J. Lake Sci.(湖泊科学), 2027, 39(3):000-000
DOI 10.18307/2027.0326
©2027 *by Journal of Lake Sciences*

基于微生物生物完整性指数的湖泊生态系统健康评价

——以银川市鸣翠湖为例*

马晨洁[1]，齐娅荣[2]，陶俊伸[1]，王宇龙[1]，任　悦[1,3]，钟艳霞[1,4]**
(1：宁夏大学生态环境学院，银川 750021)
(2：清华大学环境学院，北京 100084)
(3：宁夏回族自治区国土空间规划研究中心，银川 750001)
(4：西北退化生态系统恢复与重建教育部重点实验室，银川 750021)

摘　要：为探究干旱区灌区浅水湖泊生态健康的季节动态及其微生物驱动机制，本研究以银川鸣翠湖为研究对象，于春、夏、秋、冬四季采集水样，测定水质理化指标并获取宏基因组数据，构建了适用于四季比较的微生物完整性指数（microbial index of biotic integrity，M-IBI）评价体系，分析了其与水质指数（WQI）及碳、氮、磷、硫循环功能基因的相关性。综合 WQI 与实地生境条件，筛选出统一参考点与受损点，经指标筛选确定 5 项核心指标，建立了能有效区分四季生态系统健康状态的评价体系。结果表明：夏季健康等级以亚健康为主，秋季次之，春季与冬季相对较差，其中春季略低于冬季；空间上，开阔水域与芦苇湿地健康等级较高，而封闭水体和入水口相对较差。WQI 与 M-IBI 在冬季呈显著正相关，夏季呈负相关，两者从不同维度评价湖泊状态。功能基因关联分析从分子层面验证了 M-IBI 的科学性。本研究构建的 M-IBI 为西北黄河灌区湖泊生态健康评价提供了方法参考与实践依据。

关键词：鸣翠湖；微生物完整性指数；水质指数；功能基因；季节动态

Assessment of Lake Ecosystem Health Based on the Microbial Index of Biotic Integrity (M-IBI)

——A Case Study of Mingcui Lake in Yinchuan*

Ma Chenjie[1], Qi Yarong [2], Tao Junshen [1], Wang Yulong [1], Ren Yue [1,3] & Zhong Yanxia [1,4*]
(1: *College of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *PR. China*)
(2: *College of Environment, Tsinghua University, Beijing* 100084, *PR.China*)
(3: *State Key Laboratory Breeding Base of Land Degradation and Ecological Restoration in Northwest China, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *PR. China*)
(4: *Key Laboratory of Restoration and Reconstruction of Degraded Ecosystems in Northwest China, Ministry of Education, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *PR. China*)

Abstract：This study examined the seasonal dynamics of ecological health and the related microbial mechanisms in shallow lakes of arid irrigation areas, taking Lake Mingcui (Yinchuan) as the study site. Water samples were collected in spring, summer, autumn, and winter. Water quality physicochemical parameters were measured, and metagenomic data were obtained. A seasonally adaptable Microbial Index of Biotic Integrity (M-IBI) evaluation method was established, and its correlations with the Water Quality Index (WQI) and functional genes in carbon, nitrogen, phosphorus, and sulfur cycles were analyzed. Reference sites and impaired sites were identified by combining the Water Quality Index (WQI) results with in-situ habitat conditions. After indicator screening, five core indicators were selected to build an evaluation system that can effectively distinguish ecosystem health status across the four seasons. The results showed that the lake

* 2026-04-08 收稿；2026-07-04 收修改稿；　2026-07-07 录用。
宁夏回族自治区重点研发计划重点项目 (2025BEG02017)资助。
** 通信作者：E-mail: zhongyx_w@163.com

ecosystem health status was mostly suboptimal in summer, followed by autumn, while spring and winter had relatively poor health conditions, with spring slightly worse than winter. Spatially, open-water areas and reed wetlands had better health levels, while enclosed water bodies and water inflow points had poorer health status. The WQI and M-IBI were significantly positively correlated in winter and negatively correlated in summer, indicating a complementary relationship between the two indices. Functional gene correlation analysis verified the scientific validity of the M-IBI at the molecular level. The M-IBI established in this study can provide methodological references and practical support for ecological health assessment of lakes in the irrigation areas of the northwest Yellow River basin.
Keywords：Lake Mingcui；microbial integrity index；water quality index；functional genes；seasonal dynamics

湖泊是地球淡水生态系统的重要组成部分，在气候调节、生物多样性维持及生物地球化学循环中发挥着重要生态功能[1]。受内源污染和外源输入双重影响，多数湖泊生态系统结构与功能趋于退化[2]。因此，开展湖泊生态系统健康评价，筛选有效指标并识别关键驱动因子，对湖泊保护与可持续管理具有重要意义。目前，基于生物群落结构评价水生态健康的生物完整性指数（index of biotic integrity，IBI）法已被广泛应用。Karr[3]于 1981 年首次以鱼类为指示生物建立 IBI，此后该方法所选指示生物逐步拓展至大型底栖无脊椎动物[4]、浮游动物[5]和浮游植物[6]等类群。然而，传统 IBI 依赖的指示生物生命周期较长，对环境变化的响应存在明显滞后；采样过程受水体条件限制，且随着污染加剧其数量显著下降；此外，该类指标主要反映群落结构变化，难以揭示生态功能的退化机制。与传统 IBI 相比，基于微生物的微生物完整性指数(microbial index of biotic integrity，M-IBI)具有独特优势。微生物生命周期短、代谢快且对环境变化敏感，能够快速响应环境波动[7]，可作为湖泊生态健康的早期预警指标。同时，微生物处于食物网的基础营养级，其对生态系统扰动的响应速度快于生产者和消费者，且在冰封期或高污染水体中仍能保持活跃。借助现代高通量测序技术，微生物群落的时空变化更易被监测，其作为指示物种的应用价值日益凸显[8-9]。因此，M-IBI 作为传统 IBI 的重要补充，在湖泊生态系统健康评价中具有重要研究价值与应用前景。

