

DOI:10.12405/j.issn.2097-1486.2026.02.003

## 引黄入晋工程对汾河水体细菌群落的影响

许少颖,任衍敏,李君剑\*

山西大学黄土高原研究所,山西太原030006

**摘要:**引黄入晋工程是缓解山西水资源短缺、改善生态环境的重要战略举措。细菌群落在维持水质稳定中作用关键,但在引水干扰下的动态变化机制尚不清晰。本研究于间歇期与引水期通过16S rRNA基因高通量测序技术,分别在汾河受水与未受水河段进行监测,进而分析引黄入晋对汾河水体细菌群落组成及构建机制的变化。结果表明,引水期细菌 $\alpha$ 多样性显著提升, $\beta$ 多样性差异加大,受水区变化幅度显著高于未受水区,表明引水已成为驱动群落重塑的重要外部扰动。群落组成方面,间歇期以Proteobacteria(变形菌门)和Bacteroidota(拟杆菌门)为主;引水期Actinobacteriota(放线菌门)在受水段快速升高(15.97%—36.00%),部分稀有类群短期跃升,反映外源水输入改变了生态位格局并促进稀有群落扩散定殖。网络分析表明,引水增强了群落复杂性与模块化,稀有类群在维持网络稳定性中发挥核心作用。细菌群落与环境地理因子关系表明, $\text{NO}_3^-$ -N、DOC和导电率是主要驱动变量,但引水削弱了环境梯度与地理隔离效应,导致随机过程在群落组装中的贡献上升。 $\beta$ NTI揭示,引水使群落构建由确定性向随机性机制转变,温度及营养盐变化是关键因素。本研究从微生物视角揭示了跨流域引水对河流生态系统的深远影响,为区域生态调控与水质管理提供科学参考。

**关键词:**引黄入晋;汾河;细菌群落;微生物多样性

中图分类号:X171.1

文献标志码:A

文章编号:2097-1486(2026)02-0131-10

## Effect of the Yellow River diversion project on bacterial community in the Fenhe River

XU Shaoying, REN Yanmin, LI Junjian\*

Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China

**Abstract:** The Yellow River Diversion project into Shanxi is a strategic initiative to alleviate water scarcity and improve the ecological environment in Shanxi Province. Bacterial communities play a crucial role in maintaining water quality stability, yet their dynamic responses to water diversion remain unclear. In this study, we employed 16S rRNA high-throughput sequencing during both the non-diversion and diversion periods to monitor bacterial communities in diverted and non-diverted sections of the Fenhe River, aiming to elucidate the effects of the diversion on community composition and assembly processes. The results showed that bacterial  $\alpha$ -diversity increased significantly during diversion, while  $\beta$ -diversity differences were amplified, with more pronounced shifts in diverted than in non-diverted sections, indicating that diversion has become a major external driver of community restructuring. In terms of composition, proteobacteria and bacteroidota dominated during the non-diversion period, whereas actinobacteriota rapidly increased in diverted sections during diversion (15.97%—36.00%). Additionally, some rare taxa exhibited short-term blooms, reflecting altered ecological niche patterns and enhanced dispersal and colonization of rare taxa triggered by exogenous water input. Network analysis revealed that diversion enhanced community complexity and modularity, with rare taxa serving as key-

\*通信作者

基金项目:国家自然科学基金(U22A20557);山西省自然科学基金(202202090301008);山西省重点研发计划项目(202103021224031;20210302123449)

收稿日期:2025-11-10;修回日期:2025-12-19

stone groups in maintaining network stability. Correlation analysis indicated that  $\text{NO}_3^-$ -N, DOC, and conductivity were the main environmental drivers; however, diversion weakened the effects of environmental gradients and geographic isolation, thereby increasing the role of stochastic processes in community assembly.  $\beta$ NTI further demonstrated a shift from deterministic to stochastic assembly mechanisms under diversion, primarily influenced by temperature and nutrient variations. This study reveals from the microbial perspective the profound ecological impacts of cross-basin water diversion on river ecosystems and provides scientific reference for the ecological regulation and water quality management in the region.

**Keywords:** the Yellow River diversion; the Fenhe River; bacterial community; microbial diversity

## 0 引言

跨流域调水工程作为缓解水资源时空分布不均的重要手段,在我国水资源调配与区域生态安全中发挥着关键作用。引黄入晋工程是国家“南水北调”总体战略下的重点工程之一,通过将黄河水调入山西中部缺水地区,有效缓解了区域水资源短缺、保障了城市供水及农业灌溉等需求<sup>[1]</sup>。然而,随着调水规模和频次的不断提升,调水工程对受水区域水体理化性质、水动力过程及生态系统结构与功能的影响亦日益受到关注<sup>[2]</sup>。在此背景下,厘清调水工程对受纳水体生态系统的响应机制,尤其是水体微生物组成和功能的变化规律,已成为亟需深入研究的问题。

水体细菌微生物是水生态系统中最活跃、最基础的组成部分,广泛参与碳、氮、磷等元素的循环与污染物降解,在维持水体生态功能和水质稳定中起着不可替代的作用<sup>[3-4]</sup>。作为生态系统早期响应的“指示器”,微生物群落对水文扰动、污染输入及营养盐变化高度敏感,因此被广泛应用于评估水体生态状态变化<sup>[5]</sup>。已有研究表明,大型调水行为可能通过改变水体理化条件、水动力结构及微生物扩散格局,显著影响水体细菌群落的多样性、结构组成及构建机制<sup>[6-7]</sup>。尽管如此,当前关于跨流域调水背景下,尤其是引黄入晋工程对受水河流细菌群落的系统研究仍较为有限。

基于此,本文以汾河典型河段为研究对象,利用16S rRNA基因高通量测序技术,从引黄前(引水间歇期)与引黄后(引水期)两个阶段,系统分析水体细菌微生物群落的组成特征与演变规律。具体研究内容包括:(1)引水前后汾河细菌群落的组成结构、多样性变化;(2)影响群落结构变化的关键环境因子;(3)调水前后群落构建过程的主导机制转换及其潜在影响因素。本研究旨在揭示跨流域调水条件下河流细菌群落的生态响应模式,为调水工程背景下的水

