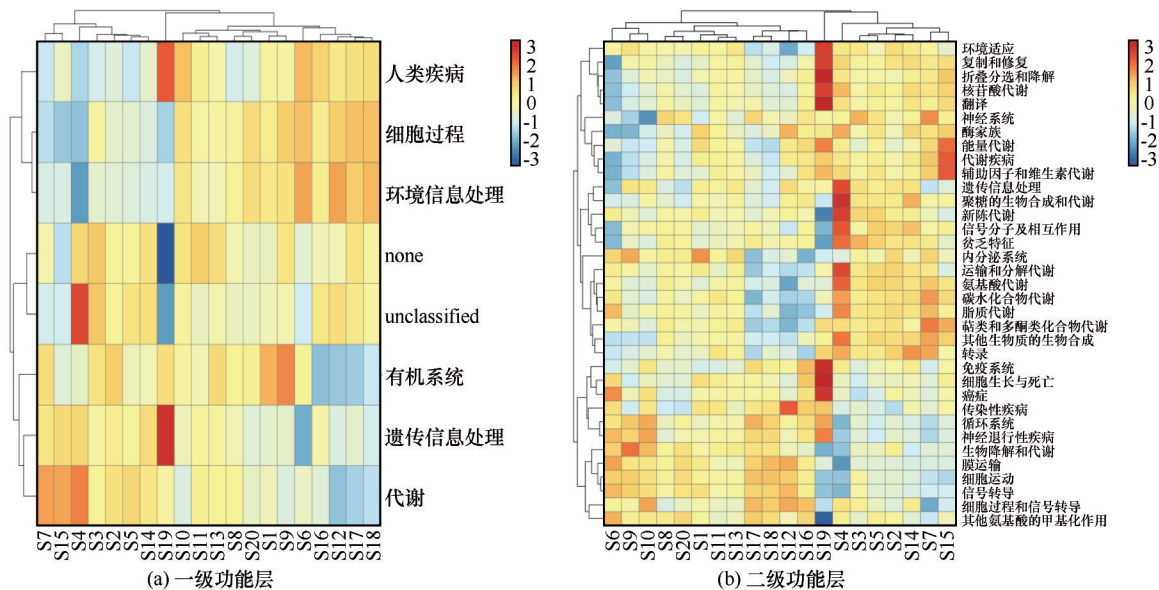


图 10 纳木错不同样点浮游细菌一级(a)和二级(b)功能层预测

Fig. 10 The first (a) and second (b) function layer predictions of bacterioplanktonic community at different sampling sites in Nam Co lake

(15.86%)>环境信息处理(14.07%)>细胞过程(3.70%)>人类疾病(1.01%)>有机系统(0.86%)。除了以上6类生物代谢功能分析,unclassified为未分类的功能,它的占比也较高(13.53%)。本文同时对预测基因二级功能层进行分析[图10(b)],膜运输(membrane transport)、氨基酸代谢(amino acid metabolism)、碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、繁殖和修复(replication and repair)、能量代谢(energy metabolism)等41个二级功能组成。

4 讨论

4.1 浮游细菌群落结构

纳木错浮游细菌群落结构组成显示,在门水平上,变形菌门、拟杆菌门、放线菌门是优势类群,与盐湖生态系统中的典型类群一致,并符合湖泊等咸水水体中浮游细菌群落组成的规律^[28-29]。变形菌门作为纳木错中分布最广泛的细菌类群,在6号、12号和17号变形菌门的含量均在75%以上。研究发现,变形菌门的适应能力较强,它可以利用水中的氮和磷等污染物,常被作为污水处理厂活性污泥系统中的主要菌群^[30]。在纳木错中,变形菌门的优势类群为 γ -变形菌和 α -变形菌。 γ -变形菌是主要脱氮菌群之一,可以作为去除水体中过量氮元素的菌群^[29]。研究还发现, γ -变形菌还是冷适应细菌,纳木错由于其特殊的地理环境、低温和高海拔,以及青藏高原经历了显著的氮(N)沉积和降水增加,这导