目前，M-IBI 已应用于河流[10-12]、湿地[13]、地下水[14]、城市河道[8,15-16]等不同类型水体，在湖泊中亦有初步尝试。湖泊水体交换缓慢、营养盐滞留时间长[17]，微生物群落的响应信号易于积累和放大，因此在湖泊中具有更高的灵敏度和稳定性[7]。寒区湖泊冰封期长，传统生物监测难以开展，而微生物可通过冰下水样分析有效填补冬季监测空白。此外，湖泊富营养化与蓝藻水华问题突出，功能基因能够直接揭示其微生物驱动机制[18]。随着高通量测序技术的不断成熟，M-IBI 在湖泊中的应用已具备技术基础，其优势可得到充分发挥，具有重要的科学价值和应用前景。然而，现有湖泊 M-IBI 研究多采用分季节构建评价体系，不同季节的参考点不一致，导致四季健康评价结果无法直接比较。同时，已有研究主要关注群落结构层面，未进一步分析 M-IBI 与碳、氮、磷、硫循环功能基因的相关性，难以从代谢机制层面解释健康状态的变化规律。尤其针对干旱区灌区湖泊 M-IBI 研究，目前尚属空白。

银川鸣翠湖是宁夏干旱半干旱区的典型湖泊，年均降水量与蒸发量比约为 1:9，是在独特自然地理条件与人工灌溉活动共同作用下形成与维持的生态系统，是黄河流域灌区湖泊的典型代表[19-20]。近年来，受周边农业活动与旅游开发影响，该湖生态系统健康面临压力，环境因子波动剧烈，生物多样性有限。其中，农业面源污染突出，总氮是该湖主要污染物之一，也是湖区水质空间分异的关键驱动因子[21]。该湖具有冰封期长、水体交换受人工调控、农业面源污染显著等特征。现有生态健康评价多集中于水体理化因子的富营养化评价[21]、T-S 模糊神经网络模型的水质评价[22]以及基于浮游植物完整性的水生态评价[23]，缺乏针对微生物完整性指数及其功能基因的研究，且未见适用于四季比较的统一 M-IBI 评价体系。为此，本研究基于四季宏基因组与水质数据，构建适用于四季比较的微生物完整性指数，并分析其与水质指数(WQI)及功能基因的相关性，系统评价鸣翠湖生态健康的季节动态与空间格局，以期为我国西北干旱区灌区湖泊的生态健康评价提供方法参考和实践依据。

1 材料与方法

1.1 研究区采样点设置

鸣翠湖（38°23′5″~38°24′5″N，106°23′4″~106°23′5″E）位于宁夏回族自治区银川市兴庆区掌政镇，地

处中温带干旱气候区。湖泊总面积 660 hm^2，平均水深 1.2 m，蓄水量约为 416×10^4 m^3。湖区植被类型以芦苇沼泽、荷花塘和草本湿地为主，受周边农业退水及旅游开发等人类活动影响显著。鸣翠湖夏、秋季水量较大，冬、春季基本无黄河水补给，是典型的季节性湖泊。本研究在湖区不同区域共设置 11 个采样点（图 1），分别于 2025 年 5 月（春季，水温 14.8~18.5 ℃）、8 月（夏季，水温 24.2~28.7 ℃）、10 月（秋季，水温 13.6~19.0 ℃）和 2026 年 1 月（冬季，水温 0.1~3.5 ℃）采集四季水样。冬季采样时，湖面已形成稳定冰层（冰厚约 10~15 cm），采用冰钻凿冰后，于冰下 0.5 m 处采集水样。

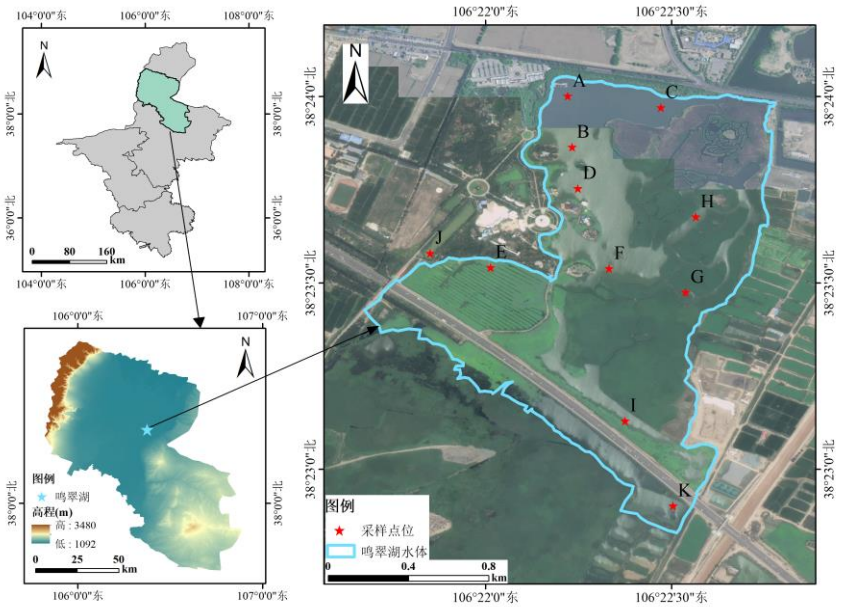

图 1 研究区位置及采样点分布

Fig.1 Study area location and the distribution of sampling sites

1.2 样品采集与分析

1.2.1 样品采集和水质分析　使用不锈钢水样采集器在距水面约 0.5 m 处采集表层水样，冰封期采样时，先用冰钻在冰面钻孔，清除孔口碎冰后，再按上述方法采集冰下水样，以避免表层污染。每个采样点采集 3 份水样，装入 5 L 聚乙烯瓶中密封保存。现场使用便携式水质多参仪现场测定水温（WT）、pH、电导率（EC）、溶解氧（DO）和浊度（NTU）。采集的水样于 4 ℃冷藏保存用于理化性质分析。另取 1 L 水样经 0.22 μm 滤膜过滤，将滤膜置于-80 ℃冷冻保存，用于微生物分析。总氮（TN）采用碱性过硫酸钾-紫外分光光度法（HJ 636-2012）测定；总磷（TP）采用钼酸铵分光光度法（GB 11893-89）测定；氨氮（NH_3-N）采用纳氏试剂比色法（HJ 535-2009）测定；硝态氮（NO_3^--N）采用紫外分光光度法（HJ/T 346-2007）测定；化学需氧量（COD_{Cr}）采用快速消解分光光度法（HJ/T 399-2007）测定；叶绿素 a（Chl-*a*）采用分光光度法（HJ 897-2017）测定；五日生化需氧量（BOD_5）采用稀释与接种法（HJ 505-2009）测定。