体生态健康评估与微生物功能管理提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品收集和环境因素分析

本研究于2023年7月(间歇期)和10月(引黄期)在汾河未受河水段(芦芽山汾河源头FH1、头马营村FH2)和受水段(马头山村FH3、魏家坪村FH4和丰润村FH5)共布置5个采样点(图1)。每个采样点设置3组平行样,使用无菌水样袋采集2 L的0~0.5 m水样,避光保存在4℃恒温箱中,尽快转移到实验室。在实验室,将水样分为两份,一份通过0.22 μm滤膜过滤,存放在-80℃冰箱中备用,以便进行细菌微生物分析;一份进行水体理化性质分析。

采集样品时,使用便携式多普勒流量计(DPL-LS12)和HACH HQ30d便携式流量计(HACH公司,Loveland,CO,USA)原位测量水温( $T_w$ )、pH值、电导率(Electrical Conductivity, EC)、氧化还原电位(Oxidation-Reduction Potential, ORP)和溶解氧(Dissolved Oxygen, DO)。水样经过0.45 μm的滤膜过滤后,使用TOC分析仪进行测定溶解性有机碳(Dissolved Organic Carbon, DOC)。按标准方法(APHA, 2005)测定铵态氮( $\text{NH}_4^+$ -N)、硝态氮( $\text{NO}_3^-$ -N)和亚硝态氮( $\text{NO}_2^-$ -N)。

### 1.2 DNA提取、PCR扩增与测序

从各采样点水样中使用商业化试剂盒(Omega, USA)提取细菌基因组DNA,并通过Nanodrop One(Thermo Fisher Scientific, USA)检测纯度与浓度。以DNA为模板,采用特异性引物(F:GCGGTAATTC CAGCTCCAA, R:AATCCRAGAATTTACCTCT)扩增16S rRNA基因特定区域(约290—310 bp),PCR产物经琼脂糖凝胶电泳检测后纯化回收。合格产物定量混合后,利用ALFA-SEQ DNA Library Prep Kit(Magigene, China)构建文库,经Qsep400与Qubit 4.0评估质量与浓度,最终在Illumina PE250平台进行双端测序。

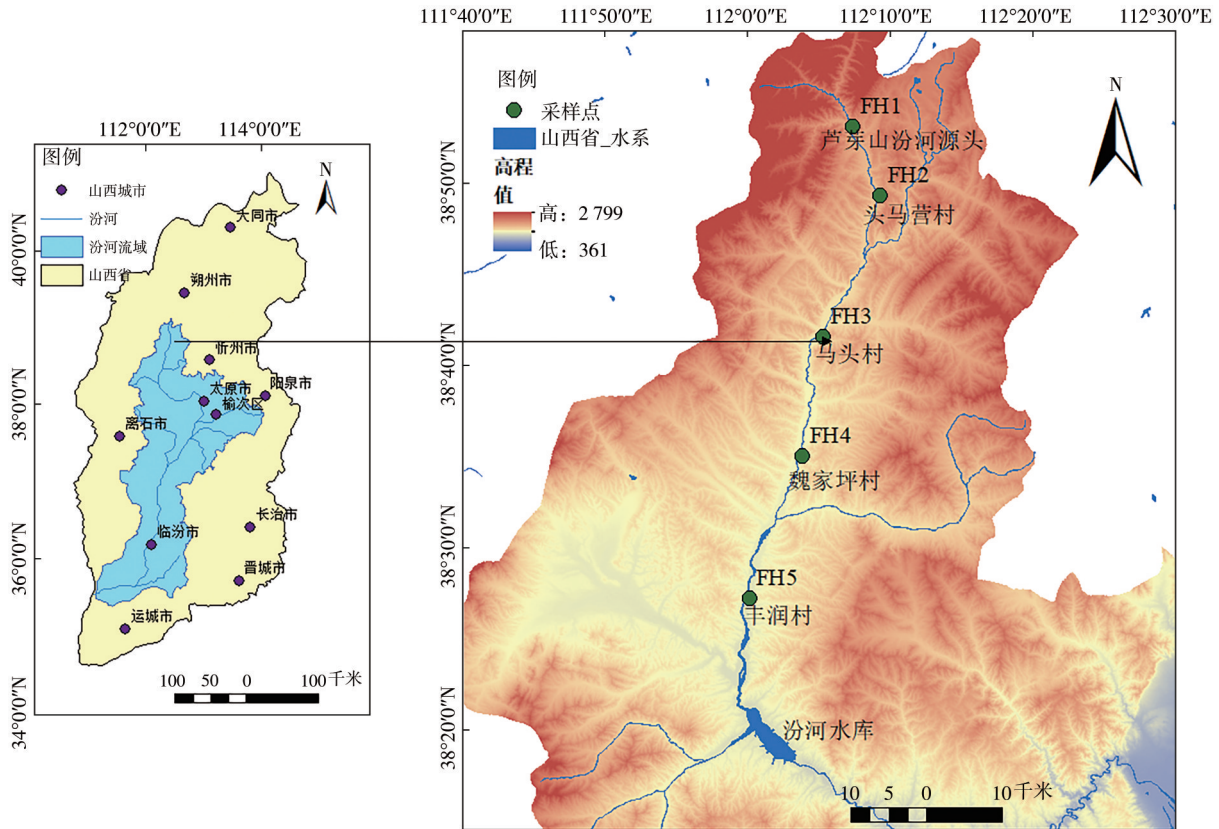


图1 采样区域示意图

Figure 1 Schematic of the sampling area

### 1.3 数据分析

所有统计分析均在R平台(version 4.4.3)中完成。细菌群落的 $\alpha$ 多样性(Shannon和Chao1指数)及 $\beta$ 多样性(Bray-Curtis距离)通过vegan包计算<sup>[8]</sup>。群落结构差异采用非度量多维尺度分析(Non-metric Multidimensional Scaling, NMDS)结合置换多元方差分析(Permutational Multivariate Analysis of Variance, PERMANOVA)进行检验<sup>[9]</sup>。物种间潜在相互作用通过基于Spearman相关性的共现网络分析<sup>[10]</sup>,并利用Gephi(v0.10.1)计算网络的度数、平均路径长度和模块度等拓扑参数<sup>[11]</sup>,评估引水对网络复杂性与稳定性的影响。环境因子与群落分布的关系采用Bray-Curtis相似性、欧氏距离及地理距离计算<sup>[12]</sup>,并通过Mantel与partial Mantel检验评估其相关性。空间因子利用主坐标邻接矩阵(Principal Coordinates of Neighbour Matrices, PCNM)生成,结合变异分解分析(Variation Partitioning Analysis, VPA)定量区分环境与空间因子的相对贡献<sup>[13-14]</sup>。冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)用于解析群落结构与环境因子的相关性<sup>[15-16]</sup>,同时基于随机森林模型识别关键驱动因子<sup>[17]</sup>。为揭示群落构建机制,采用

