



研究报告

基于 Illumina MiSeq 测序技术的塔克拉玛干沙漠东缘细菌多样性分析

张哲瑄 夏占峰 张利莉*

塔里木大学生命科学学院 新疆生产建设兵团塔里木盆地生物资源保护利用重点实验室
新疆 阿拉尔 843300

摘要:【背景】塔克拉玛干沙漠凭借其独特的地理位置、恶劣的生存环境以及较少的人为干扰,造就了其独特的微生物资源。【目的】探究塔克拉玛干沙漠东缘沙土细菌群落结构多样性及其影响因素。【方法】采集塔克拉玛干沙漠东缘沙土样品并测定其理化性质,使用基于原核微生物 16S rRNA 基因的 Illumina MiSeq 测序技术,对塔克拉玛干沙漠东缘沙土进行细菌群落结构多样性及其影响因素的分析。【结果】从塔克拉玛干沙漠东缘沙土中获得明确分类地位的细菌种类为 21 门 42 纲 304 属,其中优势菌门为拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 31.26%)、变形菌门(*Proteobacteria*, 29.47%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 15.71%)和厚壁菌门(*Firmicutes*, 15.69%);在属水平上相对丰度最高的菌属为 *Salinimicrobium* (10.06%),其次为盐单胞菌属(*Halomonas*, 7.39%)、芽胞杆菌属(*Bacillus*, 3.25%)、蓬托斯菌属(*Pontibacter*, 3.14%)、*Aliifodinibius* (2.76%)和考克氏菌属(*Kocuria*, 1.76%)。全磷(Total Phosphorus, TP)、 SO_4^{2-} 和 HCO_3^- 含量对塔克拉玛干沙漠东缘微生物群落结构影响显著。【结论】揭示了塔克拉玛干沙漠东缘微生物群落结构及物种多样性,为后续塔克拉玛干沙漠微生物资源的研究提供理论依据。

关键词: 塔克拉玛干沙漠, Illumina MiSeq, 细菌多样性

Diversity of soil bacterial communities in the eastern margin of the Taklimakan Desert based on Illumina MiSeq sequencing technology

ZHANG Zhexuan XIA Zhanfeng ZHANG Lili*

Key Laboratory of Protection and Utilization of Biological Resources in Tarim Basin, Xinjiang Production & Construction Corps, College of Life Science, Tarim University, Alar, Xinjiang 843300, China

Abstract: [Background] The Taklimakan Desert is a special geographical location with less human interference and extreme living environment, and it has uniquely bacteria resources. [Objective] To assess the community structure, diversity and factors influencing of bacteria in the eastern margin of the Taklimakan Desert. [Methods] Analysis the physicochemical properties of sand samples collected from

Foundation items: National Natural Science Foundation of Xinjiang Joint Fund Project (U1703236); Bingtuan Science and Technology Program (2017DB002)

*Corresponding author: Tel: 86-997-4681612; E-mail: ZLL007@taru.edu.cn

Received: 23-11-2020; Accepted: 09-04-2021; Published online: 12-05-2021

基金项目: 国家自然科学基金新疆联合基金项目(U1703236); 兵团财政科技计划资助项目(2017DB002)

*通信作者: Tel: 0997-4681612; E-mail: ZLL007@taru.edu.cn

收稿日期: 2020-11-23; 接受日期: 2021-04-09; 网络首发日期: 2021-05-12

the eastern margin of the Taklimakan Desert, and high-throughput sequencing of environmental 16S rRNA genes based on Illumina MiSeq was used to analyze the diversity and factors influencing of bacteria from the eastern margin of the Taklimakan Desert. **[Results]** The bacteria of eastern margin of the Taklimakan Desert belonged to definite taxonomic bacteria of 21 phylum 42 classes 304 genera, the dominant bacterial phyla were *Bacteroidetes* (31.26%), *Proteobacteria* (29.47%), *Actinobacteria* (15.71%) and *Firmicutes* (15.69%). At genus level of taxonomic, the dominant genus was *Salinimicrobium* (10.06%), followed by *Halomonas* (7.39%), *Bacillus* (3.25%), *Pontibacter* (3.14%), *Aliifodinibius* (2.76%) and *Kocuria* (1.76%). TP, SO_4^{2-} and HCO_3^- were significant effects on the microbial community structure of the eastern margin of the Taklimakan Desert. **[Conclusion]** This study revealed the community structure and the species diversity of bacteria in the eastern margin of the Taklimakan Desert. This study provides significant theoretical references for the investigation of microbial resource in the Taklimakan Desert.

Keywords: Taklimakan Desert, Illumina MiSeq, diversity of bacteria

近年来,极端环境微生物凭借其独特的基因结构、生理功能、防御系统以及丰富的次生代谢产物而备受关注。荒漠生态系统作为极端环境之一,占全球陆地生态系统表面积的 1/3,并蕴藏土壤有机碳储量的 27%^[1]。荒漠生态系统水资源匮乏、昼夜温差大、紫外辐射强和营养物质贫瘠等因素造成了极大的非生物胁迫,使得该生境内动植物资源十分稀少,土壤微生物成为生态系统中物质代谢和能量循环的主要驱动力,更在有机质的固定、植物的生长以及土壤结构的组成等方面起着重大作用^[2-4],是生态系统中不可或缺的组成部分。

塔克拉玛干沙漠地处塔里木盆地腹部,身居欧亚大陆中心地带,三面环山,南起昆仑山脉,北邻天山山脉,西靠帕米尔高原。塔克拉玛干沙漠占地面积达 $33.7 \times 10^4 \text{ km}^2$,是我国第一大、世界第十大沙漠,也是世界第二大的流动沙漠。该地区属典型的温带大陆性干旱气候,全年降水稀少不足 50 mm,年蒸发量达 3 000 mm 以上,是欧亚大陆最大的极端干旱区^[5-7]。特殊的地理位置、干旱的自然环境以及频繁的风沙活动,造就了塔克拉玛干沙漠风沙地貌的复杂多样,也为微生物提供了特殊的生存环境。

传统的分离培养技术在研究微生物多样性时存在一定的局限性,自然界中仅有 0.1%–10% 的微生物种类可以被培养,极大地限制了人们对环境微生物多样性及群落结构的研究^[8-9]。然而依赖于聚

合酶链式反应的核酸分析技术,则可以较为精准地反映样本内微生物群落结构的多样性信息。DGGE 技术的应用及克隆文库的构建,开启了微生物多样性研究的新篇章。传统克隆文库的构建,因易形成假末端限制性片段,导致对样本内微生物群落多样性信息的过高估算等缺点,逐步淡出研究者的视线。高通量测序技术凭借其精确度高、价格低廉和通量高等特点,成为当前研究环境微生物多样性及群落结构的重要手段^[10-12]。本研究基于第二代 16S rRNA 基因高通量测序技术,对塔克拉玛干沙漠东缘沙土样品进行细菌群落结构多样性的探究,同时根据环境因子差异来描述细菌群落分布特征,以期深入研究塔克拉玛干沙漠东缘生态系统奠定基础,为合理利用和深度挖掘荒漠微生物资源提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品

2019 年 6 月,以塔中地区(海拔 1 095.3 m, 83.628°E, 39.037°N)为基点向周围辐射,根据地理位置及样品类型的差异,选取了 21 个样点进行沙土样品采集,胡杨根际土和柽柳根际土样品的采集参照了 Ferjani 等的采集方法^[13],每份样品均使用五点法采集,取样深度为 0–30 cm,弃除残留的植物根、茎和石块等杂质后置入无菌密封袋中,排出空气后密封,运抵实验室于 4 °C 保存,采样信息详见表 1。

表 1 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品信息

Table 1 Sampling information of different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