1.2.2 微生物群落分析　利用 Mag-Bind® Soil DNA Kit（Omega Bio-tek，美国）提取滤膜上的微生物总 DNA，通过 NanoDrop 2000 分光光度计（Thermo Fisher Scientific，美国）检测 DNA 浓度与纯度，并用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其完整性。使用 Covaris M220 超声破碎仪（基因有限公司，中国）将 DNA 片段化，筛选约 400 bp 的片段用于文库构建，采用 NEXTFLEX® Rapid DNA-Seq Kit（Bioo Scientific，美国）进行文库构建。文库质量合格后，在 DNBSEQ-T7 测序平台(上海美吉生物医药科技有限公司)上进行宏基因组测序，测序策略为 PE150（双端 150 bp）。原始测序数据使用 fastp 软件进行质控，去除接头及低质量序列，过滤后长度小于 50 bp 或平均碱基质量值低于 20 的 reads；利用 MEGAHIT[24]软件对 clean reads 进行组装，筛选长度≥300 bp 的 contigs；采用 Prodigal 软件预测开放阅读框(ORF)，使用 CD-HIT[25]软件按 90%

的相似度和覆盖度聚类构建非冗余基因集；通过 SOAPaligner[26]软件将各样本 clean reads 比对至基因集(95%相似度)，采用 RPKM（Reads Per Kilobase per Million mapped reads）法计算基因丰度。该方法同时校正了测序深度和基因长度差异，使不同样本间的基因丰度具有可比性。使用 Diamond[27]将非冗余基因集的氨基酸序列与 NR 数据库进行比对（BLASTP，e-value 为 $1e^{-5}$），并通过 NR 数据库对应的分类学信息获得物种注释，以物种对应基因丰度之和计算该物种的相对丰度。功能注释采用 Diamond[27]软件将非冗余基因集的氨基酸序列与 KEGG 数据库比对（BLASTP，e-value≤$1e^{-5}$），获得 KO（KEGG Orthology）信息及丰度，并依据 KEGG 层级关系提取碳、氮、磷、硫循环相关功能基因的丰度。

微生物群落分析基于宏基因组测序数据开展。Alpha 多样性是基于非冗余基因集中各基因的丰度计算；Beta 多样性基于 Bray-Curtis 距离矩阵进行主坐标分析(PCoA)，组间差异显著性采用 PERMANOVA 检验。进行相关性分析前，采用 Shapiro-Wilk 检验对数据进行正态性检验。

1.3 数据处理

采用 Excel 对原始数据进行整理。利用 Origin 2022 绘制箱线图分析水质变化特征，绘制柱状堆积图展示各季节微生物群落组成与分布特征，绘制相关性热图分析门（属）水平微生物群落与水质指标的相关关系，并对 WQI 与 M-IBI 值进行线性拟合。使用 R 语言进行主坐标分析（PCoA）及 M-IBI 与功能基因的相关性分析。采用 SPSS 27.0 对环境因子进行共线性检验。利用 Canoco 5.0 进行冗余分析（RDA），探讨水质因子对微生物群落的影响，并通过蒙特卡洛置换检验评估环境因子的显著性。

1.4 M-IBI 评价体系的构建

1.4.1 参考点的选取方法 参考先前的研究方法[28-30]，本研究基于采样点的 pH、DO、NH_3-N、TP、TN、COD_{Cr} 和 Chl-*a* 计算综合水质指数（Water quality index, WQI）为每个水质指标分配了权重，并根据以下公式对其进行标准化：

$$WQI = \frac{\sum_{i=1}^{n} C_i \times P_i}{\sum_{i=1}^{n} P_i} \tag{1}$$

式中，C_i 为水质指标 i 的标准化值，P_i 为水质指标 i 的权重（表 1）；WQI 值的分布范围在 0~100 之间，将水质评价等级划分为 5 个级别：好[90，100)、较好[70,90)、中等[50,70)、差[25,50)、非常差[0,25)。根据 WQI 得分情况以及湖泊周边区域人为活动干扰的强度，选择其中最合适作为参照的点。

表 1 参数的相对权重(P_i)和归一化因子(C_i)

Tab.1 The relative weights (P_i) and the normalization factors (C_i) of parameters

变量	相对权重	归一化因子(C_i)										
	(P_i)	100	90	80	70	60	50	40	30	20	10	0
pH	1	7	7~8	8~8.5	8.5~9	6.5~7	6~9.5	5~10	4~11	3~12	2~13	1~14
DO/(mg/L)	4	≥7.5	>7	>6.5	>6	>5	>4	>3.5	>3	>2	≤1	<1
NH_3-N/(mg/L)	3	<0.01	<0.05	<0.1	<0.2	<0.3	<0.4	<0.5	<0.75	<1	≤1.25	>1.25
COD_{Cr}/(mg/L)	3	≤15	≤20	≤25	≤30	≤35	≤40	≤45	≤50	≤60	≤80	>80
TP/(mg/L)	4	<0.01	<0.02	<0.05	<0.1	<0.15	<0.2	<0.25	<0.3	<0.35	≤0.4	>0.4
TN/(mg/L)	4	≤0.2	≤0.3	≤0.5	≤0.75	≤1	≤1.2	≤1.5	≤1.7	≤2	≤2.5	>2.5
Chl-*a*/(μg/L)	3	≤15	≤20	≤25	≤30	≤35	≤40	≤45	≤50	≤60	≤80	>80