$\beta$ 最近亲指数( $\beta$ NTI)与Raup-Crick指数(RCbray)对群落组装过程进行定量<sup>[18]</sup>。其中 $|\beta$ NTI|>2表明受确定性过程主导(环境筛选或竞争), $|\beta$ NTI|<2时结合RCbray判定随机过程(漂变或扩散限制)。此外,通过相关性分析评估 $\beta$ NTI与环境因子、空间变量的关系,并利用ggplot2绘制拟合曲线和显著性结果,以探讨引水扰动下群落组装机制的转变。

## 2 结果与讨论

### 2.1 引黄对细菌群落多样性的影响

NMDS与PERMANOVA分析结果表明(图2a—图2c),无论在引水期还是间歇期,汾河细菌群落不同采样点间均存在显著差异( $P=0.001$ ),且受水区(FH3-FH5)的群落变化幅度显著高于非受水区(FH1—FH2)(PERMANOVA:  $F=55.932$  vs.  $F=8.729$ )。这说明引黄活动在空间尺度上显著重塑了细菌群落的 $\beta$ 多样性,成为驱动群落结构分化的重要外部干扰因子<sup>[6,19]</sup>。相较于间歇期群落分布较为集中,引水期群落结构表现出更强的异质性,主要归因于黄河水输入带来的外源细菌、营养盐及理化条件变化,从而加速了群落对

环境的响应<sup>[20]</sup>。相关研究也发现,跨流域引水可能因输入水源差异、环境扰动和微生物迁移等因

素,诱导细菌群落结构在短期内出现空间分异增强<sup>[21-22]</sup>。

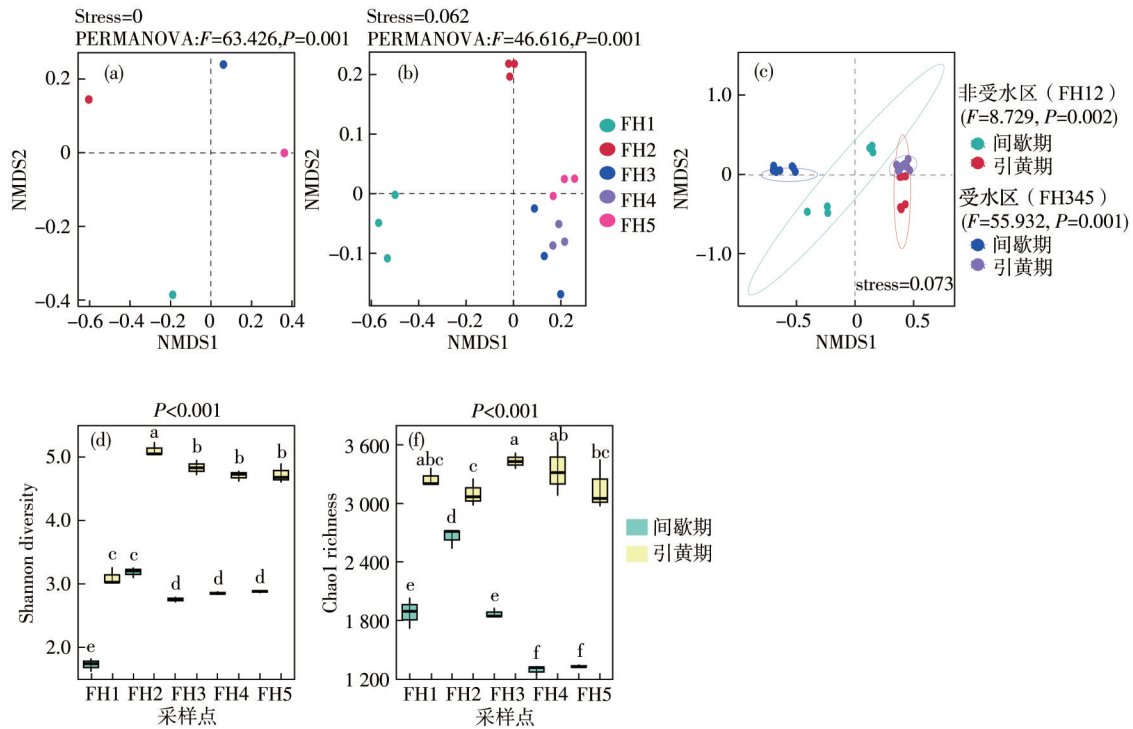


图2 间歇期(a)与引黄期(b)水体细菌群落的NMDS分析;间歇期与引黄期受水区、非受水区PERMANOVA分析(c);间歇期与引黄期水体细菌群落的Shannon指数(d)和Chao1指数(e)

Figure 2 NMDS analysis of water bacterial communities during the intermittent period (a) and the Yellow River diversion period (b); PERMANOVA analysis of water-receiving and non-water-receiving areas during the intermittent and Yellow River diversion periods (c); Shannon index (d) and Chao1 index (e) of water bacterial communities during the intermittent period and the Yellow River diversion period

与此同时, $\alpha$ 多样性在引水期亦显著提升(图2c—图2e)。结果显示,Shannon指数和Chao1丰度在引水期均显著高于间歇期( $P<0.001$ ),其中受水河段的多样性提升明显(Shannon指数由约2.8至5.0以上,Chao1丰度由约1300至3500以上)。这一结果表明,外源水体输入不仅增强了群落结构的分异,还显著地促进了物种多样性和丰富度的增加。非受水区也呈现出一定程度的多样性提升,可能与水体扩散和微生物迁移效应有关。已有研究指出,引水过程常伴随营养盐、有机质及外源微生物的输入,显著改变本地群落组成<sup>[23-24]</sup>。此外,研究还表明水文连通性是调控微生物群落组成和功能潜力的重要因素<sup>[25]</sup>。

整体而言,引黄入晋工程通过外源菌群与营养盐的输入,显著提升了汾河水体细菌群落的 $\alpha$ 多样性和 $\beta$ 多样性,促进了群落的重组与异质化。这种多样性提升在一定程度上可能增强系统的功能潜力,如有机物降解与营养转化能力<sup>[26]</sup>;但同时存

