

氟污染对宁夏清水河流域水土系统细菌群落的影响分析*

赵增锋¹, 邱小琮^{2**}, 尹娟^{1**}, 赵睿智³, 杨强强¹

(1: 宁夏大学土木与水利工程学院, 银川 750021)

(2: 宁夏大学生命科学学院, 银川 750021)

(3: 宁夏回族自治区生态环境监测中心, 银川 750000)

摘要: 为探明氟污染对水土系统细菌群落的影响, 本研究于 2022 年在宁夏清水河流域采集地表水、沉积物及河岸带土壤样本 66 组, 按地表水氟浓度划分为低氟组 ($F^- < 1.0 \text{ mg/L}$)、高氟 I 组 ($1.0 \leq F^- < 1.5 \text{ mg/L}$) 和高氟 II 组 ($F^- \geq 1.5 \text{ mg/L}$), 通过 16S rDNA 高通量测序及多态氟形态分析, 系统解析了氟污染下细菌群落的响应特征。结果表明: 氟污染降低了细菌 α 多样性 (低氟组 > 高氟 I 组 > 高氟 II 组), 但沉积物 Chao1 指数因稀有物种生态位释放而出现升高现象。弯曲杆菌门 (*Campilobacterota*) 和脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 被鉴定为耐氟菌门, 其中脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 的物种以低丰度参与硫酸盐还原缓解氟毒性。硫卵菌属 (*Sulfurovum*) 等是水土系统中的耐氟细菌属。细菌参与下沉积物/土壤中的残余固定态氟 (Res-F) 主要通过分解转化为其他形态, 土壤环境更有利于细菌对 Res-F 的分解。本研究首次建立了清水河流域细菌群落与多态氟的关联框架, 加深了人们对河流生态系统中氟化物对细菌群落影响的理解, 为制定切实有效的生态环保政策提供了科学依据, 有助于阻断或减轻氟化物对生态环境的潜在风险。

关键词: 宁夏; 清水河; 水土系统; 氟化物; 细菌

Effect of Fluoride Pollution on the Bacterial Community in the Water-Soil System of the Qingshui River Basin in Ningxia*

Zhao Zengfeng¹, Qiu Xiacong^{2**}, Yin Juan^{1**}, Zhao Ruizhi³, Yang Qiangqiang¹

(1: School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, P.R.China)

(2: School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan 750021, P.R.China)

(3: Ningxia Environment Monitoring Center, Yinchuan 750000, P.R.China)

Abstract: The study was conducted with the objective of investigating the impact of fluoride pollution on bacterial communities in the water-soil system. 66 sets of surface water, sediment, and riparian soil samples were collected from the Qingshui River basin in Ningxia in 2022. The samples were categorized into three distinct groups based on the fluoride concentration in the surface water: low fluoride group ($F^- < 1.0 \text{ mg/L}$), high fluoride I group ($1.0 \leq F^- < 1.5 \text{ mg/L}$), and high fluoride II group ($F^- \geq 1.5 \text{ mg/L}$). The bacterial community responses were systematically analysed through 16S rDNA high-throughput sequencing and polymorphic fluoride species analysis. The results indicated that fluoride pollution led to a decrease in bacterial α -diversity (low fluoride group > high fluoride I group > high fluoride II group), although the Chao1 index of sediments increased due to

* 2024-12-09 收稿, 2025-04-02 收修改稿。

宁夏自然科学基金重点项目 (2023AAC02026) 和 宁夏高等学校一流学科建设 (水利工程) 项目 (NXYLXK2021A03) 联合资助。

** 通信作者: E-mail: qiu_xc@nxu.edu.cn, yj7115@126.com。

niche release by rare species. The phyla *Campilobacterota* and *Desulfobacterota* were identified as fluoride-tolerant bacterial phyla, with species of *Desulfobacterota* participating in sulfate reduction to alleviate fluoride toxicity at low abundances. Genera such as *Sulfurovum* have been identified as fluoride-tolerant bacterial genera within the water-soil system. The conversion of residual fixed fluoride (Res-F) in sediments and soils was facilitated by bacteria, who accomplished this by decomposing and transforming it into other forms. It was found that soil environments were more favourable for bacterial decomposition of Res-F. This study establishes the first framework linking bacterial communities to polymorphic fluoride in the Qingshui River basin, thereby enhancing the understanding of the impact of fluoride on bacterial communities in river ecosystems. The scientific basis for the development of effective ecological and environmental protection policies is provided, thus contributing to the mitigation or reduction of the potential risks of fluoride pollution to the ecological environment.

Key words: Ningxia; Qingshui River; soil-water system; fluoride; bacteria

氟在各种介质中的存在形态及转化过程在持续、缓慢地变化,并以循环周转的方式在地球表生环境与深部环境之间进行交换,彼此成为源和汇^[1]。学术界针对氟的赋存形态尚未形成一致的观点^[2],目前国内普遍认可的是谢正苗等^[3]和吴卫红等^[4]所划分的:水溶态(Ws-F)、可交换态(Ex-F)、铁锰氧化物态(Fe/Mn-F)、有机束缚态(O.M.-F)和残余固定态(Res-F)。氟的5种形态中,Ws-F和Ex-F对植物、动物、微生物及人类有较高的有效性,被称为生物有效态氟。生物有效态氟的含量及其形态转化过程直接关系到区域生态安全与居民健康。

微生物在生物地球化学系统中扮演着重要角色,不仅调节生态系统,还影响地质环境中的生物化学过程^[5]。目前,微生物已广泛应用于浸矿领域^[6-8],能够通过促进矿物分解来推动元素循环^[9,10],但氟含量较高的矿物溶解会对浸矿微生物产生抑制作用^[11]。此外,微生物还在矿物形成过程中发挥调节作用^[12,13],例如,在镁离子的参与下,微生物对碳酸盐矿物的形成及其矿物学特征具有重要影响^[12]。然而,关于环境微生物与水土系统中氟相互作用的研究仍处于起步阶段。

现有研究表明,高氟环境可能降低细菌的多样性^[14],并对芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)产生毒性效应^[15]。尤尼亚属(*Yoonia*)、栖湖菌属(*Limnohabitans*)、氢噬菌属(*Hydrogenophaga*)等被认为是潜在的耐氟细菌属^[16]。原生微生物代谢活动能够显著促进沉积物中氟的迁移与释出^[17],沉积物中的总氟含量也能驱动淡水灌区沉积物微生物群落的演变^[18],孔隙水中的F⁻能促进沉积物中*Fusibacter*的生命活动^[19]。在微生物对氟形态分布及转化的影响方面,仅有乌兰图亚等^[20]的研究表明,在短期内微生物对土壤氟形态分布的影响主要集中在土壤Ws-F的变化上,且不同菌种间存在显著差异。

本文以典型高氟水系清水河为研究对象,依据地表水中的氟浓度,将66组样本分为低氟组(20组样本)、高氟I组(35组样本)和高氟II组(11组样本),研究目标为:1)系统分析该河流在不同氟污染水平下细菌群落的多样性和结构差异;2)识别不同氟污染条件下的优势细菌物种;3)探讨优势细菌属与多态氟之间的关系。本研究首次建立了细菌群落与多态氟之间的联系,对于深入了解河流生态环境及采取相应措施解决河流氟污染问题具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

清水河流域地理坐标在东经105°00′~107°07′,北纬35°36′~37°37′之间^[21],地处温带半干旱气候区,区域气温由北向南递减,呈南寒北暖、南湿北干的特点^[22]。南部地区属暖温带半湿润区,中部属中温带半干旱区,北部为中温带干旱区。

1.2 样品采集与预处理

清水河采样点位置如图 1 所示。根据清水河水文规律和支流分布情况，在清水河干流设置 22 个采样点位，采样时间为 2022 年 5 月（平水期）、7 月（丰水期）和 12 月（枯水期）。水体和沉积物采集方法参照文献^[21-23]。除此之外，采集表层土壤（0~20 cm）与表层沉积物间隙水，间隙水通过挤压获得。同一个样点的样品采集时均采集多份进行均匀混合，水样、沉积物和河岸带的土壤各分成两份，一份用于检测氟化物，一份用于细菌 16S rDNA 高通量测序。