1.4.2 指标筛选 在参照 M-IBI 相关研究的基础上[8,13,15]，了解通常研究选用的候选指标，初步选取具有与群落丰富度、结构、组成和功能相关的 4 种相关参数作为 M-IBI 的候选指标。其中，与群落组成相关的参数选择涉及微优势种分布/与关键水质指标显著相关的微生物组成。然后通过干扰反应、判别能力分析和 Pearson 相关性分析对候选指标进行分析，筛选出用以计算 M-IBI 的生物参数指标。①干扰反应，确定各项指标随污染程度增大响应的形式(上升或下降)，变化方向通过查阅文献及比较参考点与受损点之间的

差异确定。②判别能力分析，通过分组绘制各指标在参考点和受损点的箱线图，保留参考点和受损点中位数均不在对方箱体中的指标(IQ≥2)。③对候选指标进行 Pearson 相关性分析，若两指标的相关系数$|r|\geq 0.75$且 $P<0.01$，选择其一用于构建 M-IBI 评价体系。

1.4.3 M-IBI 评价标准　采用比值法进行核心指标赋值。其中，随干扰增大而减小的指标最大期望值为 95%分位数，各指标的分值为指标值与所有采样点的 95%分位数的比值；随干扰增大而增大的指标以 5%分位数为最佳期望值进行计算。计算方法：(最大指标值-指标值)/(最大指标值-5%分位数)。指标值应分布于 0~1，若大于 1，则记为 1。以参考点 IBI 的 95%分位数作为湖泊健康评价的最佳值，其后区间五等分，依次为健康、亚健康、一般、较差、极差状态的划分标准。

2 结果与分析

2.1 水质时空特征

2.1.1 WQI 水质评价结果　各采样点 WQI 评价结果如图 2 所示。鸣翠湖水质时空异质性较低。春季 WQI 值为 72~89，所有样点水质等级均为“较好”；夏季为 63~75，水质等级以“中等”为主，“较好”等级样点占比约 18%；秋季为 69~87，除 H 点外其余样点水质等级均为“较好”；冬季为 60~86，“较好”等级样点占比约 83%，“中等”等级占比约 27%。综合四季 WQI 值及水质等级分布，春季水质最优，夏季最差。

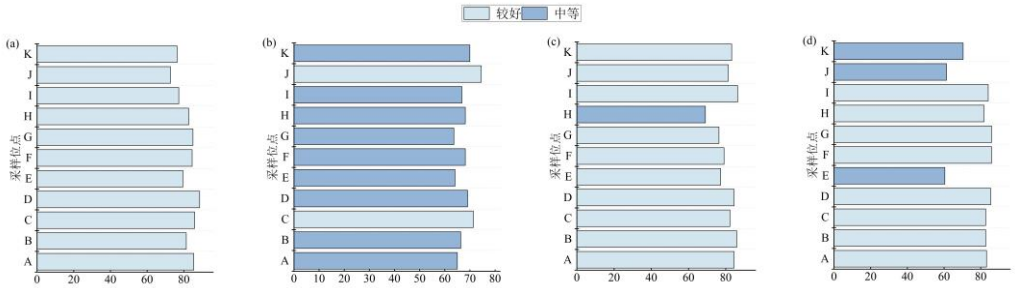

图 2 各样点四季水质指数评价结果(a：春季；b：夏季；c：秋季；d：冬季)

Fig.2 Seasonal water quality evaluation results of sampling points (a: spring; b: summer; c: autumn; d: winter)

2.1.2 参考点与受损点的确定　根据参考点与受损点的筛选标准，综合四次采样的 WQI 计算结果，全面反映不同时期各采样点的水质情况。共选出 4 个参考样点（A、C、D、F）与 4 个受损样点（E、H、J、K），其余样点为其他测试样点。参考点与受损点在 TN 和 WQI 上存在显著差异（表 2），进一步验证了分组的合理性。

2.2 微生物群落特征

2.2.1 微生物群落多样性分析　各季节微生物群落 Alpha 多样性分析如图 3 所示。Kruskal-Wallis 检验表明，Chao1 指数（H=14.806，P=0.002）、Shannon-Wiener 多样性指数 （H=29.345，P<0.001）和 Pielou 均匀度指数（H=29.171，P<0.001）在四季之间均存在极显著差异。Chao1 指数表现为夏季>秋季>春季>冬季，其中冬季显著低于夏季和秋季；Shannon 指数表现为夏季>冬季>秋季>春季，春季显著低于夏季和冬季。总体而言，夏季微生物群落丰富度与多样性最高，春季相对较低。Pielou 均匀度指数夏季显著高于其他季节，表明夏季微生物群落结构更为均匀。夏季适宜的水温及相对充足的营养物质促进了微生物的生长与繁殖，从而提高了群落丰富度与多样性；同时，高温与较高的营养盐浓度形成环境过滤作用，使耐受型微生物种类相对富集，物种分布更趋均衡。春季均匀度最低，可能与春季水体环境波动较大、部分优势类群占比偏高有关。冬季虽物种丰富度（Chao1 指数）显著低于夏季和秋季，但 Shannon 指数和 Pielou 均匀度指数与夏季无显著差异，表明在冬季低温环境下，尽管物种数减少，但剩余物种分布相对稳定，群落结构仍保持一定完整性。

表 2 参考点与受损点位的水质比较

Tab.2 Comparison of water quality parameters between reference and impaired sites