样品分区 Sampling areas	样品 Sample	样品类型 Sample type	经纬度 Latitude and longitude data	海拔 Altitude (m)
轮台 Luntai (LT)	A ₁	PE-RS	84.215°E, 41.454°N	922.4
	A ₂	TR-RS		
	A ₃	WBS		
塔中 Tazhong (TZ)	B ₁	WBS	83.628°E, 39.037°N	1 095.3
塔中-民丰 Tazhong-Minfeng (TZ-MF)	C ₁	WBS	82.906°E, 37.663°N	1 292.6
民丰-于田 Minfeng-Yutian (MF-YT)	D ₁	WBS	82.553°E, 36.888°N	1 664.8
民丰-且末 Minfeng-Qiemo (MF-QM)	E ₁	TR-RS	83.959°E, 37.688°N	1 341.1
	E ₂	WBS		
	E ₃	RE-RS		
塔提让乡 Tatirang (TTR)	F ₁	TR-RS	85.824°E, 38.485°N	1 112.1
	F ₂	WBS		
瓦石峡乡 Washixiaxiang (WSX)	G ₁	TR-RS	87.743°E, 38.819°N	885.2
	G ₂	WBS		
若羌-库尔勒 Ruoqiang-Kuerle (RQ-KEL)	H ₁	PE-RS	88.399°E, 39.889°N	814.3
	H ₂	TR-RS		
	H ₃	WBS		
恰拉水库 Qialashuiku (QL)	I ₁	PE-RS	86.839°E, 40.922°N	851.9
	I ₂	WBS		
沙雅 Shaya (SY)	J ₁	TR-RS	82.446°E, 41.137°N	957.8
	J ₂	PE-RS		
	J ₃	WBS		

注: PE-RS: 胡杨根际土; TR-RS: 柽柳根际土; WBS: 流动风沙

Note: PE-RS: *Populus euphratica* rhizosphere soil; TR-RS: *Tamarix ramosissima ledeb* rhizosphere soil; WBS: Wind-blow sand

1.2 主要试剂和仪器

土壤 DNA 小量提取试剂盒, Omega 公司; Fast *Pfu* DNA 多聚酶, 北京全式金生物技术有限公司; SanPrep 柱式 DNA 胶回收试剂盒, 生工生物工程(上海)股份有限公司; 其他试剂均为国产分析纯。

高速冷冻离心机, Eppendorf 公司; 电泳仪, 北京六一生物科技股份有限公司; PCR 仪, SensoQuest 公司; 凝胶成像分析仪, Bio-Rad 公司; NanoDrop 2000C 超微量分光光度计, NanoDrop 公司。

1.3 样品理化性质的测定

将塔克拉玛干沙漠东缘采集的 21 个沙土样品自然阴干, 过 2 mm 孔筛, 添加去离子水在水土比 2.5:1 (体积质量比)的条件下测定各组样品 pH 值;

沙土全氮(Total Nitrogen, TN)含量的测定采用凯氏定氮法; 全磷(Total Phosphorus, TP)含量使用 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定^[14]; 全钾(Total Potassium, TK)的含量使用 NaOH 熔融-火焰光度计法进行测定; 沙土铵态氮(Ammonium Nitrogen, amN)与硝态氮(Nitrate Nitrogen, niN)的测定采用 KCl 浸提-靛酚蓝比色法^[15]; 沙土速效磷(Available Phosphorus, aP)含量用钼锑抗比色法测定; 沙土速效钾(Available Potassium, aK)的测定则采用原子吸收分光光度法; 沙土有机质(Total Organic Carbon, TOC)含量、盐度(Salinity)含量及金属阳离子(Ca²⁺、Mg²⁺、Na⁺、Zn²⁺)和非金属阴离子(SO₄²⁻、CO₃²⁻、Cl⁻、HCO₃⁻)的测定参照《土壤农业化学分析方法》^[16]进行, 每个样品进行 5 组平行。

1.4 样品总 DNA 提取

将采集到的沙土样品,自然阴干,过 2 mm 孔筛,添加 PBS 缓冲液悬浮,180 r/min 振荡 30 min 后用 0.22 μ m 滤膜进行过滤富集,STE Buffer 洗脱后采用 SDS-CTAB 法提取沙土样品总 DNA,使用土壤 DNA 小量提取试剂盒进行 DNA 纯化,并使用 0.8%琼脂糖凝胶电泳(120 V,30 min)对提取的基因组 DNA 样品进行分析^[17-18],使用 NanoDrop 2000C 超微量分光光度计检测提取的基因组 DNA 质量。

1.5 16S rRNA 基因 V3-V4 区扩增

使用 16S rRNA 基因特异性引物 347F (5'-CCTACGGRBGCASCAGKVRVGAAT-3') 和 802R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAATCC-3')扩增 V3-V4 区,PCR 反应体系:TransStart Buffer 2.5 μ L, Primers (10 μ mol/L)各 1 μ L, dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μ L, BSA (10 mg/mL) 0.2 μ L, Fast Pfu DNA Polymerase 0.4 μ L, DNA 模板 20 ng,补充 ddH₂O 至 25 μ L。PCR 反应条件:95 $^{\circ}$ C 3 min; 94 $^{\circ}$ C 30 s, 57 $^{\circ}$ C 90 s, 72 $^{\circ}$ C 10 s, 25 个循环;72 $^{\circ}$ C 8 min,得到 PCR 产物后进行质量检测。

利用 Gene Tools 对各 PCR 产物浓度(ng/ μ L)进行比对,遵从等质量原则混合各组 PCR 产物,使用 SanPrep 柱式 DNA 胶回收试剂盒回收 PCR 混合产物。委托苏州金唯智生物科技有限公司使用 Illumina MiSeq 测序平台进行 PCR 产物的高通量测序分析。

1.6 高通量测序及数据分析

测序获得的原始序列信息进行以下分析:(1) 使用 Trimmomatic (V0.35)软件对测序获得的原始数据进行去重和质控分析;(2) 使用 FLASH (V1.2.7)软件对每个样品的 Reads 拼接,获得原始 Tags 数据(Raw Tags);(3) 使用 QIIME (V1.9.1)软件对 Raw Tags 数据进行过滤,获得高质量的 Tags 数据(Clean Tags);(4) 使用 USEARCH (V11.0.667)软件对 Clean Tags 数据进行嵌合体序列的去除,得到最终的有效数据(Effective Tags);(5) 使用 QIIME

(V1.9.1)软件在 97%相似度水平下对 Tags 信息进行聚类,获得在各分类水平下各样本内 OTU 组成^[19-21],然后根据各样品 OTU 与 Silva 数据库的比对结果进行物种注释,获得各分类水平下群落结构组成及丰度信息。利用 R 软件(Vegan 包)进行多样性指数(Alpha-Diversity)计算分析,使用 Canoco (V5.0)软件分析环境因子对群落结构的影响。

2 结果与分析

2.1 高通量测序数据分析

通过 Illumina MiSeq 平台对塔克拉玛干沙漠东缘 21 个沙土样本的 16S rRNA 基因 V3-V4 区进行微生物多样性检测,测序获得有效数据量达到 2.534 Gb,21 个沙土样品中原始序列合计 1 689 532 条,数据优化后获得 1 412 200 条有效序列,有效序列占比达到 83.59%,每个样品平均产生 67 248 条有效序列,在 97%相似度水平下进行 OTU 聚类,得到有效 OTUs 为 22 730,各样品的序列统计结果详见表 2。

以随机抽样的方法构建样品稀释度曲线(图 1)可知,随测序序列的增加,曲线愈加平稳,测序序列数量达到 25 000 时,各组样本的稀释曲线已趋于平缓,OTU 覆盖度趋于饱和,说明测序数据样本量合理且可靠,能够较真实地反映塔克拉玛干沙漠东缘的微生物群落情况。

2.2 塔克拉玛干沙漠东缘微生物群落结构组成

塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品的微生物群落结构在不同分类水平上存在一定差异,如图 2 所示,塔克拉玛干沙漠东缘地区采集的 21 个样品包含微生物群落共计 23 个门,其中细菌占整个基因组的 96%-99%,合计 21 个门,相对丰度由高到低依次为拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、异常球菌-栖热菌门(*Deinococcus-Thermus*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、蓝细菌门(*Cyanobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、*Patescibacteria*、*Dadabacteria*、

表 2 塔克拉玛干沙漠东缘 21 个沙土样品测序信息
Table 2 Sequencing data statistics of 21 soil samples in the eastern margin of the Taklimakan Desert