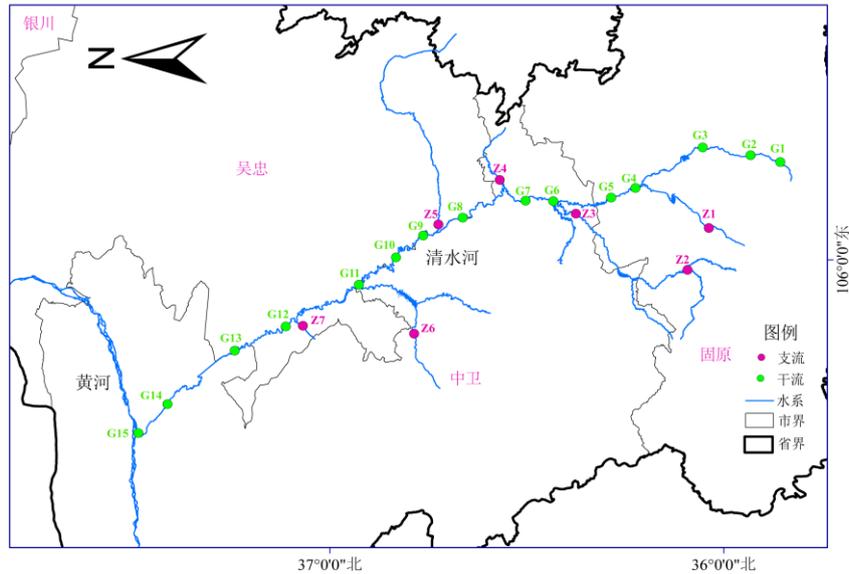


图 1 清水河流域采样点位布置图

Fig.1 Layout of sampling locations in the Qingshui River Basin

1.3 多态氟的测定

地表水和间隙水的 F⁻ 采用离子选择电极法（GB 7484-87），沉积物和土壤总氟（T-F）采用离子选择电极法（HJ 873-2017），5 种形态氟的测定方法参照李明珠等^[24]和张博等^[25]的研究，在考虑实验精度和便捷性的情况下确定检测方法如下：

- (1) Ws-F: 土样 5g，加入 50.0 ml 去离子水，常温振荡 30 min，静置后离心取上清液待测；
- (2) Ex-F: 将 (1) 中离心后的样品洗涤，加入 50 ml 1 mol/L 醋酸钠（NaAc）溶液，常温振荡 1 h 后，离心取上清液待测；
- (3) Fe/Mn-F: 将 (2) 中离心后的样品洗涤，加入 0.5 mol/L 的盐酸羟胺 50 ml，常温振荡 1 h，离心取上清液待测；
- (4) O.M.-F: 将 (3) 中离心后的样品洗涤，加入 30% 的双氧水（H₂O₂）在室温下氧化 2 h，然后 90 °C 水浴至 H₂O₂ 被完全赶走，加入 3.2 mol/L 醋酸铵（NH₄Ac）溶液，常温振荡 30 min，离心待测；
- (5) Res-F: T-F 减去其他 4 种形态氟的总量，即为 Res-F 含量。

待测液在检测时均采用离子选择电极法，加入总离子强度缓冲溶液（TISAB）。

1.4 16S rDNA 高通量测序

使用 NucleoSpin 96 soi（MACHEREYNAGEL, Dueren, Germany）按照制造商的方案提取总 DNA。之后使用琼脂糖凝胶电泳检测提取出的 DNA 纯度和浓度，随后取适量 DNA 于离心管中，并用无菌水稀释至 1 ng/μl。以稀释后的基因组 DNA 为模板，细菌使用引物为 341 F（5'-CCTACGGGAGGCAGCAG-3'）和 806 R（5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'）用于扩增细菌 rDNA 的 V3-V4 区域。所有 PCR 反应均

使用 15 μL 的 High-Fidelity PCR Master Mix (New England Biolabs, Ipswich, MA, USA)、0.2 μm 正向、反向引物和约 10 ng 模板 DNA 进行。热循环包括在 98 $^{\circ}\text{C}$ 下初始变性 1 分钟, 随后是在 98 $^{\circ}\text{C}$ 下变性 10 秒, 在 50 $^{\circ}\text{C}$ 下退火 30 秒, 在 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 30 秒的 30 个循环。最后, 在 72 $^{\circ}\text{C}$ 下保持 5 分钟。

使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 并进行等量混样。再次电泳后, 使用 Qiagen 胶回收试剂盒回收目的条带。利用 NEBNext[®] Ultra[™] IIDNA Library Prep Kit 构建文库, 通过 Qubit 和 Q-PCR 定量, 合格后用 NovaSeq6000 进行测序。测序后, 对数据进行质控和嵌合体去除, 使用 QIIME2 软件的 DADA2 模块降噪并过滤丰度小于 5 的序列, 获得扩增子序列变体 (ASVs, Amplicon Sequence Variant) 和特征表。接着, 用 QIIME2 的 classify-sklearn 模块将 ASVs 与 Silva138.1 数据库比对获取物种信息。测序和注释由北京诺禾致源生物科技有限公司完成。

1.5 数据分析与绘图

使用 QIIME2 软件计算细菌的 α 多样性指数 (Chao1、ASV、Pielou_e 和 Shannon), 对丰度前 35 的属进行物种丰度聚类分析和与多态氟的相关分析, 计算和绘图在诺禾云平台完成 (<https://magic.novogene.com/>)。细菌 α 多样性指数的组间差异分析在派诺森基因云平台进行 (<https://www.genesccloud.cn/chart/ChartOverview>), 采用 Kruskal-Wallis 检验和 Dunn's test 进行显著性分析。

采样点位布置图采用 ArcGis 10.6 绘制, 门水平细菌群落结构柱状堆积图采用 Origin2021 绘制。参照《地表水环境质量标准 (GB 3838-2025)》, 按地表水 F 浓度对研究区的样本进行分组, 其中低氟组 $F < 1.0 \text{ mg/L}$ (III 类及以上水质要求), 高氟 I 组 $1.0 \leq F < 1.5 \text{ mg/L}$ (IV-V 类水质要求), 高氟 II 组 $F \geq 1.5 \text{ mg/L}$ (低于 V 类水质要求)。图中 WLF、WHF I、WHF II 分别表示水体低氟组、高氟 I 和高氟 II 组, SLF、SHF I、SHF II 分别表示沉积物低氟组、高氟 I 和高氟 II 组, SOLF、SOHF I、SOHF II 分别表示土壤低氟组、高氟 I 和高氟 II 组。

2 结果与分析

2.1 清水河水土系统中氟化物的含量

清水河地表水氟浓度均值分别为低氟组 0.72 mg/L、高氟 I 组 1.23 mg/L 和高氟 II 组 2.23 mg/L, 明显高于塔里木河^[26, 27]、永定河流域^[28]以及大清河流域^[29]的氟浓度水平, 并且在黄河流域宁夏段仅次于苦水河和青石段黄河东岸排水沟^[30], 表明清水河氟污染问题的紧迫性。沉积物间隙水氟浓度均值为低氟组 0.84 mg/L、高氟 I 组 1.23 mg/L 和高氟 II 组 1.66 mg/L, 沉积物和河岸带土壤的氟含量如表 1 所示。在氟的多种形态中, 只有生物有效态氟 (Ws-F 和 Ex-F) 对生物产生毒性效应。沉积物和河岸带土壤中的生物有效态氟总量呈现低氟组 < 高氟 I 组 < 高氟 II 组的递增趋势, 进一步验证了根据地表水氟浓度进行样品分组的合理性。

我国关于土壤氟的研究较为广泛, 而关于沉积物氟的研究相对较少。与全国表层土壤背景值 (478 mg/kg)^[31]、安徽省土壤^[32]、阿克苏河流域自然土壤^[33]、奎屯河流域沉积物^[34]以及达里诺尔湖沉积物^[35]的 T-F 含量相比, 清水河沉积物和河岸带土壤的 T-F 含量在全国范围内处于较高水平。除沉积物低氟组外, 其他组别的 T-F 含量均低于宁夏土壤背景值 (531 mg/kg), 这可能与 Res-F 不断转化为溶解态并向水体中迁移的过程有关。河岸带土壤中的氟源物质, 如绿泥石等, 通过径流作用大量进入沉积物, 从而导致河岸带土壤的 T-F 含量低于沉积物^[36]。这一现象提示, 清水河地区的氟污染不仅与地质本身的特性相关, 还与水文过程及氟的转化与迁移密切相关。达里诺尔湖的多态氟含量为: Ws-F 34.23 mg/kg, Ex-F 0.20 mg/kg, Fe/Mn-F 16.16 mg/kg, O.M.-F 72.96 mg/kg, Res-F 519.51 mg/kg^[35]。与此相比, 清水河流域的多态氟中, 除 Ex-F 含量明显高于达里诺尔湖外, 沉积物低氟组的 Res-F 略高于达里诺尔湖, 其余氟形态的含量均低

于达里诺尔湖。此外，Ws-F 和 Ex-F 二者处于动态平衡^[37]，当 Ws-F 大量淋失的情况下，其他形态氟会不断的转化为 Ex-F 以补充其淋失量，这一现象在沉积物和土壤中均有较好的体现。

表 1 沉积物和河岸带土壤多态氟赋存特征

Table 1 The occurrence characteristics of polymorphic fluorine in sediments and riparian soils

介质	分组	Ws-F (mg/kg)	Ex-F (mg/kg)	Fe/Mn-F (mg/kg)	O.M.-F (mg/kg)	Res-F (mg/kg)	T-F (mg/kg)
沉积物	低氟组	9.21	3.10	10.36	19.39	522	564
	高氟I组	10.34	2.89	9.50	16.18	427	466
	高氟II组	17.69	2.75	9.55	26.08	439	495
河岸带土壤	低氟组	7.64	2.92	7.00	16.43	464	498
	高氟I组	9.68	3.16	8.25	15.49	401	438
	高氟II组	9.05	4.15	7.17	17.82	414	452