水质指标	参考点	其他点	受损点	显著性
pH	7.94±0.31	7.78±0.26	7.90±0.39	0.729
DO(mg/L)	7.95±3.36	7.15±2.96	7.2±4.52	0.612
NH_3-N(mg/L)	0.19±0.08	0.23±0.12	0.19±0.10	0.943
TP(mg/L)	0.02±0.01	0.03±0.02	0.06±0.13	0.236
TN(mg/L)	0.37±0.27	0.46±0.31	0.65±0.50	<0.05*
COD_{Cr}(mg/L)	17.45±9.23	18.22±11.13	26.61±19.57	0.101
Chl-*a*(μg/L)	7.76±5.54	9.13±6.61	7.55±6.72	0.926
WQI	80.37±7.51	78.48±8.43	73.32±7.51	<0.05*

*表示差异显著，P≤0.05。参考点（A、C、D、F）位于大水面开阔区，周边无直接污染源，受人类活动干扰较小；受损点（E、H、J、K）分别位于荷花池（E）、入水口（J）、南湖（K）及航道区（H），受农业退水、旅游活动或水体交换受限等影响较大。

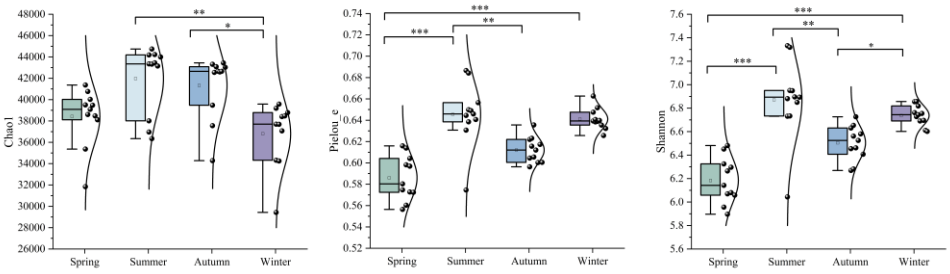

图 3 各季节微生物群落 Alpha 多样性指数(*表示 0.01<P≤0.05；**表示 0.001<P≤0.01，***表示 P≤0.001)

Fig.3 Alpha diversity index of microbial communities in each season

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析（PCoA）结果如图 4 所示。第一主坐标（PC1）和第二主坐标（PC2）分别解释了群落结构变异的 38.82%和 19.63%。相似性分析（ANOSIM）结果显示，R=0.639，P=0.001，表明不同季节间微生物群落结构存在显著差异。夏、秋季微生物群落结构差异相对较小，样本点分布高度重叠；春季、冬季与夏、秋季间群落结构差异较为明显，且春季与冬季内部亦存在一定程度的分离。就季节内部而言，夏、秋季各样点间微生物群落结构差异不明显，样本分布较为集中；春、冬季各样点间差异较为显著，样本分布更为分散。

2.2.2 微生物群落优势菌属　研究区四季门和属水平微生物群落物种组成如图 5 所示。春季，鸣翠湖水体中平均相对丰度较高的门类为变形菌门（53.51%）、放线菌门（18.44%）和拟杆菌门（12.05%）；夏季为变形菌门（31.35%）、蓝藻门（25.66%）和放线菌门（22.15%）；秋季为变形菌门（43.03%）、放线菌门（22.21%）和蓝藻门（14.52%）；冬季为变形菌门（60.31%）、放线菌门（17.64%）和拟杆菌门（11.33%）。

属水平上，春季优势属主要为变形菌门中未分类的属和 *Limnohabitans*；夏季主要为 *Cyanobium*（双色藻属）和 *Synechococcus*（聚球藻属）；秋季主要为 *Limnohabitans* 和蓝菌属；冬季为变形菌门中未分类的属、*Rhodoferax*(（红育菌属）和 *Polaromonas*（极单胞菌属）。

2.3 微生物完整性指数(M-IBI)构建

2.3.1 候选生物参数的确定与筛选　为探究微生物群落与水质指标之间的关系，选取全部采样点中相对丰度前 15 的门和前 15 的属进行冗余分析（图 6）。在门水平上，RDA1 轴解释了微生物群落变异的 41.83%，

RDA2 轴解释了 8.11%；TN、WT、DO、EC、NO_3^--N 和 Chl-*a* 与门水平微生物群落分布呈显著相关(P<0.05)。在属水平上，RDA1 轴解释了微生物群落变异的 67.43%，RDA2 轴解释了 5.24%，WT、TP、DO 和 Chl-a 与属水平微生物群落分布有显著相关(P<0.05)。综上，确定影响微生物群落组成及分布的关键环境因子为 TN、TP、WT、DO、EC、NO_3^--N 和 Chl-*a*。