样品 Samples	原始 Tags Raw tags	有效 Tags Effective tags	有效 Tags 序列 所占百分比 Percentage of effective tags (%)	OTU 数量 Numbers of OTU
A ₁	69 363	47 459	68.42	717
A ₂	72 523	46 676	64.36	648
A ₃	74 948	54 740	73.04	618
B ₁	79 207	68 154	86.05	1 144
C ₁	73 175	65 866	90.01	1 085
D ₁	75 601	68 602	90.74	996
E ₁	95 371	86 193	90.38	878
E ₂	93 890	83 672	89.12	1 183
E ₃	81 862	69 760	85.22	946
F ₁	91 350	75 280	82.41	727
F ₂	94 016	72 144	76.74	850
G ₁	80 540	66 118	82.09	1 102
G ₂	81 103	67 696	83.47	1 103
H ₁	88 632	77 225	87.13	692
H ₂	77 365	66 592	86.08	742
H ₃	71 619	60 619	84.64	963
I ₁	78 186	62 976	80.55	530
I ₂	70 746	64 042	90.52	858
J ₁	88 707	78 760	88.79	695
J ₂	77 535	67 630	87.23	911
J ₃	73 795	61 996	84.01	926

硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)、*Candidatus* Eremiobacterota (WPS-2)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、螺旋体门(*Spirochaetes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、柔膜菌门(*Tenericutes*)、*Dependentiae*、装甲菌门 (*Armatimonadetes*) 、*Hydrogenedentes* 和 *Entotheonellaeota* , 以及古菌的广古菌门 (*Euryarchaeota*)和纳古菌门(*Nanoarchaeota*)。

分析各采样点微生物群落结构发现,塔克拉玛干沙漠东缘微生物群落主要属于 4 个细菌门类,分别为拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、变形菌门 (*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)。总体上,拟杆菌门是塔克拉玛干沙漠东缘生境内的优势菌门,变形菌门、放线菌门和厚壁菌门是该生境内的次优势菌门,4 个菌门的平均相对丰度占比分别为 31.26%、29.47%、15.71%和 15.69%,其他菌门及未分类菌门所占比例相对较少,平均相对丰度占比均低于 1%。

在纲分类水平下,共计 42 个类群被标记,发现细菌门的拟杆菌纲(*Bacteroidia* , 19.57%)、 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria* , 18.32%)、芽孢杆菌纲(*Bacilli* , 15.29%)、*Rhodothermia* (11.69%)、放线菌纲(*Actinobacteria* , 11.11%)、 α -变形菌纲 (*Alphaproteobacteria* , 9.03%)、腈基降解菌纲 (*Nitriliruptoria* , 3.20%) 、 δ - 变形菌纲 (*Deltaproteobacteria* , 2.12%)、酸微菌纲(*Acidimicrobiia* ,

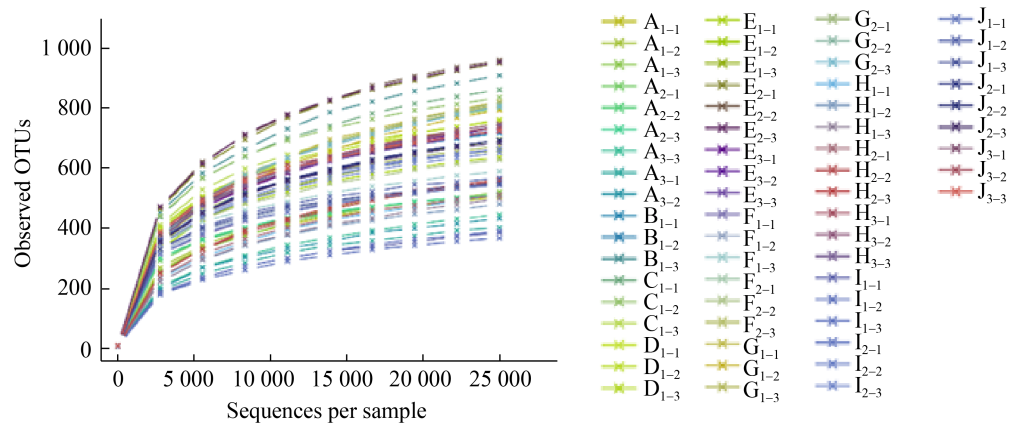


图 1 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品稀释度曲线
Figure 1 Rarefaction curve of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

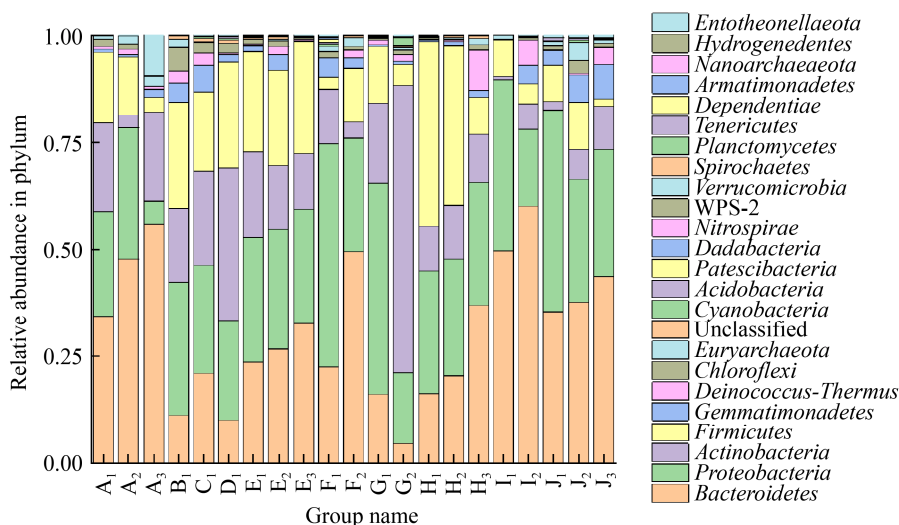


图2 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品在门分类水平上的物种丰度

Figure 2 The relative abundance of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert at the phylum level

1.90%)、异常球菌纲(*Deinococci*, 1.74%)、*Longimicrobia* (1.19%)、绿弯菌纲(*Chloroflexia*, 0.70%)和梭菌纲(*Clostridia*, 0.39%)以及古菌门的*Halobacteria* (0.96%)可以在塔克拉玛干沙漠东缘各取样点被检出,但各样点优势菌纲均存在差异,如图3所示,*Rhodothermia*是A₁、A₃、J₂和J₃样点的优势菌纲;拟杆菌纲是A₂、C₁、E₂、E₃、F₂、H₃、I₁和I₂样点的优势菌纲;芽孢杆菌纲是B₁、E₁、H₁和H₂样点的优势菌纲;放线菌纲是D₁和G₂样点的优势菌纲; γ -变形菌纲是F₁、G₁和J₁样点的优势菌纲。

在属水平上,塔克拉玛干沙漠东缘地区所采样品包含细菌群落304个,其中相对丰度最高的30个属(图4),分别为*Salinimicrobium* (10.06%)、盐单胞菌属(*Halomonas*, 7.39%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 3.25%)、蓬托斯菌属(*Pontibacter*, 3.14%)、*Aliifodinibius* (2.76%)、考克氏菌属(*Kocuria*, 1.76%)、糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*, 1.76%)、节杆菌属(*Arthrobacter*, 1.67%)、*Truepera* (1.66%)、海杆菌属(*Marinobacter*, 1.58%)、*Salinibacter* (1.24%)、*Palleronia* (1.03%)、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*, 0.95%)、*Gillisia* (0.83%)、*Devosia* (0.79%)、假单

胞菌属(*Pseudomonas*, 0.74%)、*Egibacter* (0.73%)、*Tunicatimonas* (0.67%)、动球菌属(*Planococcus*, 0.60%)、*Marinimicrobium* (0.59%)、*Halofilum* (0.54%)、*Rubellimicrobium* (0.45%)、*Domibacillus* (0.44%)、*Sphingomonas* (0.43%)、*Maribius* (0.39%)、*Actinopolyspora* (0.36%)、*Pseudohongiella* (0.34%)、*Saccharomonospora* (0.30%)、副球菌属(*Paracoccus*, 0.29%)和*Tumebacillus* (0.29%)。其中*Salinimicrobium*、*Halomonas*、*Bacillus*、*Pontibacter*、*Aliifodinibius*和*Kocuria*在各样点间均被检出且丰度较高,表明这6个属是塔克拉玛干沙漠东缘的优势菌属。