2.2 清水河不同氟污染条件下水土系统细菌群落 Venn 图

如图 2 所示，ASV 数在同一生境不同氟浓度分组中均表现为高氟II组 < 低氟组 < 高氟I组，在同一氟浓度分组不同生境中均表现为水体最低，沉积物和土壤差异不大。三种生境单独的 ASV 数均表现为高氟I组 > 低氟组 > 高氟II组，表明高氟I组存在更多的特有细菌。三个氟浓度分组单独的 ASV 数均表现为土壤 > 沉积物 > 水体，表明土壤存在更多的特有细菌。

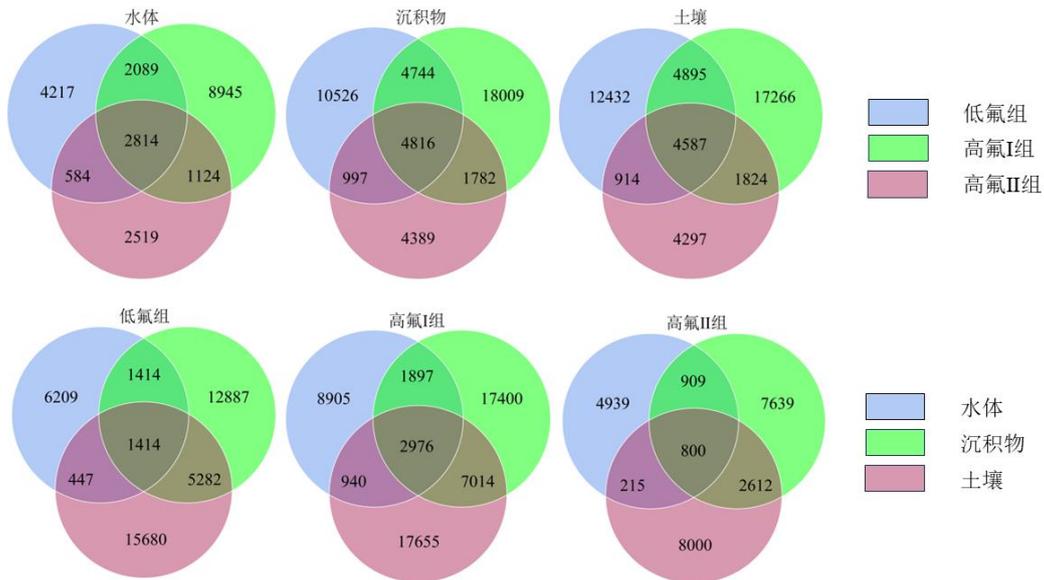


图 2 不同分组条件下的细菌 Venn 图

Fig.2 Bacterial Venn diagrams under different grouping conditions

2.3 清水河不同氟污染条件下水土系统细菌 α 多样性指数差异性分析

清水河不同氟浓度分组的细菌 α 多样性指数 (Chao1、ASV、Pielou_e、Shannon) 如图 3 所示。三个氟浓度分组中，细菌 α 多样性指数总体上表现为低氟组 > 高氟I组 > 高氟II组，尤其土壤低氟组与高氟I组、

高氟II组的细菌 Pielou_e 和 Shannon 指数呈显著差异, 表明氟污染已经改变了细菌的群落结构, 三种生境中对土壤的影响更为明显。同一生境不同氟浓度分组的细菌 α 多样性指数差异小于同一氟浓度分组不同生境的细菌 α 多样性指数差异。在同一氟浓度分组中, 水体和沉积物、土壤细菌的 α 多样性指数空间差异均达到显著水平, 水体细菌的 α 多样性指数显著低于沉积物和土壤细菌。

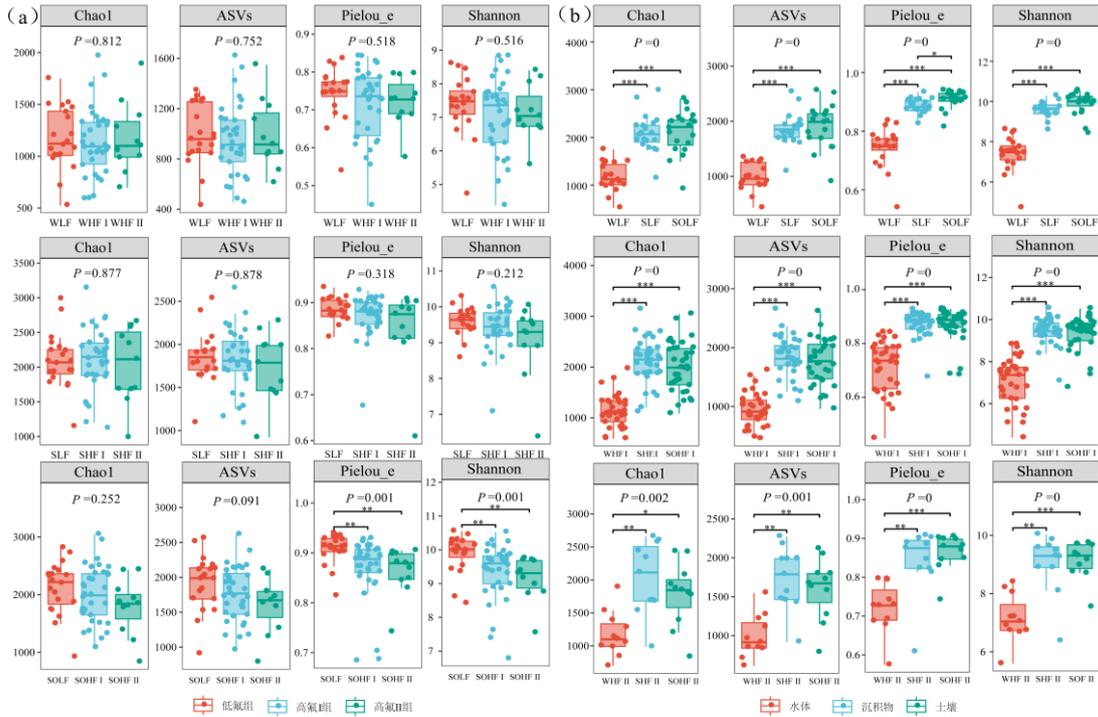


图3 不同分组条件下的细菌 α 多样性指数图 (a 为按同一生境不同氟浓度进行的分组, b 为按同一氟浓度不同生境进行的分组)

Fig.3 Bacterial α -diversity index charts under different grouping conditions

(Note : Figure a is grouped according to different fluoride concentrations in the same habitat,
Figure b is grouped according to different fluoride concentrations in the same habitat)

2.4 清水河不同氟污染条件下水土系统门水平细菌群落结构

如图 4 所示, 9 个分组中共有优势菌门 (相对丰度 $>1\%$) 为变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、放线菌门 (*Actinobacteriota*)、蓝细菌门 (*Cyanobacteria*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobiota*), 最优势菌门均为变形菌门 (*Proteobacteria*), 相对丰度均超过 40%。

相比于水体细菌, 沉积物和土壤中相对丰度较大 (相对丰度 $>5\%$) 的细菌群落不同氟浓度分组中存在较大差异。三种生境所有氟浓度分组共有且相对丰度较大的群落为变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、放线菌门 (*Actinobacteriota*)。此外, 蓝细菌门 (*Cyanobacteria*) 为水体三种氟浓度分组中相对丰度较大的群落, 弯曲杆菌门 (*Campilobacterota*) 为水体高氟II组中相对丰度较大的群落, 厚壁菌门 (*Firmicutes*) 为沉积物三种氟浓度分组和土壤低氟组、高氟I组中相对丰度较大的群落, 脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 为沉积物高氟I组和高氟II组中相对丰度较大的群落, 酸杆菌门 (*Acidobacteriota*) 为土壤低氟组中相对丰度较大的群落。

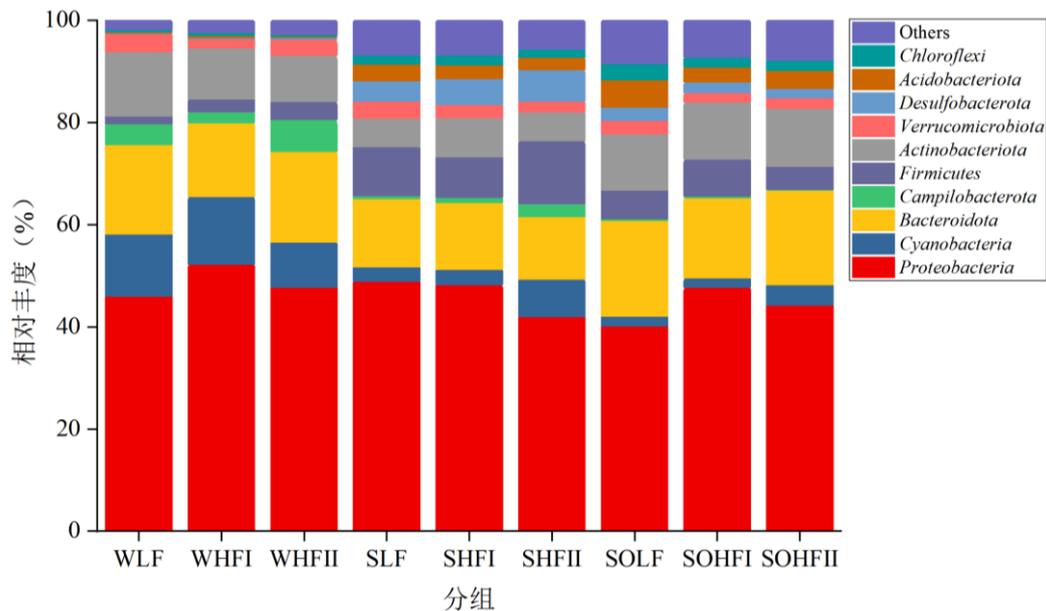


图 4 不同分组条件下的优势细菌门柱状堆积图

Fig.4 Columnar stacking diagram of dominant bacteria under different grouping conditions