在外源菌入侵和本地群落稳定性下降的潜在风险。因此,应在调水工程的生态评估中兼顾其促进效益与生态风险,特别关注微生物群落多样性变化对水体功能稳定性的长远影响。

## 2.2 引黄对细菌群落物种组成和网络特征的影响

图3a—图3b显示了间歇期与引水期汾河不同采样点细菌群落在门水平的相对丰度变化。结果表明,引水显著改变了细菌群落组成,尤其在受水段(FH3—FH5)表现出明显的群落重塑。间歇期以Proteobacteria(变形菌门)(26.64%—50.97%)与Bacteroidota(拟杆菌门)(37.29%—63.82%)为优势菌门,点位间差异较小,说明此阶段水体环境相对均衡。而在引水期,Actinobacteriota(放线菌门)在FH3—FH5显著升高(15.97%—36.00%),成为新的优势类群,显示外源水输入重塑了生态位结构。该类群广泛参与有机物降解与营养物质转化,并具有显著的营养适应性;如Sporichthyaceae(鱼孢菌科)(Actinobacteriota)能在高氮环境下利用多种碳

水化合物和亚硝酸盐,是维持系统稳定的重要类群<sup>[27]</sup>。同时,流域研究亦表明 Actinobacteriota 与 Pro-

teobacteria、Bacteroidota 共同构成优势菌门,其代谢多样性有助于推动物质循环<sup>[28]</sup>。

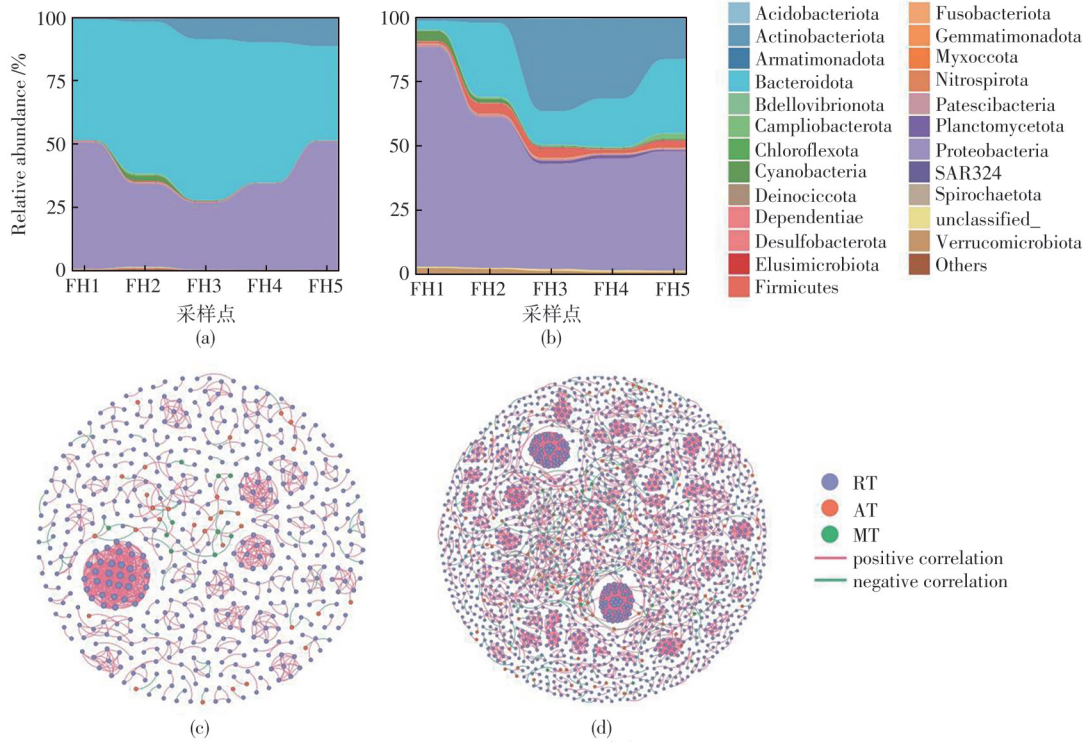


图3 间歇期(a)与引黄期(b)细菌群落的物种组成;细菌群落间歇期(c)与引黄期(d)共现网络图

Figure 3 Species composition of bacterial communities during the intermittent period (a) and the water diversion period (b); Co-occurrence networks of bacterial communities during the intermittent period (c) and the water diversion period (d)

此外,引水期稀有类群如 Chloroflexota(绿弯菌门)(0.33%)、Deinococcota(奇异球菌门)(0.04%)、Elusimicrobiota(迷踪菌门)(0.03%)在 FH2 与 FH3 出现短期跃升,丰度显著高于间歇期,说明部分稀有菌群对水文扰动高度敏感,能够快速响应环境变化并在新生态位中扩散定殖。这一现象支持了稀有生物群落作为生态扰动早期响应指示器的观点<sup>[29]</sup>。与此同时,引水期 FH3—FH5 间群落差异显著增强,相较于间歇期的趋同格局,更加凸显出水体扰动带来的空间梯度效应。这种差异说明外源水的输入增加了群落构建的不确定性,使得群落不同点位表现出更强的多样化响应<sup>[30]</sup>。

为进一步揭示群落交互模式,本文构建了间歇期与引水期的细菌共现网络(图 3c—图 3d)。结果显示,引水期网络节点数和边数大幅上升,网络平均度由 4.019 增至 5.225,表明微生物潜在的协作与竞争关系更为紧密<sup>[10,31]</sup>。尽管网络密度略有下降,但平均路径长度增加,模块化系数由 0.839 升至 0.935,反映群落结构更具层级性和功能分工,可能通过形成多个相对独立的子模块来提升系统冗余度与生态

稳定性<sup>[32-33]</sup>。在群落类型贡献上,稀有群落(RT)在两期均占据主导,其在引水期节点占比进一步上升(>92%),说明其对网络稳定性至关重要。这一发现与 Banerjee 关于稀有群落可作为网络“生态支点”的结论一致<sup>[34]</sup>。而丰富群落(AT)节点占比略降,可能因其生态功能趋于稳定,更倾向于融合入网络核心模块之中<sup>[10]</sup>。

综上,引黄入晋工程通过外源菌群和水文扰动共同作用,不仅重塑了细菌群落物种组成,促进了新优势类群和稀有群落的扩张,还增强了群落间的交互复杂度与结构分化。这种双重影响既可能提升水体功能潜力与生态稳定性,也可能改变原有群落格局,需在调水生态效应评估中予以关注。