致了大量的冷适应 γ -变形菌的积累^[29,31-32]。 α -变形菌含量也较高,研究发现,这类细菌主要生存在寡营养型湖泊当中,纳木错属于寡营养型湖泊^[18-19],为这类细菌的生存提供了适宜环境^[33]。本研究发现,在纳木错中 β -变形菌含量较低,而之前研究表明 β -变形菌在极端贫瘠的湖泊中十分罕见,主要生存在富营养性的湖泊当中^[34]。纳木错属于贫营养性湖泊^[18-19],推测这可能导致 β -变形菌群落分布较少的原因之一。拟杆菌门作为纳木错第二大优势菌群,拟杆菌门是盐湖中的主要类群^[35],根据纳木错盐度的大小,可知纳木错属于盐湖^[18-19],这为拟杆菌门提供了良好的生存环境,导致其在纳木错中含量较高。放线菌门作为纳木错中的第三大类群。一般生存在碱性湖泊当中,纳木错的pH值为9.49,属于碱性湖泊,适宜放线菌门生存。放线菌门可以利用葡萄糖,具有异养硝化作用,在营养和能量循环中起着关键作用^[36]。

在属水平上,高通量测序结果显示,噬氢菌属和嗜冷菌属含量较高,这与刘晓波等^[18]在2008年对纳木错水体浮游细菌群落研究结果有所不同。推测可能是纳木错的环境条件的变化对纳木错浮游细菌群落组成长产生了较大影响,导致水体浮游细菌群落结构发生了变化^[37-38]。噬氢菌属的细菌能够利用氢氧化物作为能源和碳源,部分种类有分解高分子有机物的功能,部分种具有耐寒和嗜寒的特征,在河口沉积物及南北极等多种环境中都分离出

该属的细菌^[39];在加拿大低温土壤中也发现存在噬氢菌属细菌,它可以在低温环境下将联苯作为主要的碳源^[40];Prasad等^[41]曾在研究北极地区 Kongsfjorden 海湾细菌多样性和生态功能时发现,嗜冷菌属不仅存在耐冷环境中,在盐度较高的环境中也有该类细菌的相关报道,还发现这类细菌还可能会产生脂肪酶等一系列产物。hgcl clade 和 CL500-29 marine group 也为优势类群。有研究表明, hgcl clade 和 CL500-29 marine group 较为适宜在高营养盐水体中生长和繁殖,这两类细菌与浮游植物之间关系密切,尤其和蓝藻联系紧密^[42]。但本研究却发现这两类菌属与营养盐之间没有正相关关系,导致这一类现象的原因可能和纳木错所处的高寒、低氧等特殊生境有关系。hgcl clade 对低氧环境具有耐受性,能够利用水体中的低浓度溶解有机碳,对水体的净化有重要作用^[43]。

4.2 浮游细菌群落结构对理化因子的响应

水体理化特性对于浮游细菌群落组成具有较大的影响^[44-45],冗余分析结果显示 TDS 和 Sal 是显著影响纳木错浮游细菌群落分布的环境因子($P < 0.01$),这与 Liu 等^[19]在 2010 年研究的结果不同。研究表明, TDS 通过影响水体的透明度,来影响水体中以光能作为能源的硝化和反硝化类细菌的繁殖。当 TDS 升高时,浊度随之升高,水体透明度降低,导致水体中浮游细菌能够接受到的光照强度减弱,从而导致水体中硝化和反硝化细菌生物量减少;反之,当 TDS 降低时,水体中光照充足,从而促进了水体中浮游细菌群落的繁殖^[44]。在本研究中发现,多类浮游细菌群落与 TDS 浓度呈明显的正相关关系,造成这种现象的原因可能与纳木错处于青藏高原这一地理环境有关,这与处于低海拔的湖泊有差异。纳木错水的一部分来源于冰川融水,水体本身 TDS 值较小,再加上外界的干扰很小,浑浊度小,湖水清澈。推测可能是当水体 TDS 值较低时,小范围的升高并不会影响浮游细菌的繁殖效率;相反,当 TDS 本身处于临界值左右时,在一定范围内的增加可能会对细菌的增长产生影响。