2.3 塔克拉玛干沙漠东缘微生物多样性分析

使用R软件(Vegan包)对塔克拉玛干沙漠东缘微生物进行多样性指数(Alpha-Diversity)分析(表3),发现测序结果的覆盖度均达到99.2%以上,表明测序数据有效且可靠。从整体上看,不同样点间微生物群落多样性和丰度等均存在差异,物种丰度方面,G组(瓦石峡乡)样点物种丰度最高,C组(塔中-民丰)样点、E组(民丰-且末)样点、B组(塔中)样点、D组(民丰-于田)样点、J组(沙雅)样点、H组(若羌-库尔勒)样点、F组(塔提让乡)样点、

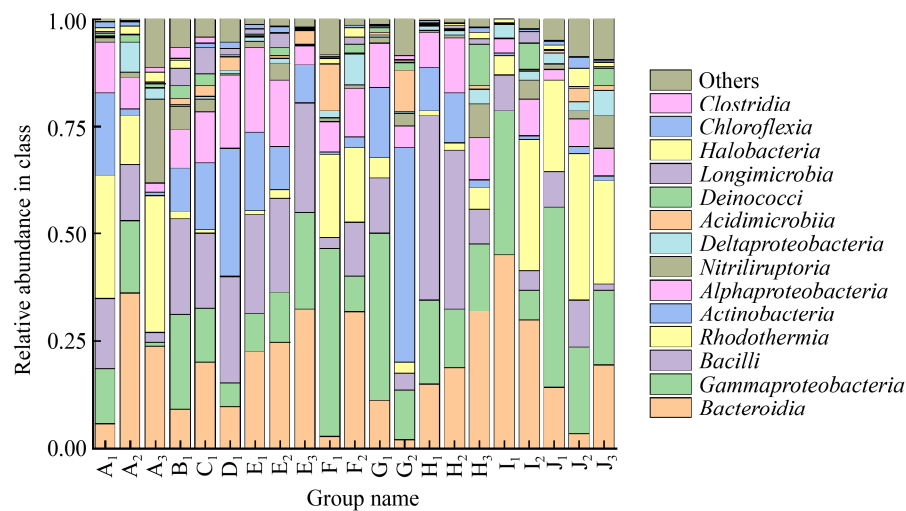


图 3 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品在纲分类水平上的相对丰度
Figure 3 The relative abundance of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert at the class level

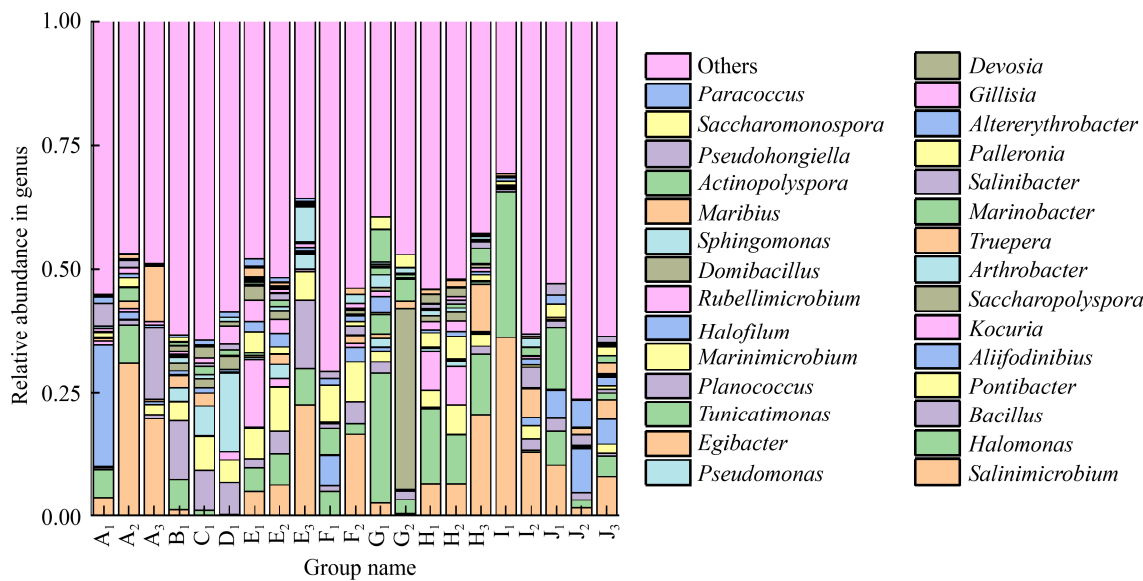


图 4 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品在属分类水平上的相对丰度
Figure 4 The relative abundance of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert at the genus level

I 组(恰拉水库)样点次之, A 组(轮台)样点最低, 表明 G 组(瓦石峡乡)样点拥有较高的物种丰度, 结合采样区域周围村镇分布及周边人口密度, 瓦石峡乡样点相对较大, 推测人为干扰使得细菌群落丰度较高。

物种多样性方面, C 组细菌多样性最高, B 组、

J 组、F 组、E 组、D 组、I 组、A 组、G 组样点次之, H 组最低, 表明在 C 组(塔中-民丰)样点物种多样性最高, 结合采样点环境及样品类型进行分析, 发现 C 组样品采自流动风沙, 主要受风力的堆积作用影响, 而塔克拉玛干沙漠南部地域常年受季风影响, 结合采样时间判断, 时值仲夏, 塔

表 3 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品多样性统计分析
Table 3 Statistical analysis of microbial diversity of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

样品 Sample	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	覆盖度 Goods-coverage (%)
A ₁	676.193	709.225	6.363	0.973	99.5
A ₂	611.692	619.934	6.536	0.963	99.7
A ₃	567.446	563.325	5.384	0.940	99.5
B ₁	953.794	955.567	7.518	0.988	99.3
C ₁	1 021.006	1 019.476	7.550	0.987	99.3
D ₁	942.430	983.570	6.799	0.960	99.4
E ₁	813.319	827.241	6.476	0.962	99.5
E ₂	1 140.422	1 165.591	7.491	0.984	99.2
E ₃	931.256	960.010	7.027	0.978	99.3
F ₁	677.184	689.347	7.001	0.982	99.6
F ₂	805.496	811.788	7.068	0.974	99.5
G ₁	1 049.600	1 088.399	6.491	0.959	99.2
G ₂	1 033.998	1 037.852	5.641	0.861	99.2
H ₁	663.853	691.385	5.536	0.946	99.4
H ₂	720.094	711.370	5.685	0.948	99.4
H ₃	940.013	947.123	6.737	0.970	99.3
I ₁	521.611	520.186	5.125	0.929	99.6
I ₂	814.238	843.745	7.141	0.983	99.4
J ₁	662.550	676.614	6.854	0.977	99.6
J ₂	844.996	846.794	6.971	0.979	99.4
J ₃	866.394	873.616	7.441	0.988	99.4

克拉玛干沙漠南缘的西部以偏西风为主,而东部区域又受偏东风影响,这 2 支风向交汇在采样区域一带^[22-23],造成 C 组(塔中-民丰)样点细菌多样性最高。

2.4 塔克拉玛干沙漠东缘微生物丰度及相似性聚类分析

在 97%相似度水平下,获得各组样品的 OTU 数目,使用 R 软件(Venn Diagram 包)对塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内的 21 个沙土样品进行韦恩图绘制,结果如图 5 所示,不同样点所占 OTU 数目存在较大差异,其中 F₁ 样点所占 OTU 数目在 21 个样品中最多, A₂ 与 H₂ 样点 OTU 数目最低, 21 个样品共有 41 个相同 OTU, 占 OTU 总数的 21.9%。

使用 QIIME (V1.9.1)基于加权距离绘制 Heat-Map 表明(图 6), 10 个采样区域差异系数平均值分别为 A 组 0.313、B 组 0.294、C 组 0.286、

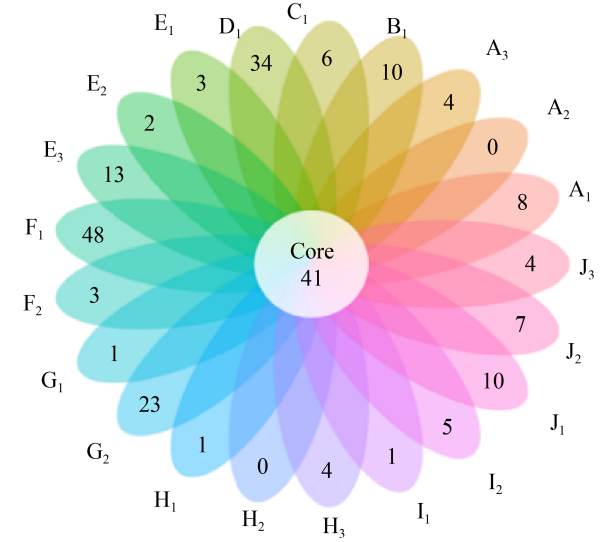


图 5 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品 OTU 数量韦恩图
Figure 5 Venn diagram of OTUs number of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