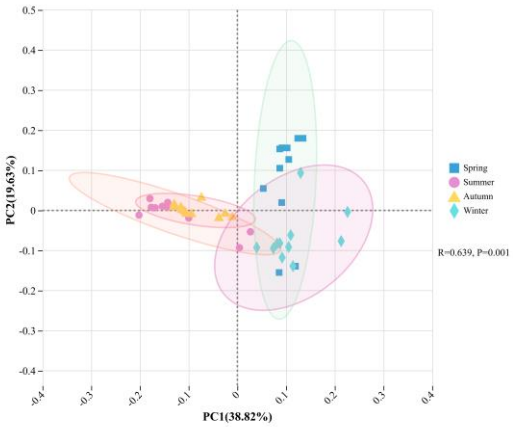

图 4 各季节微生物群落 Beta 多样性分析

Fig.4 Beta diversity analysis of microbial communities in each season

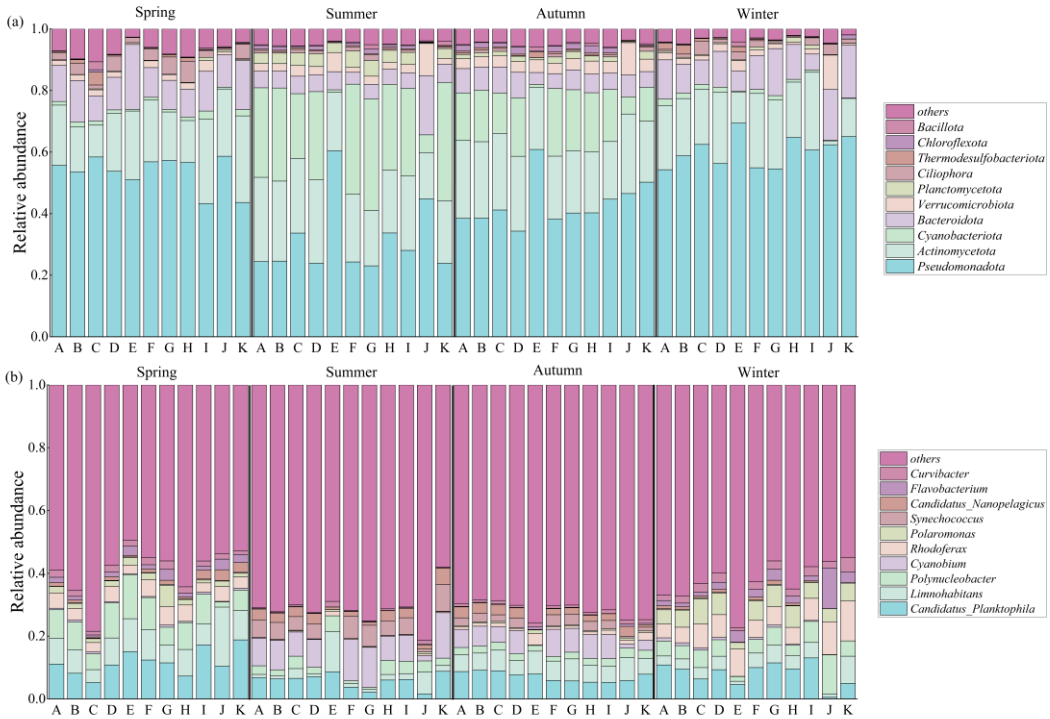

图 5 各季节微生物门水平(a)和属水平(b)相对丰度

Fig.5 Relative abundance of microbial phyla (a) and genus (b) in each season

为进一步分析关键环境因子与优势门、属微生物群落之间的关联，进行了 Spearman 相关性分析（图 7）。门水平上，放线菌门与 TP 呈显著负相关；绿弯菌门与 EC 和 Chl-*a* 值呈正相关；蓝细菌门与 WT 和 Chl-*a* 呈显著正相关；拟杆菌门与 TN 呈显著正相关。属水平上，*Limnohabitans* 属与 TN 呈显著正相关；*Flavobacterium*（黄杆菌属）与 TN 和 TP 呈显著正相关；红育菌属与 EC 和 TN 呈显著正相关，与 WT 呈显著负相关；聚球藻属与 WT 和 Chl-*a* 呈极显著正相关。上述与环境因子显著相关的微生物指标（包括优势门、属相对丰度及生物多样性指标）共 22 项指标（表 3），用于分析候选指标对干扰增强的响应。通过判别能力分析，筛选出符合条件的 7 项候选指标（图 8）；对上述 7 项指标进行 Pearson 相关性分析，结果显示 M3、M6 和 M8 之间相关系数绝对值大于 0.7，剔除 M6 和 M8 后，其余指标间相关系数均低于 0.79（表 4）。最终选定 M3、M14、M15、M19 和 M22 共 5 项指标用于构建 M-IBI 指数。

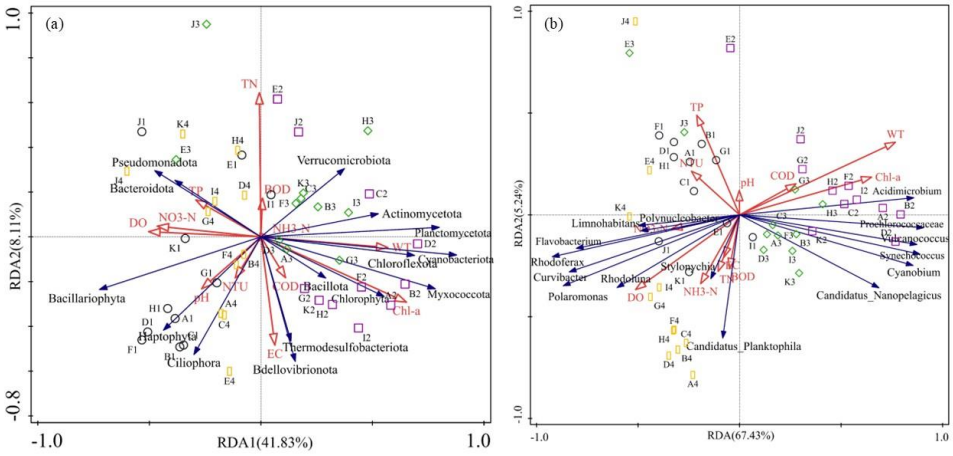

图 6 门(a)和属(b)层次优势微生物群落分布与环境因子相关的 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of dominant microbial community distributions associated with environmental factors at the phylum (a) and genera (b) levels

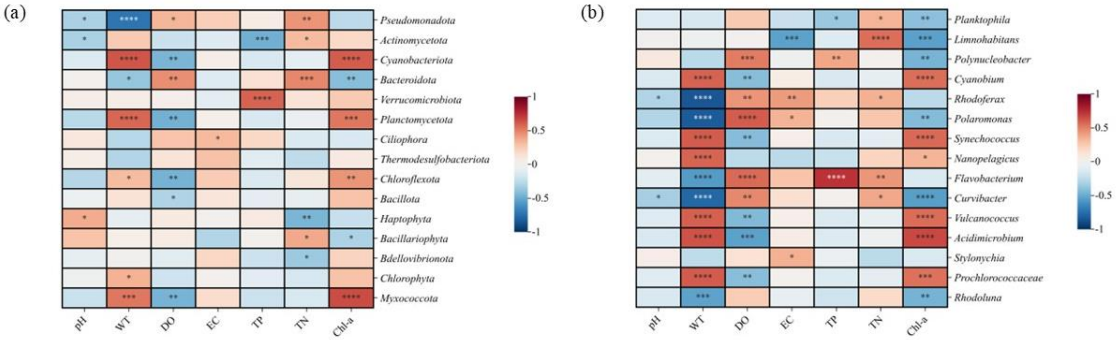

图 7 门(a)和属(b)层次环境因子与优势门(属)的 Spearman 相关性热图

Fig. 7 Spearman correlation heat map of phylum(a)and genus(b)levels of environmental factors and dominant phyla(genus)