盐度对纳木错浮游细菌群落分布起着重要作用,是影响其分布格局的主要环境因子^[45]。随着盐度的梯度变化,纳木错表层水体浮游细菌的丰度在不同样点展现出明显的变化梯度。在不同样点,浮游细菌丰度与盐度水平呈现不同的相关性。李佳岭等^[46]研究珠江河口浮游细菌生态过程进行研究

后发现,盐度和营养盐是影响水体浮游细菌群落分布格局的两个主要因素。通过研究盐度对浮游细菌群落分布的影响,发现盐度对 *Candidatus Brocadia* 和 *Candidatus Scalindua* 等厌氧氨氧化细菌类群的丰度有一定的影响,且厌氧氨氧化细菌类群在盐度较高的湖泊数量较多。而对纳木错中浮游细菌类群鉴定后发现,在纳木错中发现了 *Candidatus Brocadia* 和 *Candidatus Scalindua* 等厌氧氨氧化细菌类群,预测纳木错的高盐环境是它们得以生存的原因之一。

4.3 水体浮游细菌群落的共现网络

在生态系统中,微生物类群之间的相互作用比物种相对丰度和多样性对生态系统循环过程贡献更大。在共现网络中,两个节点间边的正、负相关性分别代表相连物种之间的互惠和竞争关系^[47]。研究发现,在纳木错水体浮游细菌群落共现网络节点之间正相关所占比例为 87.92%,表明门级水平上细菌种群之间的互利共生关系强于它们之间的竞争关系。网络模块化表明,纳木错水体浮游细菌群落网络具有模块化结构;平均路径长度与已报道的显示“小世界”特性的网络平均路径长度在类似范围,说明所构建的网络具有“小世界”属性^[48]。网络的拓扑结构特征可以反映浮游细菌种群之间的连通性,若网络连通性较高,则说明细菌种群对于环境干扰反应更为迅速和敏感^[49]。纳木错浮游细菌种群间连通性较强,说明纳木错浮游细菌群落对环境变化反应较为迅速和敏感,对纳木错乃至青藏高原气候变化具有一定指示作用。

5 结论

(1)高通量测结果表明纳木错水体浮游细菌主要由 80 门、176 纲、333 目、474 科、685 属组成。优势菌门为变形菌门、拟杆菌门和放线菌门;优势属为噬氢菌属和嗜冷菌属。

(2)TDS 和 Sal 是驱动浮游细菌群落变化最显著的环境因子。

(3)放线菌门和拟杆菌门是纳木错浮游细菌群落网络构建的关键节点,纳木错浮游细菌群落的分布会受到多个因素的共同影响,并非由单一因素决定。

(4)对浮游细菌群落的功能组成进行 PICRUSt2 预测,发现共由 6 类一级生物代谢通路和 41 个二级功能组成,其中代谢、遗传信息处理为其主

要一级代谢通路, weight NSTI 平均值为 0.125, 表现出了较好的预测效果。

参考文献(References):