2.5 清水河不同氟污染条件下水土系统属水平细菌群落结构

不同氟浓度分组条件下的优势属聚类热图如图 5 所示。水体在高氟 II 组、沉积物和土壤在高氟 I 组与其他组差异较大，不同生境间的聚类差异明显，其中水体细菌属水平的差异最大，沉积物和土壤具有较强的相似性。35 个属隶属于 7 个门，优势属（相对丰度 > 1%）在水体低氟组有 12 个、高氟 I 组有 14 个、高氟 II 组有 17 个，在沉积物低氟组有 6 个、高氟 I 组有 7 个、高氟 II 组有 17 个，在土壤低氟组、高氟 I 组和高氟 II 组均有 5 个。*Chloroplast*、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 是 9 个分组中共有优势属。栖湖菌属 (*Limnohabitans*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、*hgcI_clade*、*Clade_III*、弓杆菌属 (*Arcobacter*)、氢嗜菌属 (*Hydrogenophaga*) 是水体细菌共有优势属，氢嗜菌属 (*Hydrogenophaga*)、苍黄杆菌属 (*Luteolibacter*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 是沉积物细菌共有优势属，鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、盐单胞菌属 (*Halomonas*) 是土壤细菌共有优势属。

在水体三个分组中，希瓦氏菌属 (*Shewanella*)、假节杆菌属 (*Pseudarcobacter*) 为低氟组特有优势属，埃希氏-志贺氏菌属 (*Escherichia-Shigella*)、罗尔斯通氏菌属 (*Ralstonia*)、*Malikia* 是高氟 I 组特有优势属，冰川菌属 (*Glaciecola*)、硫卵菌属 (*Sulfurovum*)、噬甲基菌属 (*Methylophaga*)、湖沉积杆菌属 (*Limnobacter*)、*Cyanobium_PCC-6307*、硫发菌属 (*Thiothrix*) 是高氟 II 组特有优势属。在沉积物三个分组中，乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 是低氟组特有优势属，沃尔巴克氏体属 (*Wolbachia*)、硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 是高氟 I 组特有优势属，硫卵菌属 (*Sulfurovum*)、烂泥杆菌属 (*Lutibacter*) 是高氟 II 组特有优势属。在土壤三个分组中，色盐杆菌属 (*Chromohalobacter*) 是高氟 I 组特有优势属。

2.6 清水河优势细菌与氟赋存形态的关系

图 6 可知，沉积物中多数优势细菌属与生物有效态氟的关系不显著，与 O.M.-F 呈显著相关的优势细菌属最多，与 T-F、Res-F 呈显著相关的优势细菌属主要表现为负相关。*Geothermobacter*、*Leptolyngbya_EcFYyy.00* 与 Ws-F 分别呈极显著正相关 ($P < 0.01$) 和显著负相关 ($P < 0.05$)。罗尔斯通

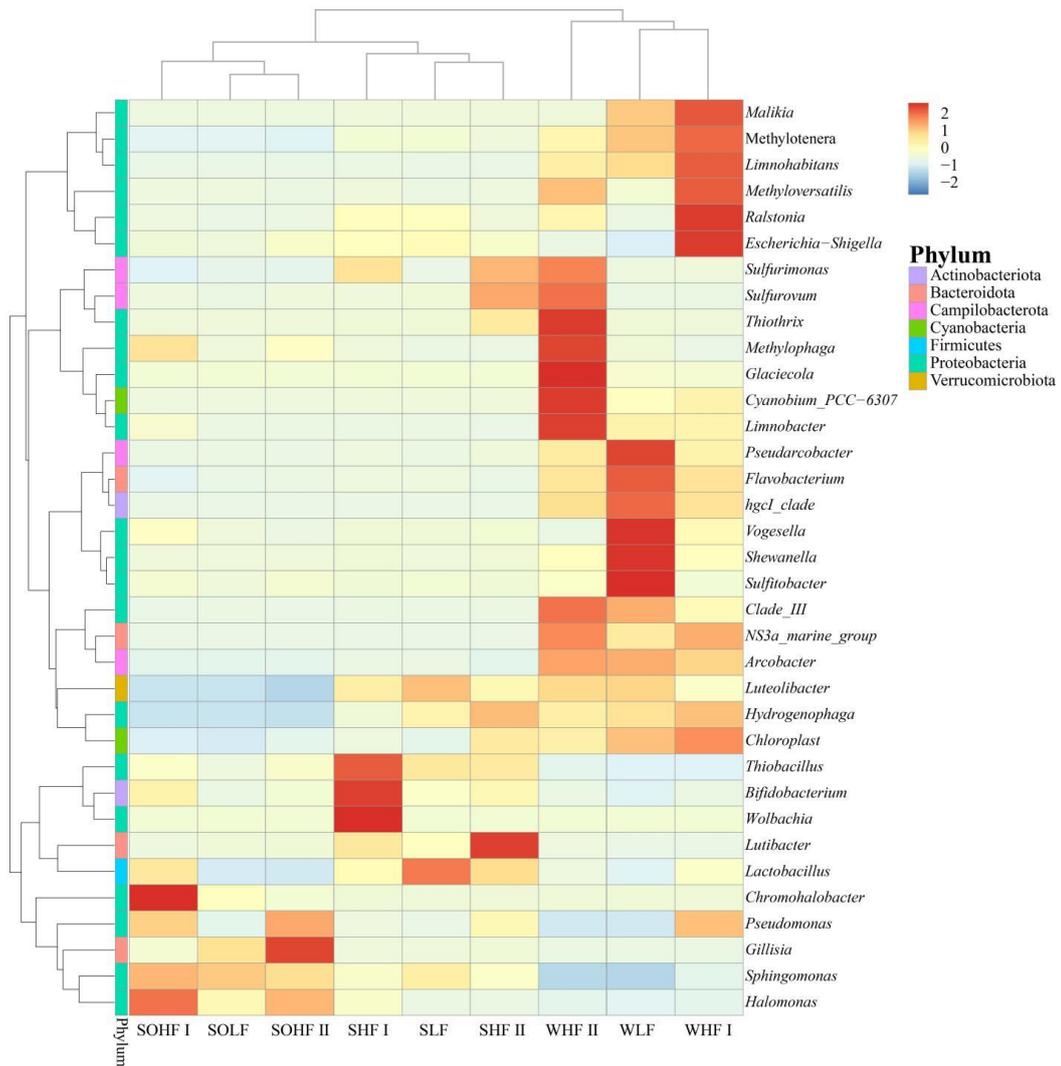


图 5 不同氟浓度分组细菌属水平群落结构聚类热图

Fig.5 Cluster heatmap of bacterial genus-level community structure under different fluoride concentration groupings

氏菌属 (*Ralstonia*) 和苍黄杆菌 (*Luteolibacter*) 与 Ex-F 分别呈显著负相关 ($P < 0.05$) 和显著正相关 ($P < 0.05$)。砂单胞菌属 (*Arenimonas*)、*Geothermobacter*、苍黄杆菌 (*Luteolibacter*) 与 Fe/Mn-F 呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 正相关, *Leptolyngbya_EcFYyy.00*、鞘鞍醇单胞菌 (*Sphingomonas*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 与 Fe/Mn-F 呈显著负相关 ($P < 0.05$)。粪杆菌 (*Faecalibacterium*)、发硫菌属 (*Thiothrix*)、无色杆菌属 (*Achromobacter*)、阿克曼氏菌属 (*Akkermansia*)、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、苍黄杆菌 (*Luteolibacter*)、双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*)、硫卵菌属 (*Sulfurovum*) 与 O.M.-F 呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 正相关, 索氏菌属 (*Thauera*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、罗尔斯通氏菌属 (*Ralstonia*)、海源菌属 (*Idiomarina*)、军团杆菌属 (*Legionella*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、硫杆菌属 (*Thiobacillus*)、沃尔巴克氏体属 (*Wolbachia*) 与 O.M.-F 呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 负相关。粪杆菌 (*Faecalibacterium*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、需盐杆菌属 (*Salagentibacter*)、*Sva1033*、

盐单胞菌属 (*Halomonas*)、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、海源菌属 (*Idiomarina*)、*Marinobacter*、军团杆菌属 (*Legionella*) 与 T-F 或 Res-F 呈显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 负相关。