### 2.3 群落变异驱动因素探究

RDA 分析结果(图 4a—图 4b)显示,引水前后细菌群落均显著受环境与地理因子影响(Permutation test,  $P=0.001$ ),但驱动效应存在差异。间歇期,  $\text{NO}_3^-$ -N、DOC、DO、pH 及地理变量 PCNM1 为显著因子( $P<0.05$ ),其中  $\text{NO}_3^-$ -N 与受水段样点

(FH3—FH5)相关性最强,表明在未引水条件下,局地环境异质性与空间隔离共同驱动群落分布,这与

研究指出河流微生物群落在低扰动背景下常呈现“空间-环境”双重控制模式相一致<sup>[35]</sup>。

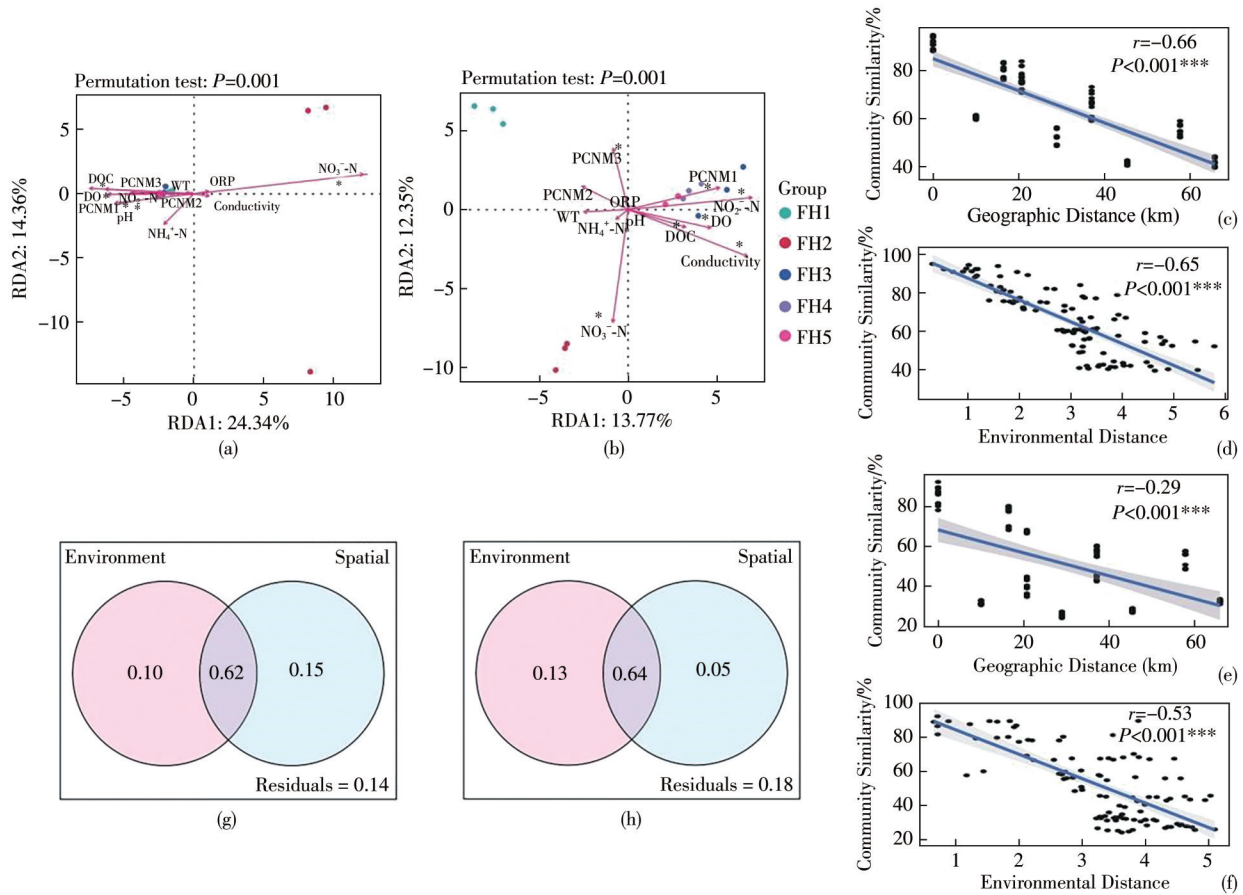


图4 间歇期(a)与引黄期(b)细菌群落冗余分析(RDA);细菌群落地理距离(c:间歇期、e:引黄期)和环境距离(d:间歇期、f:引黄期)与群落相似性的Mantel分析;间歇期(g)与引黄期(h)细菌群落方差分解分析(VPA)

**Figure 4** Redundancy analysis (RDA) of bacterial communities during the intermittent period (a) and the Yellow River diversion period (b); Mantel analysis of bacterial community geographic distance (c: intermittent period, e: Yellow River diversion period) and environmental distance (d: intermittent period, f: Yellow River diversion period) with community similarity; Variance partitioning analysis (VPA) of bacterial communities during the intermittent period (g) and the Yellow River diversion period (h)

相比之下,引水期群落结构与 $\text{NO}_3^-$ -N、 $\text{NO}_2^-$ -N、DO、DOC和导电率等因子仍显著相关,但RDA第一轴解释力下降,且样本在环境轴上的分布趋于集中,反映出水体混合与营养梯度削弱了环境筛选作用,群落结构更趋同质化。这与南水北调等大型调水工程中观察到的“环境同质性增强—随机性过程占优”的机制一致<sup>[36]</sup>。

Mantel分析进一步揭示了环境与空间因子的作用差异(图4c—图4f)。间歇期群落相似性与地理距离( $r=-0.66$ )的相关性略高于环境距离( $r=-0.65$ ),说明水体连通性弱、扩散受限时,地理隔离在群落装配中更具影响力。此时,不同河段之间因水体连通性弱,微生物扩散受限,群落装配主要受环境与空间双

重约束<sup>[37]</sup>。然而在引水期,二者相关性均显著下降(环境 $r=-0.53$ ;空间 $r=-0.29$ ),表明调水通过使不同河段间水理化条件趋于一致以及增强水体连通性,削弱了环境与空间对群落结构的约束,推动了群落的趋同化<sup>[38-39]</sup>。