- [1] Tandon K, Baatar B, Chiang P W, et al. A large-scale survey of the bacterial communities in lakes of western Mongolia with varying salinity regimes[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(11): 1729.
- [2] Storesund J E, Lanz  n A, Nordmann E L, et al. Planctomyces as a vital constituent of the microbial communities inhabiting different layers of the meromictic lake S  lenvannet (Norway)[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(8): 1150.
- [3] Shang Yongquan, Wu Xiaoyang, Wang Xibao, et al. Factors affecting seasonal variation of microbial community structure in Hulun Lake, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 805: 150294.
- [4] Li Wenbao, Guo Xin, Zhang Boyao, et al. Characteristics of planktonic bacteria community between summer and winter surface water in Dali Lake[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(12): 5814-5825. [李文宝, 郭鑫, 张博尧, 等. 达里湖表层水体浮游细菌群落结构的夏-冬季节差异[J]. *环境科学*, 2021, 42(12): 5814-5825.]
- [5] Li Wenbao, Yang Xu, Tian Yanan, et al. Changes in the bacterioplankton community between "ice" and "water" in the frozen Dali Lake[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(5): 2276-2286. [李文宝, 杨旭, 田雅楠, 等. 冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异[J]. *环境科学*, 2021, 42(5): 2276-2286.]
- [6] L   Xibin, Wu Yuncheng, Chen Liangqiang, et al. Characteristics of the bacterioplankton community and their relationships with water quality in Chishui River basin[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2021, 41(11): 4596-4605. [吕锡斌, 吴云成, 陈良强, 等. 赤水河流域浮游细菌群落特征及其与水质的关系[J]. *环境科学学报*, 2021, 41(11): 4596-4605.]
- [7] Ji Mukan, Kong Weidong, Yue Linyan, et al. Salinity reduces bacterial diversity, but increases network complexity in Tibetan Plateau lakes[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2019, 95(12): f12190.
- [8] Corno G, Modenutti B E, Callieri C, et al. Bacterial diversity and morphology in deep ultraoligotrophic Andean lakes: role of UVR on vertical distribution[J]. *Limnology and Oceanography*, 2009, 54(4): 1098-1112.
- [9] Jin Yan, Qiu Ying, Dong Zhi, et al. Environmental interpretation of spatial variation of planktonic bacterial communities in the North Canal River[J]. *China Environmental Science*, 2021, 41(3): 1378-1386. [靳燕, 邱莹, 董志, 等. 北运河浮游细菌集合群落空间变化的环境解释[J]. *中国环境科学*, 2021, 41(3): 1378-1386.]
- [10] Luo Tongyang, Gao Qinghua, Dong Cong, et al. Bacterial community structure in Baiyangdian Lake in summer and its relationship with environmental factors[J]. *Freshwater Fisheries*, 2021, 51(1): 96-102. [罗同阳, 高庆华, 董聪, 等. 白洋淀水域夏季细菌群落结构及与环境因子的关系[J]. *淡水渔业*, 2021, 51(1): 96-102.]
- [11] Yu Yan, Wang Yueyue, Fang Duxian, et al. Bacterial diversity in surface sediments of Baiyangdian Lake and its influencing factors[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(3): 1121-1130. [于妍, 王悦悦, 方杜贤, 等. 白洋淀表层沉积物细菌多样性及影响因素[J]. *环境工程学报*, 2021, 15(3): 1121-1130.]
- [12] Zhang Lei, Shen Tingting, Gao Guang, et al. Bacterial community structure and diversity in Chaohu Lake[J]. *Journal of Hydroecology*, 2018, 39(6): 52-57. [张磊, 沈婷婷, 高光, 等. 巢湖水体细菌群落结构及多样性研究[J]. *水生态学杂志*, 2018, 39(6): 52-57.]