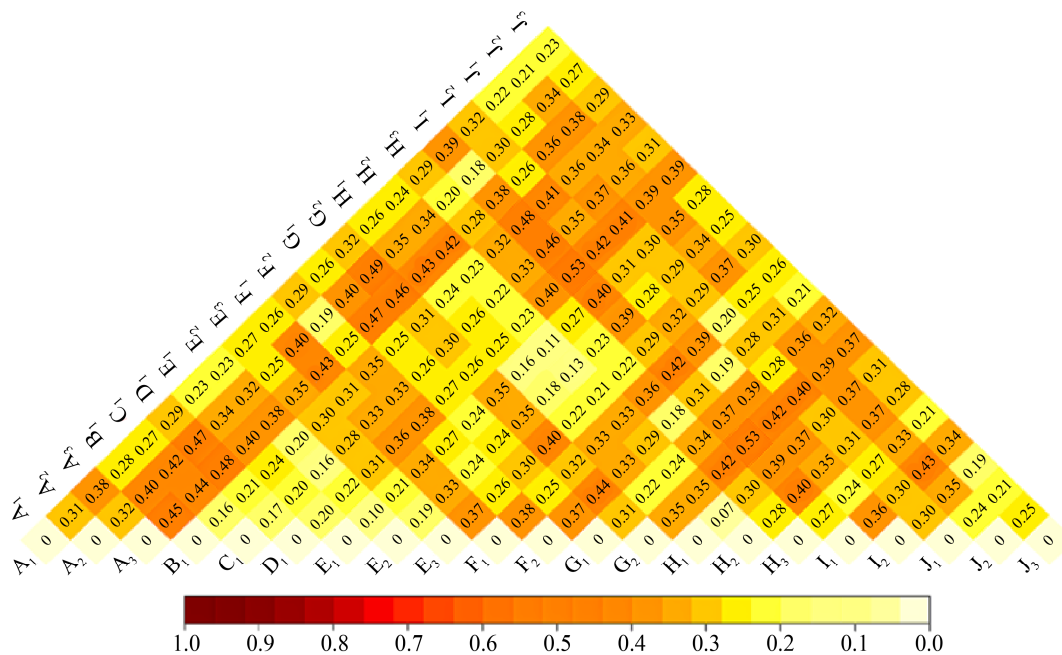


图6 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品 β 多样性指数热图

Figure 6 Beta diversity index heat map of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

D组 0.312、E组 0.255、F组 0.297、G组 0.326、H组 0.267、I组 0.334 和 J组 0.287, 结果表明 I 组(恰拉水库)样点细菌平均差异系数最大, E 组(民丰-且末)样点差异最小, 结合采样区域周边环境及样品类型等因素, I 组采样区域距离恰拉水库较近, 水文条件较为适宜, 推测含水量是导致 I 组(恰拉水库)样品特异性较强的因素之一。

利用非度量型多维尺度分析法(Nonmetric Multidimensional Scaling, NMDS)分析塔克拉玛干沙漠东缘 21 个沙土样品微生物群落之间的差别(图 7), 可以看出不同生境内的沙土样品其微生物群落结构显著不同, 相同生境内样品(胡杨树下土、怪柳树下土、流动风沙)存在一定交叠, B 组、C 组、D 组样品均处于同一象限, 显示出 3 组样品具有相似的细菌群落结构。I 组与 J 组样品表现出明显的组内聚集, 表明同组样品细菌群落结构具有较高的相似性。其余取样点可以单独聚类, 没有组间聚集现象, 说明荒漠植被可以通过根际交互作用来影响沙土微生物群落, 从而造成各样点间微生物群落组成不同^[24]。

2.5 塔克拉玛干沙漠东缘理化性质及群落构成分析

2.5.1 塔克拉玛干沙漠东缘沙土理化特性的比较

对采集的塔克拉玛干沙漠东缘沙土样品进行环境因子分析, 分析不同样品类型(胡杨根际土、怪柳根际土、流动风沙)间的差异(表 4)。可以看出,

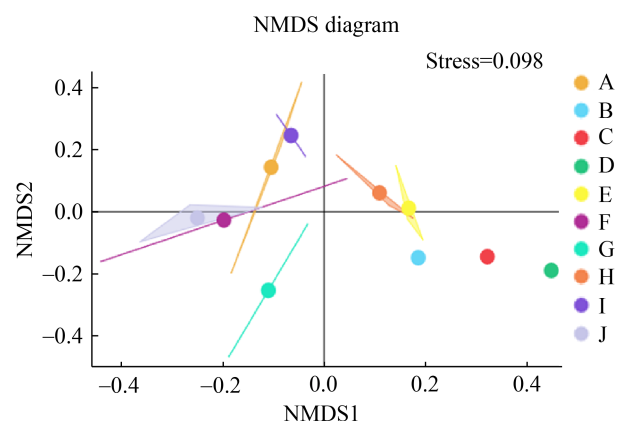


图7 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品细菌群落组成的非度量多维尺度分析

Figure 7 NMDS of samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

塔克拉玛干沙漠东缘生境内各样点间理化性质差异较大，沙漠沙土样品整体呈碱性且盐度较高。

使用 SPSS 软件对塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品的理化因子进行差异分析,采用单因素方差分析(One Way ANOVA)中的多重比较法进行差异显著性检验，结果见表 5。经方差分析后得出的 F 检验结果可以看出在不同样品类型、不同盐生植物间的差异显著性。就样品类型的差异而言，10 组样品中流动风沙中的 18 种土壤理化因子间的差异均达到极显著水平，表明塔克拉玛干沙漠

生境内采样区域所处地理位置的差异对环境因子的影响较大。就相同采样区域内(A、E、H、J 组)，不同样品类型(胡杨根际土、柽柳根际土、流动风沙)进行差异显著性检验发现，4 组样品中 TOC、TN、TP 等 15 种理化因子含量差异达到极显著水平，表明盐生植物的“根际效应”及根际对周边环境的养分截留较为明显，盐生植物对环境因子的影响较大。样品中 SO_4^{2-} 和 CO_3^{2-} 含量差异不显著，表明盐生植物对荒漠盐碱土壤的改善作用相对较小。

表 4 塔克拉玛干沙漠东缘不同类型样品沙土理化因子的差异性($n=5$ ，平均值 \pm 标准差)
Table 4 Multiple comparisons of the environmental factors for different types of samples from the eastern margin of the Taklimakan Desert ($n=5$, mean \pm SE)

项目 Item	样品类型 Sample type		
	胡杨根际土 <i>Populus euphratica</i> rhizosphere soil	柽柳根际土 <i>Tamarix ramosissima ledeb</i> rhizosphere soil	流动风沙 Wind-blow sand
TOC (g/kg)	16.030 \pm 0.192c	17.218 \pm 0.530b	18.825 \pm 0.339a
TN (g/kg)	2.879 \pm 0.570c	3.352 \pm 0.523a	3.013 \pm 0.807b
TP (g/kg)	1.350 \pm 0.350c	1.510 \pm 0.386b	1.651 \pm 0.395a
TK (g/kg)	0.457 \pm 0.122a	0.461 \pm 0.125a	0.438 \pm 0.127a
amN (mg/kg)	5.452 \pm 0.670a	5.458 \pm 1.115a	5.223 \pm 0.580b
niN (mg/kg)	9.052 \pm 1.140c	9.194 \pm 1.053b	9.889 \pm 1.006a
aP (mg/kg)	5.710 \pm 1.254b	5.642 \pm 1.533c	6.009 \pm 1.456a
aK (mg/kg)	8.299 \pm 2.005b	8.660 \pm 2.450a	7.483 \pm 2.054c
pH	7.762 \pm 0.246b	8.186 \pm 0.496a	7.782 \pm 0.288b
Salinity (g/kg)	4.172 \pm 0.370b	4.810 \pm 1.002a	4.105 \pm 0.829c
Ca ²⁺ content (g/kg)	29.501 \pm 2.969a	23.059 \pm 7.601c	25.800 \pm 6.447b
Mg ²⁺ content (g/kg)	0.160 \pm 0.026a	0.165 \pm 0.026a	0.144 \pm 0.021a
Na ⁺ content (g/kg)	11.664 \pm 0.563a	9.467 \pm 2.002c	10.287 \pm 1.56b
Zn ²⁺ content (g/kg)	0.078 \pm 0.015a	0.079 \pm 0.007a	0.078 \pm 0.011a
SO ₄ ²⁻ content (g/kg)	0.031 \pm 0.003a	0.031 \pm 0.002a	0.031 \pm 0.003a
CO ₃ ²⁻ content (g/kg)	0.009 \pm 0.001a	0.008 \pm 0.001a	0.009 \pm 0.001a
Cl ⁻ content (g/kg)	0.094 \pm 0.017a	0.106 \pm 0.035a	0.094 \pm 0.025a
HCO ₃ ⁻ content (g/kg)	0.033 \pm 0.010a	0.035 \pm 0.012a	0.041 \pm 0.007a