2.3.2 M-IBI 的构建与评价结果　根据比值法对筛选出的核心指标进行分值计算（表 5），获得所有采样点的 M-IBI 值，据此构建了研究区湖泊生态系统 M-IBI 评价体系的健康评价标准（表 6），各采样点 M-IBI 健康等级评价结果如图 9 所示。各采样点 M-IBI 健康等级表现出明显的空间分异。A、B、G 样点在夏季达到“健康”等级，为生态健康状况最优区域，其中 G 位点仅在夏季表现为“健康”，其余季节维持在“一

般”水平；A、B 位点在夏、秋季转变为“健康”或“亚健康”等级，冬季下降至“一般”水平，具有明显的季节波动特征。C、D、F、H、I 位点四季多处于“亚健康”（夏、秋季）或“一般”（春、冬）等级，未见“健康”或“极差”状态。J、E 样点在春、冬季表现为“较差”等级，夏季 E 样点仍为“较差”，属于生态健康较差的区域。从季节变化来看，春季各样点 M-IBI 值为 1.64~2.67（“较差”~“一般”），夏季为 1.93~4.38（“较差”~“健康”），秋季为 2.28~4.26（“一般”~“亚健康”），冬季为 1.71~2.71（“较差”~“一般”）。总体而言，夏季健康等级最优，秋季次之，春季与冬季相对较差，其中春季略低于冬季。

表 3 鸣翠湖微生物完整性指数的候选生物参数

Tab.3 Candidate biological parameters for microbial integrity index of Mingcui Lake

指标代码	备选指标	对干扰增加的响应	指标代码	备选指标	对干扰增加的响应
M1	Shannon 指数	下降	M12	前 4 优势分类单元相对丰度总和	上升
M2	Simpson 指数	下降	M13	前 5 优势分类单元相对丰度总和	上升
M3	Ace 指数	下降	M14	*Actinobacteriota* 门相对丰度	下降
M4	Chao1 指数	下降	M15	*Chloroflexota* 门相对丰度	下降
M5	Invsimpson	下降	M16	*Bacteroidetes* 门相对丰度	上升
M6	Sobs	下降	M17	*Cyanobacteria* 门相对丰度	上升
M7	PD 指数	下降	M18	*Planktophila* 浮游菌属	下降
M8	门类数	下降	M19	*Limnohabitans* 属相对丰度	上升
M9	最高优势分类单元相对丰度	上升	M20	*Flavobacterium* 属相对丰度	上升
M10	前 2 优势分类单元相对丰度总和	上升	M21	*Rhodoferax* 属相对丰度	下降
M11	前 3 优势分类单元相对丰度总和	上升	M22	*Synechococcus* 属相对丰度	下降

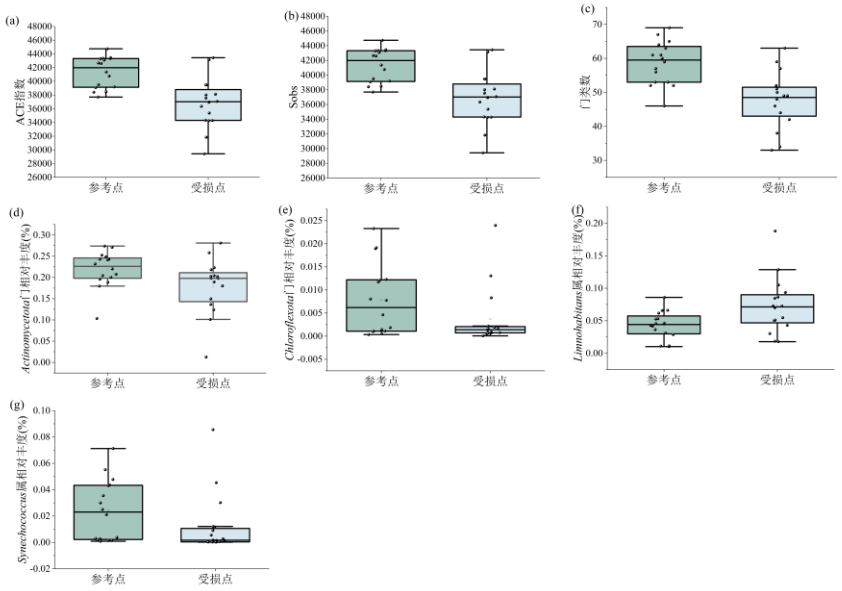

图 8 候选生物参数在受损点和参考点的箱线图比较

Fig.8 Comparison of box diagram of candidate biological parameters between damaged points and reference sites

表 4 候选生物参数的 Pearson 相关性分析

Tab.4 Pearson correlation analysis of candidate biological parameters

指标	平均值	标准差	M3	M6	M8	M14	M15	M19	M22
M3	39638.69	3575.504	1						
M6	39634.45	3574.994	1.000**	1					
M8	54.77273	9.065302	.818**	.818**	1				
M14	0.203291	0.053408	.519**	.519**	0.239	1			
M15	0.00637	0.007215	.632**	.632**	.545**	0.218	1		
M19	0.055184	0.035915	-.397**	-.397**	-.468**	0.031	-0.232	1	
M22	0.018686	0.023519	.645**	.645**	.576**	.324*	.530**	-.553**	1

*表示差异显著，$P<0.05$，**表示差异极显著，$P<0.01$

表 5 五个评价指标在采样点中的分布(%)和 IBI 打分计算公式

Tab.5 Distribution of the five parameters at the sampling sites (%) and the IBI scoring formula