- [13] Du Wanlin, Sun Jinhui, Mai Yongzhan, et al. Spatial and temporal distribution characteristics of bacterioplankton community structure in the downstream of Pearl River[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2020, 32(2): 380-394. [杜宛璘, 孙金辉, 麦永湛, 等. 珠江下游浮游细菌群落结构的时空分布特征[J]. *湖泊科学*, 2020, 32(2): 380-394.]
- [14] Liu Keshao, Yao Tandong, Pearce D A, et al. Bacteria in the lakes of the Tibetan Plateau and polarregions[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 754: 142248.
- [15] Liu Huacong. Bacterial diversity of plankton and sediment in plateau lake[D]. Guilin, Guangxi: Guilin University of Technology, 2020. [刘桦聪. 高原湖泊浮游、沉积物细菌多样性研究[D]. 广西桂林: 桂林理工大学, 2020.]
- [16] Deng Yang, Yu Liyan, Zhang Yuqin. Bacterial diversity in the soil surrounding the karst plateau lakes in Guizhou[J]. *Biotic Resources*, 2019, 41(3): 215-227. [邓阳, 余利岩, 张玉琴. 环贵州喀斯特高原湖泊环境中的细菌多样性[J]. *生物资源*, 2019, 41(3): 215-227.]
- [17] Li Ming, Guo Jia, Liu Yujie, et al. An review on research of bacteria community structure in lakes on Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Journal of Earth Environment*, 2013, 4(2): 1287-1300. [李明, 郭嘉, 刘玉杰, 等. 青藏高原湖泊细菌种群结构的研究综述[J]. *地球环境学报*, 2013, 4(2): 1287-1300.]
- [18] Liu Xiaobo, Kang Shichang, Liu Yongqin, et al. Microbial community structures in the Nam Co lake, Tibetan Plateau, and comparison with other alpine lakes[J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2008, 30(6): 1041-1047. [刘晓波, 康世昌, 刘勇勤, 等. 青藏高原纳木错湖细菌群落特征及其与高山湖泊的对比[J]. *冰川冻土*, 2008, 30(6): 1041-1047.]
- [19] Liu Xiaobo, Yao Tandong, Kang Shichang, et al. Bacterial community of the largest oligosaline lake[J]. *Geomicrobiology Journal*, 2010, 27: 669-682.
- [20] Zhong Zhiping, Liu Ying, Miao Lili, et al. Prokaryotic community structure driven by salinity and ionic concentrations in plateau lakes of the Tibetan Plateau[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2016, 82(6): 1846-1858.
- [21] Liu Yang, Liu Qi, Tian Yulu, et al. Characteristics of bacterioplankton community with relations to environmental parameters in upstream and midstream of the Luanhe River, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(12): 5103-5114. [刘洋, 刘琦, 田雨露, 等. 滦河干流中上游浮游细菌群落多样性及其影响因素[J]. *生态学报*, 2022, 42(12): 5103-5114.]
- [22] Xiong Jinbo, Liu Yongqin, Lin Xiangui, et al. Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(9): 2457-2466.
- [23] Liu Zhiqi, Pan Baozhu, Han Xu, et al. Water Environmental characteristics and water quality assessment of lakes in Tibetan Plateau[J/OL]. *Environmental Science*, 2022 [2022-09-27]. <https://doi.org/10.13227/j.hjkt.202111079>. [刘智琦, 潘保柱, 韩谔, 等. 青藏高原湖泊水环境特征及水质评价[J/OL]. *环境科学*, 2022 [2022-09-27]. <https://doi.org/10.13227/j.hjkt.202111079>.]
- [24] Zhang Wei, Ali Bahadur, Wasim Sajjad, et al. Bacterial diversity and community composition distribution in cold-desert habitats of Qinghai-Tibet Plateau, China[J]. *Microorganisms*,