注：同一列中的不同字母表示不同样品类型间(胡杨根际土、柽柳根际土、流动风沙)差异显著性($P<0.05$)
Note: Different lowercase letters (*Populus euphratica* rhizosphere soil, *Tamarix ramosissima ledeb* rhizosphere soil and wind-blow sand) in the same column mean significant difference at 0.05 level ($P<0.05$)

表 5 塔克拉玛干沙漠东缘不同样点土壤因子 F 检验表
Table 5 F test results for the environmental factors of different samples from the eastern margin of the Taklimakan Desert

项目 Item	样品类型 Sample type					
	流动风沙 Wind-blow sand	胡杨×柽柳×流动风沙 <i>Populus euphratica</i> × <i>Tamarix ramosissima ledeb</i> ×Wind-blow sand		H	J	
		A	E			
TOC	168.469**	1 254.502**	1 527.433**	4 824.407**	6 741.742**	
TN	13 425.626**	7 004.958**	3 885.230**	1 760.549**	23.249**	
TP	5 483.512**	1 103.149**	1 743.612**	397.812**	1 274.160**	
TK	4 413.108**	6 325.517**	458.055**	2 156.963**	1 936.835**	
amN	2 006.349**	260.866**	7 390.636**	11 478.465**	1 938.591**	
niN	251.730**	14.490*	72.763**	3.039	426.593**	
aP	40 107.185**	5 767.710**	459.701**	15 808.048**	21 408.778**	
aK	10 198.069**	18 473.467**	10 832.481**	347.712**	2 682.235**	
pH	1 715.374**	21 588.429**	552.958**	265.438**	479.811**	
Salinity	34 623.364**	46 462.317**	10 846.024**	126 032.954**	13 397.362**	
Ca ²⁺ content	882.873**	2 387.357**	1 116.061**	1 156.432**	4 019.208**	
Mg ²⁺ content	117.305**	160.597**	38.920**	42.900**	19.000*	
Na ⁺ content	2 377.584**	2 661.156**	2 752.954**	2 729.115**	20 604.135**	
Zn ²⁺ content	807.376**	1 024.333**	1 138.167**	624.000**	542.167**	
SO ₄ ²⁻ content	42.000**	1.750	61.000**	28.000*	4.200	
CO ₃ ²⁻ content	20.514**	3.500	19.500*	3.500	6.333*	
Cl ⁻ content	11 562.863**	11 395.865**	53 293.843**	62 723.229**	12 034.545**	
HCO ₃ ⁻ content	415.143**	33.800**	962.333**	1 016.167**	243.500**	

注: **和*表示不同样品类型(胡杨根际土、柽柳根际土、流动风沙)的环境因子在 0.01 和 0.05 统计水平下的差异显著性分析(**P*<0.05, ***P*<0.01)

Note: *and** represent the significance of difference at 0.01 and 0.05 statistical levels of environmental factors from different sample types (*Populus euphratica* rhizosphere soil, *Tamarix ramosissima ledeb* rhizosphere soil and wind-blow sand), * *P*<0.05, ** *P*< 0.01

2.5.2 环境因子对微生物群落结构的影响

为分析塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内环境因子对微生物群落结构的影响, 本研究使用 Canoco (V5.0)软件对属水平上的细菌群落结构与相应的环境因子进行分析, 基于 DCA (Detrended Correspondence Analysis)分析结果中 Lengths of Gradient 大小(<3)选择 RDA (Redundancy Analysis)方法进行分析(图 8)。第 1 轴可解释所有信息的 51.9%, 第 2 轴可解释 13.2%, 总解释率达 65.1%。其中 TK、aK、Ca²⁺和 Zn²⁺的 *P* 值均大于 0.05, 表明 TK、aK、Ca²⁺和 Zn²⁺的含量对塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品微生物群落结构影响较小。对

其余 14 种理化因子进行比较, 结果见表 6。可以看出 TP、SO₄²⁻、HCO₃⁻对群落变异的解释度较高, 分别为 18.5%、10.0%和 8.7%, 可以认为其是推动群落变异的主要因子。

同时根据菌群的分布及环境因子与细菌群落间的夹角可以看出, 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内样品的相关关系(图 8), 其中拟杆菌门的 *Salinimicrobium* 可以单独聚类, 表明 *Salinimicrobium* 与其余 9 种微生物营养需求差异较大, 与 Salinity、TOC、amN、SO₄²⁻、Mg²⁺、niN、pH 和 Cl⁻含量呈正相关关系, 与其余 6 种理化因子呈负相关关系; 第二象限内, 放线菌门的 *Kocuria*, 拟

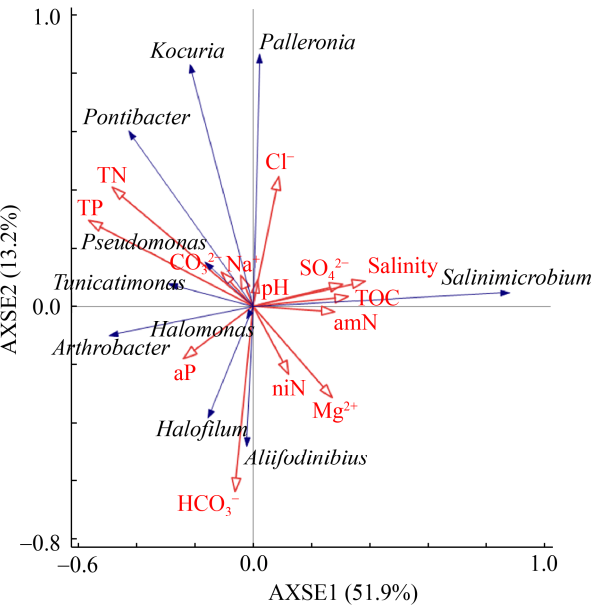


图 8 塔克拉玛干沙漠东缘不同生境内细菌群落与环境因子之间的冗余分析

Figure 8 Redundancy analysis (RDA) of bacterial and environmental factors for soil samples from different habitats in the eastern margin of the Taklimakan Desert

表 6 塔克拉玛干沙漠东缘不同类型样品沙土理化因子的贡献率

Table 6 The rate of contribution of the environmental factors for different types of samples from the eastern margin of the Taklimakan Desert

项目 Item	解释率 Explains (%)	贡献度 Contribution (%)	F 检验 Pseudo-F	P
TP	18.5	23.6	13.9	0.002
SO ₄ ²⁻	10.0	12.7	8.3	0.004
HCO ₃ ⁻	8.7	11.1	8.2	0.002
TN	6.8	8.6	7.0	0.002
Cl ⁻	6.1	7.8	7.0	0.004
AP	5.3	6.8	6.7	0.002
niN	3.7	4.7	5.0	0.006
amN	3.7	4.7	5.4	0.002
Salinity	3.3	4.1	5.1	0.006
pH	3.4	4.3	5.8	0.006
Na ⁺	2.9	3.6	5.3	0.004
Mg ²⁺	2.5	3.1	4.9	0.012
TOC	2.3	2.9	4.9	0.006
CO ₃ ²⁻	1.5	2.0	3.5	0.038