VPA结果(图4g—图4h)亦支持这一趋势。间歇期环境因子与空间因子的解释力分别为0.10和0.15,而引水后环境因子仅微弱上升至0.13,空间因子明显下降至0.05,总体解释力降低(0.86 vs. 0.82)。这表明调水削弱了确定性过程的作用,使群落结构更多受随机性过程(如漂变、扩散和中性过程)驱动<sup>[40]</sup>。

#### 2.4 群落构建及驱动因素探究

引水工程显著改变了细菌群落的构建过程。

$\beta$ NTI分析结果显示(图5a),引黄期的 $\beta$ NTI值显著低于间歇期( $P < 0.001$ ),表明随机过程在引水背景下占据主导地位( $|\beta$ NTI $< 2$ ),而间歇期则更受环境筛选机制的影响。这与Stegen等的研究结果一致<sup>[41]</sup>,即水文扰动会削弱环境筛选强度,从而促进随机过程在微生物群落构建中的主导地位。进一步的群落组装模式分析表明(图5b),间歇期群落的构

建主要由“异质性选择(Variable selection)”和“生态漂变(Ecological drift)”驱动,体现了环境差异所带来的选择效应与随机更新的共同作用;而引水期则以“限制性迁移(Dispersal limitation)”和“漂变”为主,确定性过程比例明显下降。已有研究表明,在扰动频繁的系统,微生物群落往往更依赖扩散与漂变等非不确定性机制<sup>[42-43]</sup>。

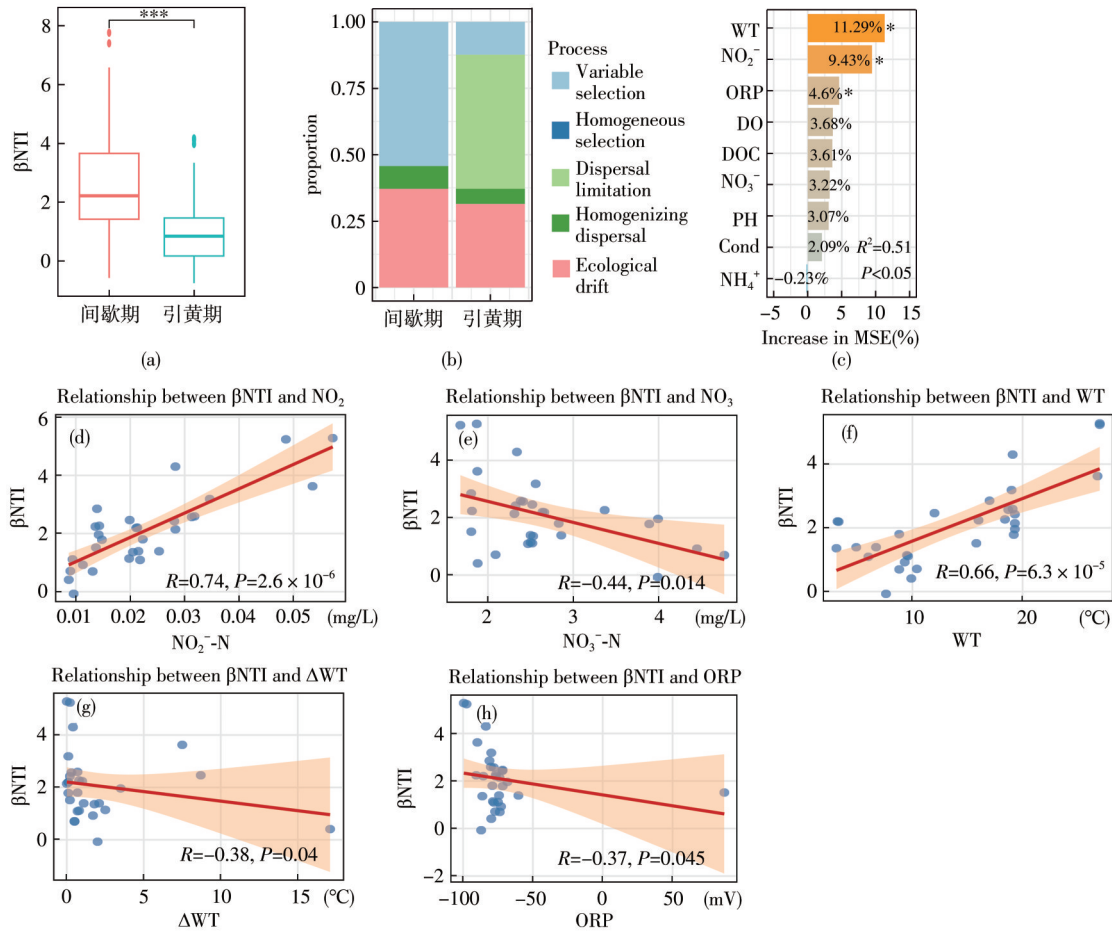


图5 间歇期与引黄期细菌群落 $\beta$ -最近分类指数( $\beta$ NTI)的比较(a);细菌群落的构建过程(b);群落构建变化的随机森林分析(c);单因子与 $\beta$ NTI相关性分析(d—h)

Figure 5 Comparison of bacterial community  $\beta$ -nearest taxon index ( $\beta$ NTI) between the intermittent period and Yellow River diversion period (a); bacterial community assembly process (b); random forest analysis of changes in community assembly (c); univariate correlation analysis with  $\beta$ NTI (d—h)

随机森林(图5c)与相关性分析(图5d—图5h)进一步揭示了关键环境因子对群落构建的影响。水温(11.29%)、亚硝酸盐(9.43%)、氧化还原电位(4.60%)和硝酸盐(3.22%)是主要驱动因子。其中,亚硝酸盐与 $\beta$ NTI显著正相关( $R=0.74, P=2.6 \times 10^{-6}$ ),硝酸盐与 $\beta$ NTI显著负相关( $R=-0.44, P=0.014$ ),说明氮素形态的变化,尤其是亚硝酸盐的积累,可能削弱环境筛选稳定性并增强随机性<sup>[44]</sup>。同时,水温升高显著促进了非不确定性过程( $R=$

$0.66, P=6.3 \times 10^{-5}$ ),而温度波动则对微生物定殖形成干扰<sup>[45-46]</sup>。此外,氧化还原电位与 $\beta$ NTI呈负相关( $R=-0.37, P=0.045$ ),表明在还原性增强条件下,环境筛选作用减弱,生态漂变更易主导群落组装<sup>[47]</sup>。