除此之外，粪杆菌 (*Faecalibacterium*)、*Geothermobacter*、需盐杆菌属 (*Salegentibacter*)、*Sva1033*、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、*Marinobacter* 与生物有效态氟含量、Ws-F 占比、Ex-F 占比及生物有效态氟占比的其中一个或多个呈显著 ($P<0.05$) 或极显著正相关 ($P<0.01$)，索氏菌属 (*Thauera*)、*Leptolyngbya_EcFYyyy.00*、假黄色单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*)、氢噬菌属 (*Hydrogenophaga*) 与之呈显著 ($P<0.05$) 或极显著负相关 ($P<0.01$)。黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、砂单胞菌属 (*Arenimonas*)、无色杆菌属 (*Achromobacter*)、阿克曼氏菌属 (*Akkermansia*)、苍黄杆菌 (*Luteolibacter*)、*Chloroplast* 与间隙水 F⁻呈显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 负相关，不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、罗尔斯通氏菌属 (*Ralstonia*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 与间隙水 F⁻呈显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 正相关。

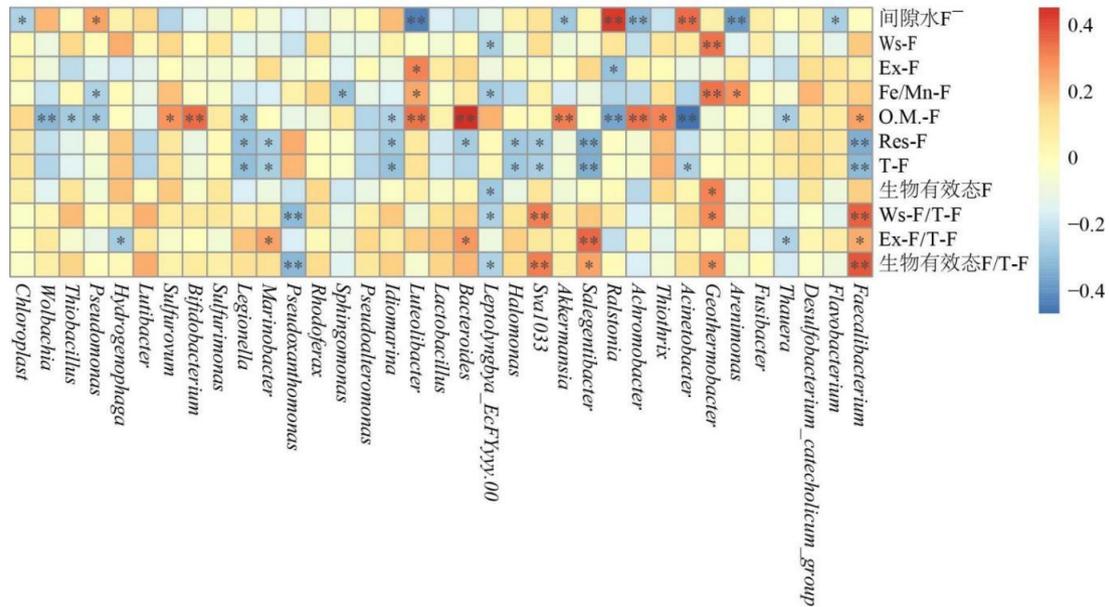


图6 沉积物优势属细菌相对丰度与氟组分含量的相关性分析

Fig.6 Correlation analysis between the relative abundance of dominant bacteria in sediments and the content of fluorine components

由图 7 可知，相比于沉积物，与生物有效态氟呈显著相关的土壤优势属更少，但与 Res-F、T-F 呈显著相关的土壤优势属增多。只有产碱杆菌属 (*Alcaligenes*) 与 Ws-F 呈显著负相关 ($P<0.05$)，*MND1*、色盐杆菌属 (*Chromohalobacter*) 与 Ex-F 呈显著负相关 ($P<0.05$)，*S0134_terrestrial_group* 与 Fe/Mn-F 呈极显著正相关 ($P<0.01$)。别样海源菌属 (*Aliidiomarina*)、固氮弧菌属 (*Azoarcus*)、色盐杆菌属 (*Chromohalobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 与 O.M.-F 呈显著负相关 ($P<0.05$)，阿克曼氏菌属 (*Akkermansia*)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 与 O.M.-F 呈极显著正相关 ($P<0.01$)。*Sva1033*、栖海胆菌 (*Echinicola*)、*Marinobacterium*、海源菌属 (*Idiomarina*)、别样海源菌属 (*Aliidiomarina*)、嗜碱海水微生物 (*Marinimicrobium*)、噬甲基菌属 (*Methylophaga*)、盐水微生物属 (*Salinimicrobium*)、需盐杆菌属 (*Salegentibacter*)、*Marinobacter*、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、*Chloroplast*、色盐杆菌属 (*Chromohalobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 与 T-F 或 Res-F 呈显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 负相关，*MND1*、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 与 T-F 或 Res-F 呈显著 ($P<0.05$) 或极显著 ($P<0.01$) 正相关。

此外，*MND1* 与 Ex-F 占比呈极显著负相关 ($P<0.01$)，产碱杆菌属 (*Alcaligenes*) 与生物有效态氟

含量呈显著负相关 ($P < 0.05$)。栖海胆菌 (*Echinicola*)、嗜碱海水微菌 (*Marinimicrobium*)、*Kocuria*、盐单菌属 (*Salinimicrobium*)、*Marinobacter*、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 与 Ws-F 占比、Ex-F 占比或生物有效态氟占比呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 正相关。

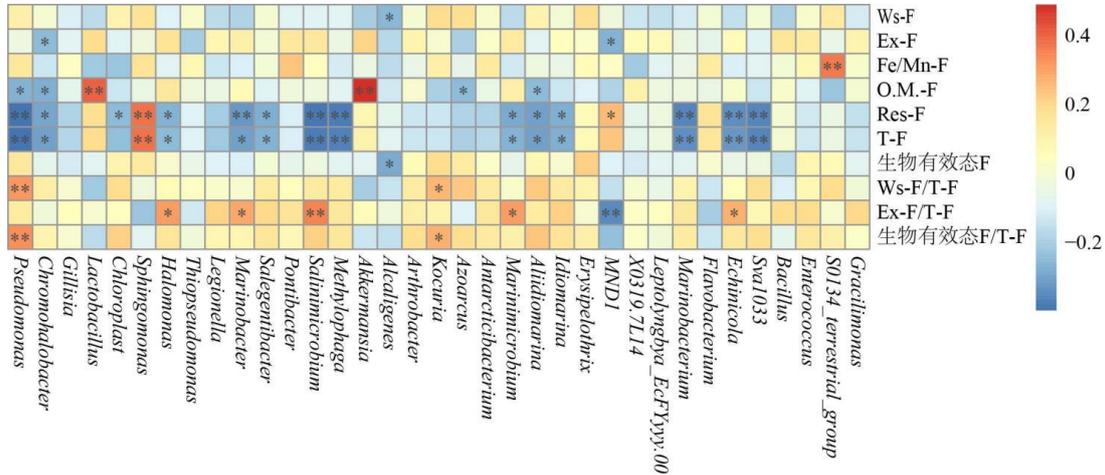


图7 河岸带土壤优势属细菌相对丰度与氟组分含量的相关性分析

Fig.7 Correlation analysis between the relative abundance of dominant bacteria in riparian soil and the content of fluorine components

3 讨论

3.1 氟污染对细菌群落结构和多样性的影响

本研究揭示了氟污染会降低清水河水土系统的细菌 α 多样性 (低氟组 > 高氟I组 > 高氟II组), 这一趋势在土壤生境中尤为显著 (图 3)。此结果与朱翔等^[19]在湖泊沉积物以及 Yasuda K 等^[38]在小鼠口腔中的研究一致, 即高氟浓度通过抑制敏感菌群的代谢活性导致多样性下降。然而, 沉积物的 Chao1 指数并未随氟浓度升高而降低, 可能与氟在沉积物中通过两种途径影响群落构建有关: ①确定性选择: 抑制敏感菌 (降低 ASV); ②生态位分化: 释放空间促进稀有菌扩散 (提升 Chao1)^[39]。本研究中高氟I组表现出更多的特有 ASV (图 2), 这可能源于长期氟暴露下耐受菌的适应性分异^[40]。值得注意的是, 尽管高氟II组样本量较少 ($n=11$), 其 α 多样性仍明显低于其他组, 尤其在土壤中表现明显, 提示氟污染对微生物群落的抑制作用具有剂量依赖性, 与 Cui & Yang^[14]在农田土壤中的氟胁迫实验结论吻合。周期性干湿交替形成从饱和到非饱和的连续水分梯度^[41], 促进好氧、兼性厌氧和厌氧微生物的共存, 可能是河岸带土壤存在更多特有细菌的原因。沉积物中固体颗粒物能够为细菌提供必要的附着体和充足的营养物^[42, 43], 同时沉积物具有更宽的生态位, 减少了物种之间对资源的竞争, 有利于不同物种共存^[42]。河岸带土壤与沉积物具有类似的性质, 因此沉积物和土壤细菌多样性高于水体。