杆菌门的 *Pontibacter* 和 *Tunicatimonas* 以及变形菌门的 *Pseudomonas* 与 Na^+ 、TN、TP、 CO_3^{2-} 呈正相关关系；第三象限内放线菌门的 *Arthrobacter* 以及变形菌门的 *Halofilum* 和 *Halomonas* 与 aP 和 HCO_3^- 含量呈正相关关系；第二、三象限内呈现明显的组内聚集，可以看出，同一类群的微生物对营养物质的利用有一定的趋向性。

3 讨论与结论

本研究采用高通量测序技术，经由 Illumina MiSeq 测序平台对 3 种不同类型的 21 个沙漠沙土样本进行细菌丰度和群落结构分析，并基于不同环境因子间的差异，探究其对微生物群落的影响。对塔克拉玛干沙漠东缘沙土样本环境因子分析表明，该区域为高盐、碱的极端环境，使得该区域内存在着大量的嗜(耐)盐、碱微生物，并具有较高的微生物多样性及物种丰度。根据细菌群落与环境因子之间的冗余分析(RDA)发现，TP 是影响细菌群落结构的最主要环境因子，其他环境因子对细菌群落的构成也有重要影响，表明微生物与环境之间存在着极为密切的联系。大量的研究表明，土壤中的 TP 含量与生物量呈正相关关系，微生物死亡后也能明显提高土壤有效磷含量^[25]，同时，高盐碱环境下磷元素容易转化为磷酸钙，从而被土壤固定。TP 含量对微生物群落的影响，推测为，荒漠温度过高，造成大量对温度不耐受的菌株死亡，使得微生物群落结构形成差异，而大量的磷元素转化为磷酸钙，破坏了微生物生存的微环境，使得微生物群落结构进一步发生变化。 SO_4^{2-} 、 HCO_3^- 含量对微生物群落的影响，推测为盐碱环境对于微生物的胁迫作用，盐碱环境下，土壤团聚力差，颗粒分散，不易形成菌胶团，缺少微环境的保护，微生物有向上层土壤趋近的态势，塔克拉玛干沙漠东缘样品类型的差异，造就了微生物群落结构间的巨大差异。

从物种多样性方面来讲，塔克拉玛干沙漠东缘沙土样品以拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 31.26%)、变形菌门(*Proteobacteria*, 29.47%)、放线菌门(*Actinobacteria*,

15.71%)和厚壁菌门(*Firmicutes*, 15.69%)为主,许多已有的研究也得到了相类似结果,白雪^[26]通过免培养和可培养相结合的手段对塔克拉玛干沙漠西缘沙尘进行研究时发现,沙尘样品免培养和可培养多样性丰度较高的门类归属于 *Actinobacteria*、*Proteobacteria*、*Firmicutes* 和 *Bacteroidetes*; Firasat^[27]探究 4 个不同沙漠环境微生物多样性时发现,塔克拉玛干沙漠丰度较高的门类依然为 *Actinobacteria*、*Proteobacteria*、*Firmicutes* 和 *Bacteroidetes*。

在对塔克拉玛干沙漠细菌多样性的研究中发现 *Actinobacteria* 是优势菌门,其次为 *Proteobacteria*^[28]。本研究中, *Actinobacteria* 在塔克拉玛干沙漠东缘地区依然被检出,但其丰度与相关报道存在一定差异。本研究中塔克拉玛干沙漠东缘以 *Bacteroidetes* 丰度最高,分析认为,采样区域所处的地理位置、生态环境、样品类型及人为活动等因素对微生物类群结构影响明显,存在很大的时空变异性。*Bacteroidetes* 和 *Proteobacteria* 丰度较高有可能是由烃类污染导致的,塔克拉玛干沙漠地下拥有大量的石油资源储备,近年来,由于石油资源的勘探、采集、运输等因素对塔克拉玛干沙漠东缘地区的土壤、水体、空气造成了不同程度的污染,而 *Bacteroidetes* 和 *Proteobacteria* 是烃类污染样品中的主要优势菌群^[29],而 *Alphaproteobacteria*、*Betaproteobacteria* 和 *Gammaproteobacteria* 也具有降解石油等碳氢化合物的功能。

其他优势菌群为 *Actinobacteria* 和 *Firmicutes*。*Actinobacteria* 在有机质分解、氮元素的循环过程起重要作用,同时 *Actinobacteria* 也是荒漠中生物活性物质的重要来源之一,以次生代谢产物结构新颖、活性产物多种多样而备受关注,国内外研究表明,沙漠中蕴含丰富的放线菌资源,包慧芳等^[30]探究塔克拉玛干沙漠胡杨细菌多样性时发现,除链霉菌属和考克氏菌属(*Kocuria*)外,还蕴含大量的稀有放线菌类群;朱荣贵等^[31]针对塔里木盆地的稀

有菌类群进行探索研究,发现了小单胞菌属(*Micromonospora*)、糖丝菌属(*Saccharothrix*)、野野村菌属(*Nonomuraea*)、马杜拉菌属(*Actinomadura*)、诺卡氏菌属(*Nocardia*)、拟诺卡氏菌属(*Nocardiopsis*)等稀有类群。Arocha 等^[32]探究荒漠绿洲放线菌多样性时发现,除链霉菌属外,糖霉菌属(*Glycomyces*)、疣孢菌属(*Verrucosipora*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、微杆菌属(*Microbacterium*)等稀有类群也被标记出来;Essoussi 等^[33]探究撒哈拉沙漠放线菌时,获得 5 种(*Arthrobacter*、*Micromonospora*、*Actinoplanes*、*Kineococcus* 和 *Nocardia*)稀有放线菌类群。可见荒漠生态系统蕴藏着独特而稀有的放线菌资源。*Firmicutes* 在塔克拉玛干沙漠东缘丰度较高,这与国内外研究结果较为一致,有研究表明芽孢杆菌属(*Bacillus*)在地表干旱、贫瘠区域含量可接近 50%^[34]。同时,其可促进土壤中有机的转化,荒漠化严重的地区其丰度较高。

本研究所采用的 21 个样品除了已知的菌属外,还有大量的未知种类(Unclassified),说明塔克拉玛干沙漠东缘生境内有很多潜在的微生物类群,其生理功能、群落特征及代谢特性还有待进一步的开发验证。由于当前分离培养技术的局限性,很多菌群还未得到认知,所以荒漠微生物是亟待开发的资源宝库。

REFERENCES

- [1] Neilson JW, Califf K, Cardona C, Copeland A, Van Treuren W, Josephson KL, Knight R, Gilbert JA, Quade J, Caporaso JG, et al. Significant impacts of increasing aridity on the arid soil microbiome[J]. mSystems, 2017, 2(3): e00195-16
- [2] Makhallanyane TP, Valverde A, Gunnigle E, Frossard A, Ramond JB, Cowan DA. Microbial ecology of hot desert edaphic systems[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2015, 39(2): 203-221
- [3] Philippot L, Raaijmakers JM, Lemanceau P, Van Der Putten WH. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere[J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11(11): 789-799
- [4] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10): 579-590