### 3 结论

本研究基于16S rRNA基因高通量测序技术,系统揭示了引黄入晋工程对汾河水体细菌群落多样性、组成结构及构建机制的影响,结果表明跨流域引

水作为强烈的人为扰动,已成为驱动区域微生物群落演变的重要外部因子。主要结论如下:

①引黄入晋工程显著提升了细菌群落的 $\alpha$ 多样性,并重塑了 $\beta$ 多样性格局,受水区群落变化幅度显著高于未受水区,且引水期采样点间差异性增大,表现出更强的空间异质性与分化。

②群落组成层面,引水改变了原有的优势菌门格局。优势类群由 Proteobacteria 与 Bacteroidota 向 Actinobacteriota 转变,提示外源水输入改变了生态位结构与物质循环过程。部分稀有类群在引水期快速跃升,显示其对抗扰动的敏感响应及作为早期生态指示器的潜力。网络分析结果表明,引水增强了群落的复杂性、连通性与模块化,稀有类群在维系网络稳定性方面发挥了关键作用。

③引水前群落分布受环境与空间双重控制,引水后水体条件趋于同质化,环境与空间因子的解释力下降,随机性过程影响加大。 $\text{NO}_3^-$ -N、DOC 和导电率等是群落结构的主要驱动因子。

④群落构建机制方面, $\beta$ NTI 分析揭示引水促进了由确定性机制向随机性机制的转变。水温与关键营养盐水平的改变是驱动这一转换的重要因素,可能削弱群落生态功能的稳定性与适应性。

总体而言,大型水利工程通过改变水文条件与环境异质性,调控了流域微生物群落的结构与构建过程,进而对生态功能的稳定性产生潜在影响。

#### 参考文献:

- [1] 王新义. 山西省万家寨引黄入晋一期工程重视工程沿线环境治理和保护[J]. 中国水利, 2006(12): 51-52. DOI:10.3969/j.issn.1000-1123.2006.12.019.
- [2] Chen Haoda, Zhang Lulu, Zheng Zishuai, et al. Hydrological connectivity shape the nitrogen pollution sources and microbial community structure in a river-lake connected system[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2025, 16: 1563578. DOI:10.3389/fmicb.2025.1563578.
- [3] Newton R J, Jones S E, Eiler A, et al. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria[J]. *Microbiology and molecular biology reviews*, 2011, 75(1): 14-49. DOI:10.1128/MMBR.00028-10.
- [4] Graham E B, Knelman J E, Schindlbacher A, et al. Microbes as engines of ecosystem function: when does community structure enhance predictions of ecosystem processes? [J]. *Frontiers in microbiology*, 2016, 7: 214. DOI:10.3389/fmicb.2016.00214.
- [5] Wang Jingting, Fan Ganbing, He Xiaojia, et al. Response of bacterial communities to variation in water quality and physicochemical conditions in a river-reservoir system [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2021, 27: e01541. DOI:10.1016/j.gecco.2021.e01541.
- [6] Zhou Jizhong, Deng Ye, Zhang Ping, et al. Stochasticity, succession, and environmental perturbations in a fluidic ecosystem[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2014, 111(9): E836-E845. DOI:10.1073/pnas.1324044111.
- [7] 徐晖, 周俊杰, 黄健. 引水工程对微生物群落稳定性及构建机制的影响[J]. 环境科学与技术, 2025, 48(11): 102-109. DOI:10.19672/j.cnki.1003-6504.0604.25.338.
- [8] Dixon P. VEGAN, a package of R functions for community ecology[J]. *Journal of vegetation science*, 2003, 14(6): 927-930. DOI:10.1111/j.1654-1103.2003.tb02228.x.
- [9] Kruskal J B. Nonmetric multidimensional scaling: a numerical method [J]. *Psychometrika*, 1964, 29(2): 115-129.
- [10] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities [J]. *The ISME journal*, 2012, 6(2): 343-351. DOI:10.1038/ismej.2011.119.
- [11] Bastian M, Heymann S, Jacomy M. Gephi: an open source software for exploring and manipulating networks [C]//Proceedings of the international AAAI conference on web and social media. Naval Research Laboratory, Silver Spring, Maryland, USA. 2009: 361-362.
- [12] Hijmans R J, Williams E, Vennes C, et al. Package 'geosphere' [J]. *Spherical trigonometry*, 2017, 1(7): 1-45.
- [13] Borcard D, Legendre P, Drapeau P. Partialling out the spatial component of ecological variation[J]. *Ecology*, 1992, 73(3): 1045-1055.
- [14] Legendre P. Numerical ecology [M]. Amsterdam: Elsevier, 2012: 274-286.
- [15] Ter Braak C J F, Smilauer P. CANOCO reference manual and CanoDraw for Windows user's guide: software for canonical community ordination (version 4.5) [R]. www.canoco.com, 2002.
- [16] Clarke K R, Gorley R N, Somerfield P J, et al. Change in marine communities: an approach to statistical analysis and interpretation [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2014: 65-80.
- [17] Cutler D R, Edwards J T C, Beard K H, et al. Random forests for classification in ecology [J]. *Ecology*, 2007, 88(11): 2783-2792. DOI:10.1890/07-0539.1.
- [18] Stegen J C, Lin Xueju, Fredrickson J K, et al. Quantifying community assembly processes and identifying