门水平上, 变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 和放线菌门 (*Actinobacteriota*) 在各类生境中均占优势 (图 4), 这与 Zhao 等^[23]在黄河干流宁夏段以及 Liu 等^[44]在漓江流域的淡水细菌群落研究结果一致, 表明这些门类具有广泛的环境适应策略。值得关注的是, 弯曲杆菌门 (*Campilobacterota*) 在水体高氟II组丰度显著增加 (相对丰度 > 5%), 可能与其硫氧化功能相关, 如隶属于弯曲杆菌门 (*Campilobacterota*) 的弓杆菌属 (*Arcobacter*) 就属于典型的硫氧化菌^[45]。微生物可通过吸附、矿化、吸收和积累、细胞外沉淀、酶转化和细胞外排, 以适应氟毒性^[46]。脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 的多数菌种具有硫酸盐还原功能^[47], 其在沉积物高氟组中丰度上升 (图 4), 暗示其可能通过硫酸盐还原途径缓解氟毒性。

属水平上, 水体中的优势属(相对丰度>1%)数目最多, 反映了水体细菌群落组成的不均匀性。氟污染降低了细菌物种多样性, 但增加了优势属, 即物种总数降低, 不耐氟的被抑制。这一现象在沉积物中最明显, 高氟II组优势属跃升至 17 个(图 5)。35 个属隶属于 7 个门, 但却没有隶属于耐氟的脱硫杆菌门(*Desulfobacterota*)的属, 表明隶属于脱硫杆菌门(*Desulfobacterota*)的物种是低丰度物种。假单胞菌属(*Pseudomonas*)作为跨生境共有优势属(图 5), 其耐氟特性可能源于其对含氟磷灰石的溶解能力^[46], 而黄杆菌属(*Flavobacterium*)和栖湖菌属(*Limnohabitans*)的广适性(图 5)则可能与其分泌胞外多糖结合氟离子的能力有关^[16]。与谢磊^[16]的研究不同, 我们认为水体中的优势属还包括 *hgcI_clade*、*Clade_III* 和弓杆菌属(*Arcobacter*), 这一差异可能与我们研究中涵盖了支流有关。与干流相比, 支流具有更高的含盐量, 尤其支流流经石膏地层等^[21], 使硫酸化菌如弓杆菌属(*Arcobacter*)^[45]和耐盐菌如 *Clade_III* 等占据了优势地位。硫卵菌属(*Sulfurovum*)是硫循环微生物^[48], 湖沉积杆菌属(*Limnobacter*)可以氧化硫^[49], 噬甲基菌属(*Methylophaga*)是嗜盐菌^[50], 烂泥杆菌属(*Lutibacter*)出现在海洋中^[51], 盐单胞菌属(*Halomonas*)、色盐杆菌属(*Chromohalobacter*)均是嗜盐微生物^[52], 吉莱氏菌属(*Gillisia*)是次生盐碱土的优势属^[53]。清水河氟化物主要来源于硫酸盐矿物溶解^[21], 以上菌属分别在三种生境的高氟组中表现出较高的丰度, 一方面由于其耐氟、耐盐和硫循环功能, 另一方面也可能参与了氟赋存形态的转化, 促进了生物有效态氟含量的升高。

3.2 优势细菌对氟赋存形态转化的影响

T-F 主要由 Res-F 组成, 且与沉积物/土壤中的 T-F 和 Res-F 呈显著相关的优势属大多数表现出负相关性。因此, 推测在细菌的参与下, 沉积物/土壤中的 Res-F 主要通过分解转化为其他形态。如 *Marinobacter* 和 *Marinobacterium* 是海洋常见属^[54, 55], 具有极强的耐盐性和矿物分解功能^[56], 与土壤或沉积物中的 T-F 和 Res-F 分别呈显著或极显著负相关, 可能促进了 Res-F 的分解转化。

沉积物中, 假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)与 Ws-F 占比呈极显著负相关($P<0.01$), 研究认为假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)具有矿化作用^[57], 因此推测假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)可能参与矿化作用, 促进 Ws-F 向 Res-F 的逆向转化。*Geothermobacter* 与 Ws-F 及 Fe/Mn-F 含量呈极显著正相关(图 6), 结合其 Fe(III)还原功能^[58], 推测其可能通过以下耦合路径影响氟形态: 在厌氧微环境中, *Geothermobacter* 通过还原 Fe(III)氧化物(如针铁矿、赤铁矿)释放结合于矿物表面的氟离子(F^-), 直接提升 Ws-F 含量。Fe(II)的氧化可生成次生铁锰氧化物(如水钠锰矿), 通过吸附或共沉淀重新固定部分 F^- , 导致 Fe/Mn-F 含量维持高位(图 6)。这一“释放-再固定”动态平衡可能与研究区本底铁含量极高密切相关^[59, 60], 充足的 Fe 供应使次生矿物形成速率足以抵消氟释放效应。同一优势属与 O.M.-F 及间隙水 F-总体呈相反关系, 这可能与细菌在 O.M.-F 与间隙水 F-迁移转化过程中发挥了重要作用有关。如假单胞菌属(*Pseudomonas*)能够分解多种有机污染物^[61], 其可能通过分解有机物, 减少沉积物中与氟络合的腐殖质和有机酸等的含量, 进而增加氟通过间隙水的释放量。河岸带土壤中, 与 Res-F 呈显著负相关的优势属数目明显增多, 可能是土壤环境更有利于细菌对 Res-F 的分解。然而, 本研究未考虑土壤有机质(SOM)含量, 导致对 O.M.-F 转化机制的讨论存在局限性。

3.3 研究局限与未来展望

尽管本研究首次建立了清水河流域多态氟与细菌群落的关联框架, 但仍存在以下局限: (1) 样本分组仅基于地表水氟浓度, 未量化其他环境因子(如温度、盐度)的协同效应; (2) 优势菌属的功能推断依赖文献类比, 缺乏宏基因组或转录组证据。未来研究可结合多组学技术(如宏基因组、代谢流分析)解析关键菌属的氟代谢通路, 并通过室内微宇宙实验模拟不同氟形态的动态转化过程。此外, 扩大空间尺度(如跨区域对比)和长时间序列监测(如季节/年际动态)将有助于揭示氟-微生物互作的普适性规律。

4 结论

(1) 清水河流域氟污染降低了细菌的 α 多样性 (Shannon 和 Pielou_e 指数), 土壤生境对氟胁迫响应最敏感, 其 α 多样性降幅明显高于水体和沉积物。

(2) 弯曲杆菌门 (*Campilobacterota*) 和脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*) 为关键耐氟菌门, 其中硫酸化菌属 (如弓杆菌属 (*Arcobacter*)) 和硫酸盐还原菌 (如脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*)) 分别通过硫循环和代谢解毒适应高氟环境。

(3) 细菌的参与下, 促进了沉积物 O.M.-F 与间隙水 F 的迁移转化过程, 沉积物/土壤中的 Res-F 主要通过分解转化为其他形态, 土壤环境更有利于细菌对 Res-F 的分解。

(4) 研究局限性包括未量化盐度、温度等环境因子的协同效应, 以及缺乏宏基因组验证菌属功能。未来需结合多组学技术与微宇宙实验, 解析氟代谢通路并评估跨流域普适性。

5 参考文献

- [1] 曹金亮. 豫东平原高氟水赋存形态及形成机理研究[学位论文]. 武汉: 中国地质大学, 2013.
- [2] Gui JY, Han ZT, Zhang XY, et al. Speciation analysis of fluorine in soil samples. *Rock and Mineral Analysis*, 2008, 27(04):284-286. [桂建业, 韩占涛, 张向阳, 等. 土壤中氟的形态分析. 岩矿测试, 2008, 27(04):284-286.]
- [3] Xie ZM, Wu WH, Xu JM. Migration and transformation of fluoride in the environment and its ecological effects. *Advances in Environmental Science*, 1999, 7(02):41-54. [谢正苗, 吴卫红, 徐建民. 环境中氟化物的迁移和转化及其生态效应. 环境科学进展, 1999, 7(02):41-54.]
- [4] Wu WH, Xie ZM, Xu JM, et al. Characteristics of forms of fluorine in soils and influential factors. *Environmental Science*, 2002, 23(02):104-108. [吴卫红, 谢正苗, 徐建明, 等. 不同土壤中氟赋存形态特征及其影响因素. 环境科学, 2002, 23(02):104-108.]
- [5] Xu Y, He Y, Tang XJ, et al. Reconstruction of microbial community structures as evidences for soil redox coupled reductive dechlorination of PCP in a mangrove soil. *Science of the Total Environment*, 2017, 596:147-157. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2017.04.073.
- [6] Liu JC, Liu JH, Xu LL, et al. Recent research advances on microbial community structure in bioleaching. *Chinese Journal of Rare Metals*, 2021, 45(10):1258-1268. DOI: 10.13373/j.cnki.cjrm.XY20050037. [刘佳晨, 刘金辉, 徐玲玲, 等. 生物浸矿微生物群落结构研究进展. 稀有金属, 2021, 45(10):1258-1268.]
- [7] Nie L, Shui LY, Wang JY. Comparison of bacterial communities in the Baotou Quanshan gold before and after acid leaching. *Microbiology China*, 2014, 41(01):43-49. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.130087. [聂立, 税刘杨, 王建英. 包头泉山金矿浸矿酸性微生物群落优势度变化的比较研究. 微生物学通报, 2014, 41(01):43-49.]
- [8] Yu RL, Shi LJ, Zhou D, et al. Research development of microorganism synergy mechanisms during bioleaching. *The Chinese Journal of Nonferrous Metals*, 2013, 23(10):3006-3014. DOI: 10.19476/j.yssxb.1004.0609.2013.10.036. [余润兰, 石丽娟, 周丹, 等. 生物浸出过程中微生物协同作用机制的研究进展. 中国有色金属学报, 2013, 23(10):3006-3014.]
- [9] 张鑫. 硫酸盐还原菌还原分解硫酸盐矿物的机制及环境意义[学位论文]. 合肥: 合肥工业大学, 2015.
- [10] 徐沛翔. 微生物分解磷石膏同步去除可溶性污染物的研究[学位论文]. 武汉: 武汉工程大学, 2022.
- [11] Li X, Wen JK, Mo XL, et al. Mechanism of fluoride inhibition on bioleaching bacteria and competitive complexation of ferric ions. *Chinese Journal of Engineering*, 2018, 40(10):1223-1230. DOI: 10.13374/j.issn2095-9389.2018.10.009. [李想, 温建康, 莫晓兰, 等. 浸矿微生物氟抑制机理及铁的竞争络合作用. 工程科学学报, 2018, 40(10):1223-1230.]
- [12] 孙彬. 微生物作用下镁离子影响矿化产物机制研究[学位论文]. 青岛: 山东科技大学, 2020.
- [13] 刘海龙. 细菌成矿作用机制及相关生物矿物有机质解析[学位论文]. 南京: 南京师范大学, 2021.