- [5] Zhou XY, Jia J, Liu GQ, Wang F, Qiu HM, Sun HQ. Characteristics of precipitation at hinterland of Taklimakan Desert, China[J]. *Journal of Desert Research*, 2019, 39(1): 187-194 (in Chinese)
周雪英, 贾健, 刘国强, 王芳, 仇会民, 孙怀琴. 1997-2017 年塔克拉玛干沙漠腹地降水特征[J]. *中国沙漠*, 2019, 39(1): 187-194
- [6] Zhou CL, Yang XH, Zhong XJ, Yang F, Qiu HM. Dust weather in hinterland of the Taklamakan Desert[J]. *Arid Zone Research*, 2017, 34(2): 324-329 (in Chinese)
周成龙, 杨兴华, 钟昕洁, 杨帆, 仇会民. 塔克拉玛干沙漠腹地沙尘天气特征[J]. *干旱区研究*, 2017, 34(2): 324-329
- [7] Chen SY, Huang JP, Li JX, Jia R, Jiang NX, Kang LT, Ma XJ, Xie TT. Comparison of dust emissions, transport, and deposition between the Taklimakan Desert and Gobi Desert from 2007 to 2011[J]. *Scientia Sinica: Terrae*, 2017, 47(8): 939-957 (in Chinese)
陈思宇, 黄建平, 李景鑫, 贾瑞, 江南萱, 康丽泰, 马骁骏, 谢亭亭. 塔克拉玛干沙漠和戈壁沙尘起沙、传输和沉降的对比研究[J]. *中国科学: 地球科学*, 2017, 47(8): 939-957
- [8] Daniel R. The metagenomics of soil[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, 3(6): 470-478
- [9] Davis KER, Joseph SJ, Janssen PH. Effects of growth medium, inoculum size, and incubation time on culturability and isolation of soil bacteria[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(2): 826-834
- [10] Ravi RK, Walton K, Khosroheidari M. MiSeq: a next generation sequencing platform for genomic analysis[A]// DiStefano JK. *Disease Gene Identification*[M]. New York: Humana Press, 2018
- [11] Sun Y, Shi YL, Wang H, Zhang T, Yu LY, Sun H, Zhang YQ. Diversity of bacteria and the characteristics of actinobacteria community structure in badain jaran desert and tengger desert of China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 1068
- [12] Ligi T, Oopkaup K, Truu M, Preem JK, Nõlvak H, Mitsch WJ, Mander Ü, Truu J. Characterization of bacterial communities in soil and sediment of a created riverine wetland complex using high-throughput 16S rRNA amplicon sequencing[J]. *Ecological Engineering*, 2014, 72: 56-66
- [13] Ferjani R, Marasco R, Rolli E, Cherif H, Cherif A, Gtari M, Boudabous A, Daffonchio D, Ouzari HI. The date palm tree rhizosphere is a niche for plant growth promoting bacteria in the oasis ecosystem[J]. *BioMed Research International*, 2015, 2015: 153851
- [14] Li XR, He MZ, Duan ZH, Xiao HL, Jia XH. Recovery of topsoil physicochemical properties in revegetated sites in the sand-burial ecosystems of the Tengger Desert, Northern China[J]. *Geomorphology*, 2007, 88(3/4): 254-265
- [15] Ren M, Zhang ZF, Wang XL, Zhou ZW, Chen D, Zeng H, Zhao SM, Chen LL, Hu YL, Zhang CY, et al. Diversity and contributions to nitrogen cycling and carbon fixation of soil salinity shaped microbial communities in Tarim basin[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 431
- [16] Lu RK. *Methods for Soil Agrochemistry Analysis*[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000 (in Chinese)
鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
- [17] Oren AHBED, Jiao ZW, Jiang BLT, Mu GL, Yang XR. Determination of bacteria diversity of degraded grassland in Xinyuan County by high-throughput sequencing technology[J]. *Microbiology China*, 2017, 44(3): 545-553 (in Chinese)
吾尔恩·阿合别尔迪, 焦子伟, 江波拉提, 木古丽, 杨晓绒. 高通量测序技术分析新疆新源县过度放牧土壤细菌多样性[J]. *微生物学通报*, 2017, 44(3): 545-553
- [18] Li Y, Kong Y, Teng DX, Zhang XN, He XM, Zhang Y, Lv G. Rhizobacterial communities of five co-occurring desert halophytes[J]. *PeerJ*, 2018, 6: e5508
- [19] Bowen JL, Morrison HG, Hobbie JE, Sogin ML. Salt marsh sediment diversity: a test of the variability of the rare biosphere among environmental replicates[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(11): 2014-2023
- [20] Wang DD, Lin Q, Otkur M, Yang HM, Lou K. Diversity of airborne bacterial communities in sandstorm area of Taklimakan[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, 58(8): 1420-1430 (in Chinese)
王丹丹, 林青, 欧提库尔·玛合木提, 杨红梅, 娄恺. 塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌群落多样性[J]. *微生物学报*, 2018, 58(8): 1420-1430
- [21] Liu HY, Wang JJ, Zhao W, Li QQ, Chen Y, Yi ZB, Lyu X, Huang ZY. Structure of soil bacteria community and diversity in cotton field and Euphrates poplar forest in the middle and lower reaches of Tarim river basin[J]. *Microbiology China*, 2019, 46(9): 2214-2230 (in Chinese)
刘海燕, 王敬敬, 赵维, 李晴晴, 陈云, 易正炳, 吕新, 黄志勇. 塔里木河中下游流域棉田及胡杨林土壤细菌群落结构及多样性研究[J]. *微生物学通报*, 2019, 46(9): 2214-2230
- [22] Wang K, He Q, Wang MZ, Hu YH, Li XH. Wind field at boundary layer in hinterland of the Taklimakan Desert[J]. *Journal of Desert Research*, 2012, 32(4): 1029-1034 (in Chinese)
王柯, 何清, 王敏仲, 胡月宏, 李晓辉. 塔克拉玛干沙漠腹地边界层风场特征[J]. *中国沙漠*, 2012, 32(4): 1029-1034
- [23] Wang YB. Characteristics of the surface wind in the

- southern margin of Taklamakan[D]. Chengdu: Master's Thesis of Sichuan Normal University, 2018 (in Chinese)
王亚斌. 塔克拉玛干沙漠南缘地表风特征研究[D]. 成都: 四川师范大学硕士学位论文, 2018
- [24] Berg G, Smalla K. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, 68(1): 1-13
- [25] Turner BL, Haygarth PM. Changes in bicarbonate-extractable inorganic and organic phosphorus by drying pasture soils[J]. Soil Science Society of America Journal, 2003, 67(1): 344-350
- [26] Bai X. Biodiversity of airborne microbial flora during dust events in west Taklamakan Desert[D]. Urumqi: Master's Thesis of Xinjiang University, 2013 (in Chinese)
白雪. 塔克拉玛干沙漠西缘沙尘天气过程中空气微生物群落多样性[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学硕士学位论文, 2013
- [27] Firasat H. Cultivation-dependent and independent approach to study bacterial diversity of four different deserts[D]. Kunming: Doctoral Dissertation of Yunnan University, 2017 (in Chinese)
Firasat Hussain. 基于纯培养和免培养技术研究不同来源沙漠样品原核微生物多样性[D]. 昆明: 云南大学博士学位论文, 2017
- [28] Xakula B, Lin Q, Liu ZZ, Yang HM, Lou K. Diversity of culturable bacteria in air of dust storm source area in taklamakan[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2020, 33(12): 2933-2942 (in Chinese)
夏库拉·巴特亚尔, 林青, 刘珍珠, 杨红梅, 娄恺. 塔克拉玛干沙尘暴源区空气可培养细菌多样性[J]. 西南农业学报, 2020, 33(12): 2933-2942
- [29] Kappell AD, Wei Y, Newton RJ, Van Nostrand JD, Zhou JZ, McLellan SL, Hristova KR. The polycyclic aromatic hydrocarbon degradation potential of Gulf of Mexico native coastal microbial communities after the Deepwater Horizon oil spill[J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: 205
- [30] Bao HF, Wang W, Wang N, Fang SJ, Zhan FQ. Bacteria diversity of soil of *Populus euphratica* forest in the hinterland of Taklimakan Desert[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2011, 51(1): 122-126 (in Chinese)
包慧芳, 王伟, 王宁, 房世杰, 詹发强. 塔克拉玛干沙漠腹地胡杨林土壤细菌多样性分析[J]. 微生物学报, 2011, 51(1): 122-126
- [31] Zhu RG, Guan TW, Jiang XJ. Isolation of rare actinobacteria in 5 ecodistricts of Tarim basin and distribution of the genes synthesizing antibiotics[J]. Biotechnology Bulletin, 2018, 34(9): 230-236 (in Chinese)
朱荣贵, 关统伟, 姜秀娟. 塔里木盆地 5 个生态小区稀有放线菌分离及合成抗生素基因分布[J]. 生物技术通报, 2018, 34(9): 230-236
- [32] Arocha GHF, Canales DCR, Eguiarte LE, Souza V, Torre ZS. High diversity and suggested endemism of culturable actinobacteria in an extremely oligotrophic desert oasis[J]. PeerJ, 2017, 5: e3247
- [33] Essoussi I, Boujmil R, Nouioui I, Abbassi-Ghozzi I, Hamza A, Boudabous A, Gtari M. Genetic diversity and esterase-profiling of actinobacteria isolated from Sahara desert stones and monuments[J]. Geomicrobiology Journal, 2012, 29(1): 23-28
- [34] Zhang YM, Wang XQ. Summary on formation and developmental characteristics of biological soil crusts in desert areas[J]. Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(16): 4484-4492 (in Chinese)
张元明, 王雪芹. 荒漠地表生物土壤结皮形成与演替特征概述[J]. 生态学报, 2010, 30(16): 4484-4492