- 2021, 9(2): 262.
- [25] Wu Yanhong, Guo Linan, Fan Lanxin, et al. Lake ice phenology of the Nam Co at Tibetan Plateau: remote sensing and modelling [J]. National Remote Sensing Bulletin, 2022, 26(1): 193-200. [吴艳红, 郭立男, 范兰馨, 等. 青藏高原纳木错湖冰物候变化遥感监测与模拟[J]. 遥感学报, 2022, 26(1): 193-200.]
- [26] Meng Huadanshang, Xue Wenkai, Xue Zhao, et al. Characteristics and effective factors of bacterial community in surface water along the coast of Namtso lake [J]. Biotic Resources, 2022, 44(5): 432-444. [孟华旦尚, 薛文凯, 薛翌, 等. 纳木措湖沿岸表层水细菌群落特征及影响因素[J]. 生物资源, 2022, 44(5): 432-444.]
- [27] Zhang Zhengxian, Liu Yi, Li Yun, et al. Lake ecosystem health assessment using a novel hybrid decision-making framework in the Nam Co, Qinghai-Tibet Plateau [J]. Science of the Total Environment, 2022, 808: 152087.
- [28] Zheng Yanyan, Guo Xiaofang, Hao Zhao, et al. Characteristics of culturable bacterial community in coastal water of lake Nam Co in spring [J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2022, 36(3): 178-186. [郑艳艳, 郭小芳, 郝兆, 等. 纳木措春季沿岸水体可培养细菌群落特征[J]. 干旱区资源与环境, 2022, 36(3): 178-186.]
- [29] Zhang Qianqian, Jian Shenglong, Li Kemao, et al. Community structure of bacterioplankton and its relationship with environmental factors in the upper reaches of the Heihe River in Qinghai Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2021, 23(2): 1210-1221.
- [30] Li Yali, Yang Zhengjian, Xu You, et al. Community structure of planktonic bacteria and its driving factors along the upstream area of Qingjiang River in Lichuan City, Hubei Province [J]. Chinese Journal of Ecology, 2020, 39(11): 3756-3765. [李亚莉, 杨正健, 许尤, 等. 清江上游利川段浮游细菌群落结构特征及其影响因素[J]. 生态学杂志, 2020, 39(11): 3756-3765.]
- [31] Koch H, Dürwald A, Schweder T, et al. Biphasic cellular adaptations and ecological implications of *Alteromonas macleodii* degrading a mixture of algal polysaccharides [J]. The ISME Journal, 2019, 13(1): 92-103.
- [32] Zheng Shizhan, Zhou Shouheng, Yang Wen, et al. Spatial and temporal changes of bacterioplankton community and function in Zhejiang and Fujian coastal ecological pasture technology demonstration areas [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(8): 3024-3038. [郑施展, 周绶珩, 杨文, 等. 浙闽沿海生态牧场技术示范区浮游细菌群落和功能的时空变化[J]. 微生物学报, 2022, 62(8): 3024-3038.]
- [33] Wu Lan, Ge Gang, Gong Shijie, et al. Genetic diversity and composition of bacterial community in water of Poyang Lake [J]. Research of Environmental Sciences, 2009, 22(10): 1145-1149. [吴兰, 葛刚, 龚世杰, 等. 鄱阳湖水体细菌群落组成及遗传多样性[J]. 环境科学研究, 2009, 22(10): 1145-1149.]
- [34] Chen Guangzhe, Jiang Xingyu, Hu Yang. Characteristics of bacterial communities and their co-occurrence networks in lake ecosystem with different trophic states [J]. Research of Environmental Sciences, 2020, 33(2): 375-384. [陈光哲, 姜星宇, 胡洋. 不同营养程度湖泊中细菌群落组成及其分子生态网络特征[J]. 环境科学研究, 2020, 33(2): 375-384.]
- [35] Jiang Hongchen, Dong Hailiang, Zhang Gengxin, et al. Microbial diversity in water and sediment of Lake Chaka, an athalassohaline lake in northwestern China [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(6): 3832-3845.
- [36] Zhou Lei, Li Yusen, Huang Xiande, et al. Spatial distribution of bacterioplankton community in Hongchaojiang Reservoir and its relationship with environmental factors [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(10): 2253-2264. [周磊, 李育森, 黄仙德, 等. 洪潮江水库浮游细菌群落空间分布及其与环境因子的关系[J]. 微生物学报, 2020, 60(10): 2253-2264.]
- [37] Singh S K, Singh S K, Tripathi V R, et al. A novel psychrotrophic, solvent tolerant *Pseudomonas putida* SKG-1 and solvent stability of its psychro-thermoalkalstable protease [J]. Process Biochemistry, 2011, 46(7): 1430-1435.
- [38] Langille M G, Zaneveld J, Caporaso J G, et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. Nature Biotechnology, 2013, 31(9): 814-821.
- [39] Kmpfer P, Schulze R, Jckel U, et al. *Hydrogenophaga defluvii* sp. nov. and *Hydrogenophaga atypica* sp. nov., isolated from activated sludge [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2005, 55: 341-344.
- [40] Lambo A J, Patel T R. Isolation and characterization of a biphenyl-utilizing psychrotrophic bacterium, *Hydrogenophaga taeniospiralis* IA3-A, that cometabolize dichlorobiphenyls and polychlorinated biphenyl congeners in Aroclor 1221 [J]. Journal of Basic Microbiology, 2006, 46(2): 94-107.
- [41] Prasad S, Manasa P, Buddhi S, et al. Diversity and bioprospective potential (cold-active enzymes) of cultivable marine bacteria from the subarctic glacial Fjord, Kongsfjorden [J]. Current Microbiology, 2014, 68(2): 233-238.
- [42] Liu Chenyu, Zhu Yanan, 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. [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.]
- [43] Liu Jiwei, Fu Bingbing, Yang Hongmei, et al. Phylogenetic shifts of bacterioplankton community composition along the Pearl Estuary: the potential impact of hypoxia and nutrients [J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6: 64.
- [44] Wang Songge. Bacterioplanktonic community's structure and their influencing factors in the Pearl River Estuary [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2019. [王松鸽. 珠江河口浮游细菌群落结构及影响因素[D]. 上海: 上海海洋大学, 2019.]
- [45] Wang Wenjing, Sheng Yanqing. Influences of salinity on the bacterial community composition in overlying water of Yuniao River [J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2022, 38(5): 628-635. [王文静, 盛彦清. 盐度对鱼鸟河上覆水细菌群落结构的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2022, 38(5): 628-635.]
- [46] Li Jialing, Mou Xiaozhen, Li Wenjun. Advances in ecological research of Pearl River Estuarine bacterioplankton [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2018, 58(4): 598-607. [李佳岭, 牟晓真, 李文均. 珠江河口的浮游细菌生态学研究进展[J]. 微生物学报, 2018, 58(4): 598-607.]
- [47] Lupatini M, Suleiman A K A, Jacques R J S, et al. Network topology reveals high connectance levels and few key microbial genera within soils [J]. Frontiers in Environmental Science, 2014 [2022-09-27]. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2014.00010>.
- [48] Selbmann L, Egidio E, Isola D, et al. Biodiversity evolution and adaptation of fungi in extreme environments [J]. Plant Biosystems, 2013, 147(1): 237-246.