- [14] Cui S, Yang J. Effects of fluorine on the growth of broad bean (*Vicia faba* L.) and maize (*Zea mays* L.) and the response of microbial community in soils. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2021,**232**(1).DOI: 10.1007/S11270-021-04983-X.
- [15] 王新月. 磷石膏污染农田土壤中镉、氟和磷的交互作用研究[学位论文]. 雅安: 四川农业大学, 2022.
- [16] 谢磊. 氟离子赋存下黄河上游典型支流无机氮迁移转化机制研究——以清水河为例[学位论文]. 南京: 南京信息工程大学, 2023.
- [17] Zhang YX, Gan YQ, Zhou XY, *et al.* Mobilization of fluoride in sediments at high fluoride area enhanced by microorganisms. *Bulletin of Geological Science and Technology*, 2022,**41**(3):228-235. DOI: 10.19509/j.cnki.dzqk.2022.0078. [张玉贤, 甘义群, 周肖瑜, 等. 微生物参与下高氟区沉积物中氟的迁移行为. 地质科技通报, 2022,**41**(3):228-235.]
- [18] 罗文婷. 运城盆地富钙高氟地下水成因机制研究[学位论文]. 武汉: 中国地质大学, 2021.
- [19] Zhu X, Xu ZP, Luo YD, *et al.* Effect of different fluoride concentrations of the overlying water on the release of fluoride and microbial communities of lake sediments. *Journal of Lake Sciences*, 2022,**34**(03):843-854. DOI: 10.18307/2022.0311. [朱翔, 徐志鹏, 罗一单, 等. 不同上覆水氟浓度对湖泊沉积物氟释放与微生物群落的影响. 湖泊科学, 2022,**34**(03):843-854.]
- [20] Wu LTY, Niu D, Dai G. Preliminary study on the effects of microbe on soil fluoride speciation. *Journal of Inner Mongolia Normal University (Natural Science Edition)*, 2020,**49**(06):552-557. DOI: 10.3969/j.issn.1001-8735.2020.06.014. [乌兰图亚, 牛迪, 代钢. 微生物对土壤氟形态分布的影响研究初探. 内蒙古师范大学学报(自然科学汉文版), 2020,**49**(06):552-557.]
- [21] Zhao ZF, Wang CY, Qiu XC, *et al.* Hydrochemical characteristics of surface water and genetic mechanism of high fluorine water in Qingshui River Basin in Ningxia. *Earth Science Frontiers*, 2024,**31**(06):462-473. DOI: 10.13745/j.esf.sf.2023.12.36. [赵增锋, 王楚尤, 邱小琼, 等. 宁夏清水河流域地表水水化学特征及高氟水成因机制. 地学前缘, 2024,**31**(06):462-473.]
- [22] Zhao ZF, Zhao RZ, Qiu XC, *et al.* Structural diversity of bacterial communities and its relation to environmental factors in the surface sediments from main stream of Qingshui River. *Water (Basel)*, 2022,**14**(21):3356. DOI: 10.3390/W14213356.
- [23] Zhao RZ, Zhang WJ, Zhao ZF, *et al.* Determinants and assembly mechanism of bacterial community structure in Ningxia Section of the Yellow River. *Microorganisms*, 2023,**11**(2):496. DOI: 10.3390/MICROORGANISMS11020496.
- [24] 李明珠, 张文超, 孙振涛, 等. 不同提取剂对盐碱土壤氟形态测定结果的影响. 实验技术与管理, 2021,**38**(10):33-39.
- [25] Zhang B, Guo YY, Chen JY, *et al.* Occurrence characteristics and release potential of fluoride in sediment of Daihai Lake. *China Environmental Science*, 2020,**40**(04):1748-1756. DOI: 10.19674/j.cnki.issn1000-6923.2020.0196. [张博, 郭云艳, 陈俊伊, 等. 岱海沉积物氟化物赋存特征及其释放风险. 中国环境科学, 2020,**40**(04):1748-1756.]
- [26] Zhang H, Ma YJ, Fan ZL, *et al.* Distribution and variation of fluorine ion in surface and groundwater of Tarim River. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2000(05):579-583. DOI: 10.13671/j.hjkxxb.2000.05.014. [张慧, 马英杰, 樊自立, 等. 塔里木河地表及地下水中氟离子的分布和变化规律. 环境科学学报, 2000(05):579-583.]
- [27] Zhou TX. A preliminary study on the content and distribution characteristics of fluorine in the main stream of the Tarim River Basin. *Journal of Xinjiang University*, 1994(01):84-90. [周天骧. 塔里木河干流流域水体中氟的含量及其分布特征的初步研究. 新疆大学学报(自然科学版), 1994(01):84-90.]
- [28] Wang T, Shao ZJ, Yu H, *et al.* Distribution of fluoride in surface water and a health risk assessment in the upper reaches of the Yongding River. *Journal of Geographical Sciences*, 2020,**30**(4):908-920. DOI: 10.1007/s11442-020-1761-4.
- [29] 元如雨, 赵冬梅, 翟学正, 等. 大清河下游氟离子污染特征及源解析. 绿色科技, 2022,**24**(08):89-93.
- [30] Zhao ZF, Fu YL, Qiu XC, *et al.* Characteristics and risk assessment of surface water fluorine pollution in Ningxia section of Yellow River Basin. *China Environmental Science*, 2023,**43**(11):5800-5811. DOI: 10.19674/j.cnki.issn1000-6923.2023.0205. [赵增锋, 付永亮, 邱小琼, 等. 黄河流域宁夏段地表水氟污染特征与风险评价. 中国环境科学, 2023,**43**(11):5800-5811.]
- [31] Guo ZJ, Liu F, Zhou YL, *et al.* System in Xiong' an New District potential ecological risk assessment and source analysis of heavy