- features that impose them[J]. *The ISME journal*, 2013, 7(11): 2069-2079. DOI:10.1038/ismej.2013.93.
- [19] Lü Jiali, Niu Yangdan, Yuan Ruiqiang, et al. Different responses of bacterial and archaeal communities in river sediments to water diversion and seasonal changes[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(4): 782. DOI:10.3390/microorganisms9040782.
- [20] 袁瑞强, 吕嘉丽, 王仕琴. 受引黄影响的河流沉积物细菌群落季节变化[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(07): 2190-2199. DOI:10.13671/j.hjkxxb.2019.0068.
- [21] Zeglin L H. Stream microbial diversity in response to environmental changes: review and synthesis of existing research[J]. *Frontiers in microbiology*, 2015, 6: 454. DOI:10.3389/fmicb.2015.00454.
- [22] Zhuang Wen. Eco-environmental impact of inter-basin water transfer projects: a review [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23(13): 12867-12879. DOI:10.1007/s11356-016-6854-3.
- [23] Lü Jiali, Yuan Ruiqiang, Wang Shiqin. Water diversion induces more changes in bacterial and archaeal communities of river sediments than seasonality [J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, 293: 112876. DOI:10.1016/j.jenvman.2021.112876.
- [24] Chen Ming, Bao Wenxiu, Zhang Wen, et al. Interaction characteristics of bacterial communities in water and sediment in the Yellow River based on high-throughput absolute quantification[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2025, 41(8): 268. DOI:10.1007/s11274-025-04503-7.
- [25] Argiroff W A, Zak D R, Lanser C M, et al. Microbial community functional potential and composition are shaped by hydrologic connectivity in riverine floodplain soils[J]. *Microbial ecology*, 2017, 73(3): 630-644. DOI:10.1007/s00248-016-0883-9.
- [26] Li Feilong, Zhang Yan, Altermatt F, et al. Consideration of multitrophic biodiversity and ecosystem functions improves indices on river ecological status [J]. *Environmental science & technology*, 2021, 55(24): 16434-16444. DOI:10.1021/acs.est.1c05899.
- [27] Zheng Fuchao, Zhang Tiange, Yin Shenglai, et al. Comparison and interpretation of freshwater bacterial structure and interactions with organic to nutrient imbalances in restored wetlands[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 946537. DOI:10.3389/fmicb.2022.946537.
- [28] She Yuanyang, Wang Peng, Wen Jiawei, et al. Riverine bacterial communities are more shaped by species sorting in intensive urban and agricultural watersheds [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1463549. DOI:10.3389/fmicb.2024.1463549.
- [29] Lynch M D J, Neufeld J D. Ecology and exploration of the rare biosphere[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2015, 13(4): 217-229. DOI:10.1038/nrmicro3400.
- [30] Huber P, Metz S, Unrein F, et al. Environmental heterogeneity determines the ecological processes that govern bacterial metacommunity assembly in a floodplain river system [J]. *The ISME Journal*, 2020, 14(12): 2951-2966. DOI:10.1038/s41396-020-0723-2.
- [31] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, 10(8): 538-550. DOI:10.1038/nrmicro2832.
- [32] Zhou Jizhong, Deng Ye, Luo Feng, et al. Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO<sub>2</sub> [J]. *MBio*, 2011, 2(4): e00122-11. DOI:10.1128/mBio.00122-11.
- [33] Coyte K Z, Schluter J, Foster K R. The ecology of the microbiome: networks, competition, and stability [J]. *Science*, 2015, 350(6261): 663-666. DOI:10.1126/science.aad2602.
- [34] Banerjee S, Schlaeppi K, Van Der Heiden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, 16(9): 567-576. DOI:10.1038/s41579-018-0024-1.
- [35] Lindström E S, Langenheder S. Local and regional factors influencing bacterial community assembly [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2012, 4(1): 1-9. DOI:10.1111/j.1758-2229.2011.00257.x.
- [36] Yang Nan, Hou Xing, Li Yi, et al. Inter-basin water diversion homogenizes microbial communities mainly through stochastic assembly processes [J]. *Environmental Research*, 2023, 223: 115473. DOI:10.1016/j.envres.2023.115473.
- [37] Martiny J B H, Bohannan B J M, Brown J H, et al. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, 4(2): 102-112. DOI:10.1038/nrmicro1341.
- [38] Tang Moran, Chen Qian, Xiao Xinzong, et al. Differential impacts of water diversion and environmental factors on bacterial, archaeal, and fungal communities in the eastern route of the South-to-North water diversion project [J]. *Environment International*, 2025, 195: 109280. DOI:10.1016/j.envint.2025.109280.
- [39] Wang Gelin, Gu Likun, BOHU T, et al. Deciphering microbial assembly and coexistence in rivers subjected to long-term reclaimed water replenishment [J]. *Environmental Pollution*, 2024, 363: 125299. DOI:10.

- 1016/j.envpol.2024.125299.
- [40] Fang Wangkai, Fan Tingyu, Wang Shun, et al. Seasonal changes driving shifts in microbial community assembly and species coexistence in an urban river [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 905: 167027. DOI:10.1016/j.scitotenv.2023.167027.
- [41] Stegen J C, Lin Xuejun, Fredrickson J K, et al. Estimating and mapping ecological processes influencing microbial community assembly [J]. *Frontiers in microbiology*, 2015, 6: 370. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00370.
- [42] Zhou Jizhong, Liu Wenzong, Deng Ye, et al. Stochastic assembly leads to alternative communities with distinct functions in a bioreactor microbial community [J]. *mbio*, 2013, 4 (2) : e00584-12. DOI: 10.1128/mbio.00584-12.
- [43] 巢欣, 杨胜娴, 刘惠秋, 等. 雅鲁藏布江下游浮游植物群落构建机制及驱动因素 [J]. *湖泊科学*, 2025, 37 (01): 215-229. DOI:10.18307/2025.0135.
- [44] 代泽成, 刘月秀, 党宁, 等. 长期氨水添加对温带草原土壤化学性质和微生物学特性的短期遗留效应 [J]. *应用生态学报*, 2023, 34(07): 1834-1844. DOI:10.13287/j.1001-9332.202307.016.
- [45] Sun Rui, Zhang Xiaowei, Guo Xiang, et al. Temperature regulates microbial community assembly and ecological function in freshwater ecosystems [J]. *Water Research*, 2022, 224: 119020. DOI: 10.1016/j.watres.2022.119020.
- [46] 王璐, 杨海军, 李玲, 等. 长白山地区溪流冻结初期凋落叶分解与底栖动物定殖的关系 [J]. *应用生态学报*, 2017, 28(11): 3775-3783. DOI:10.13287/j.1001-9332.201711.035.
- [47] Wang Yuming, Wang Yutao, Shang Jiahui, et al. Redox gradients drive microbial community assembly patterns and molecular ecological networks in the hyporheic zone of effluent-dominated rivers [J]. *Water Research*, 2024, 248: 120900. DOI: 10.1016/j.watres.2023.120900.



李君剑, 山西大学黄土高原研究所教授, 博士生导师, 墨尔本访问学者。长期从事矿区复垦区的植被恢复模式和微生物群落演替的研究, 主持国家自然科学基金项目和省部基金项目多项; 参与国家自然科学基金联合基金重点项目、国家科技支撑项目 10 余项。在 *Water research*, *European J of Soil Science* 和 *Applied Soil Ecology* 等期刊发表论文 80 多篇; 获授权专利 8 项; 获山西省科学技术奖自然科学类奖项 2 项。

(责任编辑: 陈 立)