[49] Wan Tian, He Mengxia, Ren Jiehui, et al. Environmental response and ecological function prediction of aquatic bacterial communities in the Weihe River basin[J]. Environmental Sci-

ence, 2019, 40(8): 3588-3595. [万甜, 何梦夏, 任杰辉, 等. 渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测[J]. 环境科学, 2019, 40(8): 3588-3595.]

Structure of bacterioplanktonic community and ecological function prediction in coastal surface water of Nam Co lake, Tibet

MENG Huadanshang, XUE Zhao, GUO Xiaofang, DE Ji

(School of Science, Tibet University, Lhasa 850000, China)

Abstract: It is of great scientific significance to understand the distribution characteristics of the bacterioplankton in the plateau lakes and clarify its ecological function of the plateau lake ecosystem. In May 2021, we investigated bacterial community in Nam Co lake samples were analyzed by 16S rDNA high-throughput sequencing technology, and the difference of bacterial community was analyzed by α -diversity index. The interaction among bacterial communities was analyzed by co-occurrence network. The correlation between environmental factors and α -diversity index was measured by Pearson correlation coefficient. Redundancy analysis (RDA) was used to investigate the relationship between physicochemical factors and bacterial community structure. Function of bacterioplankton in Nam Co lake was predicted based on PICRUSTt2. The results showed that bacterial community was mainly composed of Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria and Firmicutes. The relative abundance of Proteobacteria was the highest, mainly including Gamma-proteobacteria and Alpha-proteobacteria. *Hydrogenophaga* and *Algoriphagus* are the relative dominant species. The α -diversity index showed that the bacterial community was rich in Nam Co lake. The correlation among nodes of Nam Co lake co-occurrence network is mainly positive. Total dissolved salts (TDS) and salinity (Sal) were the key factors affecting the bacterial community structure. Functions of bacterioplankton in Nam Co lake mainly involved 6 metabolic pathways, such as metabolism, genetic information processing and environmental information processing and 46 sub-functions of membrane transport, amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, etc. In conclusion, bacterial community structure in Nam Co lake was different among various sites. At the phylum level, the interaction among bacterial groups was mainly synergistic, and the bacterial community structure in Nam Co lake was the result of multiple factors. This study clarified the composition and function of bacterioplankton in Nam Co lake and its relationship with environmental factors, providing scientific reference for the protection of ecological environment of plateau lakes.

Key words: Nam Co lake; bacterioplankton; community structure; ecological function

(责任编辑: 陈拓)