- metals in soil-crop. *Environmental Science*, 2023, **44**(08):4397-4405. DOI: 10.13227/j.hjcx.202208133.[郭志娟, 刘飞, 周亚龙, 等. 雄安新区土壤氟地球化学特征及健康风险评价. 环境科学, 2023, **44**(08):4397-4405.]
- [32] Yu QY, Li XL, Wang JF, *et al.* Content of fluorine and characteristics of fluorine forms in soils of Anhui Province. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2013, **22**(07):915-921.[于群英, 李孝良, 汪建飞, 等. 安徽省土壤氟含量及其赋存特征. 长江流域资源与环境, 2013, **22**(07):915-921.]
- [33] Fu Y. The distribution of fluoride in the natural environment of the Aksu River Basin and a chemical analysis of the water in endemic fluorosis regions. *Journal of applied sciences*, 2002, **20**(02):197-201.[付炜. 阿克苏河流域自然环境中氟的分布与地方性氟中毒区水化学分析. 应用科学学报, 2002, **20**(02):197-201.]
- [34] Liu YN, Li Q, Su YP, *et al.* Influences of chemical composition of groundwater and sediments on fluorine release in Kuitun River Basin. *Journal of Changjiang River Scientific Research Institute*, 2023, **40**(10):59-65. DOI: 10.11988/ckyyb.20220344.[刘亚楠, 李巧, 宿彦鹏, 等. 奎屯河流域地下水及沉积物化学组分特征对氟释放的影响. 长江科学院院报, 2023, **40**(10):59-65.]
- [35] Chen R, Yang J, Li T, *et al.* Distribution characteristics and cause of fluoride in Dalinuoer Lake in Inner Mongolia. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2024, **14**(1):60-70. DOI: 10.12153/j.issn.1674-991X.20230149.[陈如, 杨军, 李滔, 等. 内蒙古高原达里诺尔湖氟化物分布特征及成因. 环境工程技术学报, 2023, **14**(1):60-70.]
- [36] Zhang XY, Zhang CX, Li P. Clay mineral composition and its environmental significance of the surface sediment in the Zoigê Basin on the eastern Tibetan Plateau. *Quaternary Sciences*, 2022, **42**(2):435-448. DOI: 10.11928/j.issn.1001-7410.2022.02.09.[张晓燕, 张春霞, 李佩. 青藏高原东缘若尔盖盆地表层沉积物粘土矿物组成及其环境意义探讨. 第四纪研究, 2022, **42**(02):435-448.]
- [37] 时雯雯. 新疆和田地区地下水—土壤—农作物中氟的迁移与转化[学位论文]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2022.
- [38] Yasuda K, Hsu T, Gallini C A, *et al.* Fluoride Depletes Acidogenic Taxa in Oral but Not Gut Microbial Communities in Mice. *MSystems*, 2017, **2**(4):e17-e47. DOI: 10.1128/mSystems.00047-17.
- [39] Fang Y, Wang BX, Xue ZH, *et al.* Distribution and assembly mechanisms of rare bacterioplankton community in Hanjiang River. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis*, 2023, **59**(02):309-316. DOI: 10.13209/j.0479-8023.2023.004.[方尧, 王冰雪, 薛泽环, 等. 汉江浮游细菌稀有群落的分布与构建机制. 北京大学学报(自然科学版), 2023, **59**(02):309-316.]
- [40] Qu T, Zhang H, Zhang ZM, *et al.* Research progress of fluoride resistance-related proteins EriC^{F1} and EriC^{F2} in *Streptococcus mutans*. *Oral Biomedicine*, 2018, **9**(02):102-105. DOI: 10.3969/j.issn.1674-8603.2018.02.010.[曲添, 张红, 张志民, 等. 变形链球菌氟抗性相关蛋白 EriC^{F1} 和 EriC^{F2} 研究进展. 口腔生物医学, 2018, **9**(02):102-105.]
- [41] 李梦寻. 不同干湿交替频率对土壤呼吸、速效养分的影响[学位论文]. 北京: 北京林业大学, 2017.
- [42] Wang DD, Huang YF, Yang HJ, *et al.* Differences of bacterial community co-occurrence network and assembly processes between sediment and water in lakes on the Qinghai-Tibet Plateau. *Journal of Lake Sciences*, 2023, **35**(03):959-979. DOI: 10.18307/2023.0316.[王丹丹, 黄跃飞, 杨海娇. 青藏高原湖泊沉积物与水体细菌群落共发生网络和群落构建过程差异解析. 湖泊科学, 2023, **35**(03):959-979.]
- [43] Lv B, Shi J, Li T, *et al.* Deciphering the characterization, ecological function and assembly processes of bacterial communities in ship ballast water and sediments. *Science of the total environment*, 2022, **816**:152721. DOI: 10.1016/J.SCITOTENV.2021.152721.
- [44] Liu B, Tian Z, Xie P, *et al.* Temporal and spatial dynamic changes of planktonic bacteria community structure in Li River, China: a seasonal survey. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2023, **30**(51):111244-111255. DOI: 10.1007/S11356-023-30166-8.
- [45] Liu Y, Jiang LJ, Shao ZZ. Advances in sulfur-oxidizing bacterial taxa and their sulfur-oxidation pathways. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, **58**(02):191-201. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20170138.[刘阳, 姜丽晶, 邵宗泽. 硫氧化细菌的种类及硫氧化途径的研究进展. 微生物学报, 2018, **58**(02):191-201.]

- [46] Zhou JP, Wang HM, Charles A C I, *et al.* Dissolution of Fluorapatite by *Pseudomonas fluorescens* P35 Resulting in Fluorine Release. *Geomicrobiology Journal*, 2016,**34**(5):421-433.DOI: 10.1080/01490451.2016.1204376.
- [47] 朱钰妮. 硫酸盐还原菌的筛选、驯化及在修复酸性土壤和废水中的应用[学位论文]. 合肥: 安徽建筑大学, 2024.
- [48] Wright K, Williamson C, Grasby S, *et al.* Metagenomic evidence for sulfur lithotrophy by Epsilonproteobacteria as the major energy source for primary productivity in a sub-aerial arctic glacial deposit Borup Fiord Pass. *Frontiers in Microbiology*, 2013,**4**:63.DOI: 10.3389/fmicb.2013.00063.
- [49] Yang Y, Wang H, Li KH, *et al.* Community structure and function predication of bacterial communities in the upper reaches of the Three Gorges of the Yangtze River. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(4): 1401-1415.DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20210428.[杨艳, 王浩, 李凯航, 等. 长江三峡上游水域细菌群落结构与功能预测. 微生物学报, 2022,**62**(4):1401-1415.]
- [50] Sun KX, Xin Y, Liu JW. Responses of coastal microbial communities to addition of concentrated dissolved organic matter. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, **64**(12): 4561-4577.DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20240651.[孙凯旋, 辛宇, 刘吉文. 近岸微生物群落演替特征对浓缩溶解有机质添加的响应. 微生物学报, 2024,**64**(12):4561-4577.]
- [51] Zhang XY, Zhang YZ. Research progress on polar marine microorganisms in China. *Chinese Journal of Polar Research*, 2024,**36**(03):352-360.DOI: 10.13679/j.jdyj.20240050.[张熙颖, 张玉忠. 中国极地海洋微生物研究进展. 极地研究, 2024,**36**(03):352-360.]
- [52] 田鹏. 巴丹吉林沙漠湖泊的盐单胞菌分离与厌氧氨氧化细菌群落结构及丰度[安徽建筑大学]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2018.
- [53] Niu SQ, Long Y, Li HY, *et al.* Microbial diversity in saline alkali soil from Hexi Corridor analyzed by Illumina MiSeq high-throughput sequencing system. *Microbiology China*, 2017,**44**(09):2067-2078.DOI: 10.13344/j.microbiol.china.160824.[牛世全, 龙洋, 李海云, 等. 应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析河西走廊地区盐碱土壤微生物多样性. 微生物学通报, 2017,**44**(09):2067-2078.]
- [54] Ahmad W, Zheng Y, Li Y, *et al.* *Marinobacter salinexigens* sp. nov., a marine bacterium isolated from hadal seawater of the Mariana Trench. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 2020,**70**(6):3794-3800.DOI: 10.1099/ijsem.0.004236.
- [55] Dong C, Wei L, Wang J, *et al.* Genome - based taxonomic rearrangement of *Oceanobacter* - related bacteria including the description of *Thalassolituus hydrocarbonoclasticus* sp. nov. and *Thalassolituus pacificus* sp. nov. and emended description of the genus *Thalassolituus*. *Frontiers in Microbiology*, 2022,**13**:22.DOI: 10.3389/fmicb.2022.1051202
- [56] Alqahtani M F, Bajracharya S, Katuri K P, *et al.* Enrichment of *Marinobacter* sp. and Halophilic Homoacetogens at the Biocathode of Microbial Electrosynthesis System Inoculated With Red Sea Brine Pool. *Frontiers in Microbiology*, 2019,**10**:18.DOI : 10.3389/fmicb.2019.02563.
- [57] Biswas B, Chakraborty A, Sarkar B, *et al.* Structural changes in smectite due to interaction with a biosurfactant - producing bacterium *Pseudoxanthomonas kaohsiungensis*. *Applied Clay Science*, 2017,**136**:51-57.DOI: 10.1016/j.clay.2016.11.008.
- [58] Kashefi K, Holmes D, Baross J, *et al.* Thermophily in the Geobacteraceae: *Geothermobacter ehrlichii* gen. nov., sp nov., a novel thermophilic member of the Geobacteraceae from the " Bag city " hydrothermal vent. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003,**69**(5):2985-2993.DOI: 10.1128/AEM.69.5.2985-2993.2003.
- [59] 赵增锋, 石伟, 邱小琼, 等. 清水河流域水体中 5 种重金属的分布特征及健康风险评价. 环境监测管理与技术, 2021,**33**(03):35-40.
- [60] Li SL, Zhao ZF, Qiu XC, *et al.* Distribution Characteristics and risk assessment of heavy metals in Qingshui River Basin of Ningxia. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2020, **39**(7): 128-137.DOI: 10.13522/j.cnki.ggps.2019454.[李世龙, 赵增锋, 邱小琼, 等. 宁夏清水河流域重金属分布特征及风险评价. 灌溉排水学报, 2020,**39**(07):128-137.]
- [61] Li LL, Wang YJ, Fang SP, *et al.* Bioremediation of petroleum hydrocarbon-contaminated soil by immobilized bacteria.

Environmental Science & Technology,2024,**47**(6):52-58.DOI: 10.19672/j.cnki.1003-6504.0216.24.338.[李玲玲, 王曰杰, 房师平, 等. 固定化菌剂对石油烃污染土壤的修复研究. 环境科学与技术, 2024,**47**(06):52-58.]