指标	5%分位数	95%分位数	最大值	计算公式
M3	34261.68	44166.73	44746.46	M3/44166.73
M14	0.11	0.27	0.28	M14/0.27
M15	0.00	0.02	0.02	M15/0.02
M19	0.01	0.10	0.19	(0.19-M19)/(0.19-0.01)
M22	0.00	0.07	0.09	M22/0.07

表 6 研究区基于 M-IBI 的湖泊生态系统健康评价标准

Tab.6 Evaluation standard of lake ecosystem health based on M-IBI in the study area

M-IBI	健康等级
>4.313	健康
3.235~4.313	亚健康
2.157~3.235	一般
1.078~2.157	较差
<1.078	极差

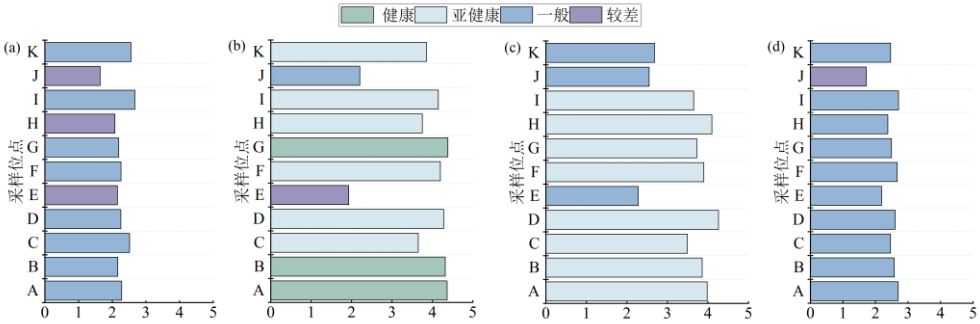

图 9 鸣翠湖不同季节 M-IBI 健康等级评价结果(a：春季；b：夏季；c：秋季；d：冬季)

Fig. 9 M-IBI health grade evaluation results of different seasons in Mingcui Lake(a: spring; b: summer; c: autumn; d: winter)

2.4 WQI 与 M-IBI 评价结果的分析

两种评价方法线性拟合结果如图 10 所示，存在明显的季节差异。冬季评价结果最为吻合，呈显著正相关(R=0.828，P<0.01)，春季较弱(R=0.233)，秋季相关性极弱(R=0.013)、夏季则呈负相关(R=-0.301)。整体来看，M-IBI 与 WQI 的评价结果在冬季最为一致，在夏季趋势相反。

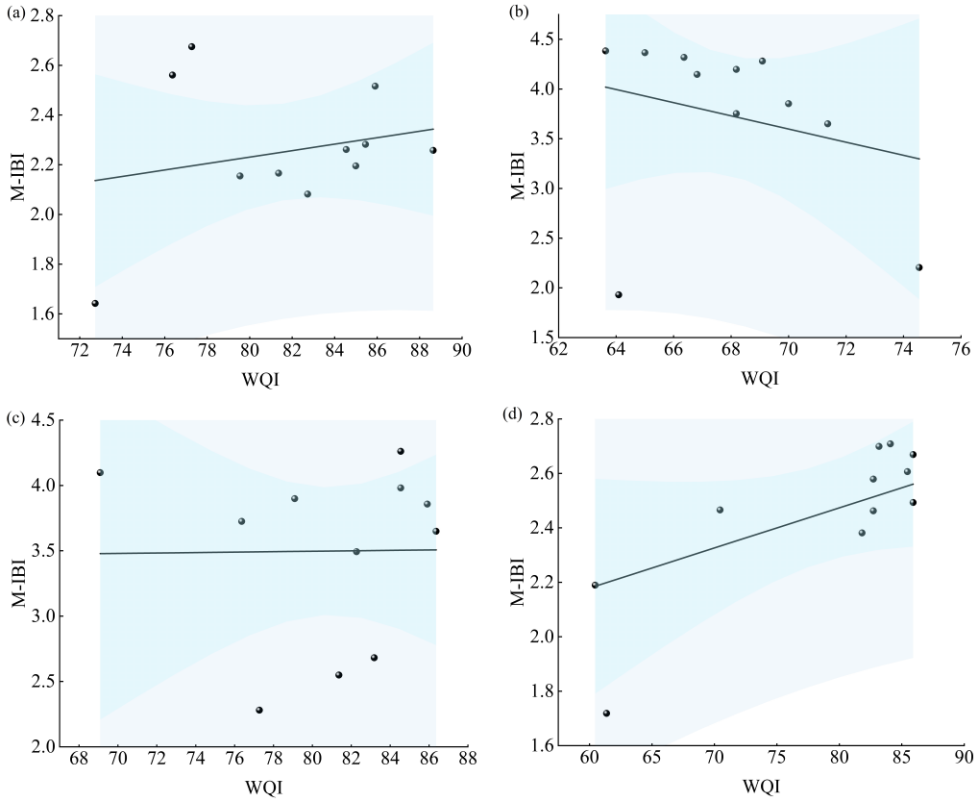

图 10 不同季节 M-IBI 值与 WQI 值线性拟合(a：春季，R=0.233，P=0.490；b：夏季，R=-0.301，P=0.368；c：秋季，R=0.013，P=0.971；d：冬季，R=0.828，P=0.001)

Fig.10 Linear fitting of M-IBI values and WQI values in different seasons

(a: spring; b: summer; c: autumn; d: winter)

2.5 M-IBI 指数与微生物功能群的相关性分析

采用 *Spearman* 秩相关分析四季 M-IBI 得分与功能基因的相关性，并通过 Benjamini-Hochberg 法（FDR）对四季数据进行多重比较校正，共筛选出 254 个与 M-IBI 显著相关的碳、氮、磷、硫循环功能基因（q<0.05）。在显著基因中，按|r|从大到小排序，并兼顾四个循环的功能代表性，从每个循环选取 2~4 个相关性最强的基因，最终获得 12 个代表性基因（图 11）。春季，所有功能基因与 M-IBI 的相关性均未达到显著水平(p>0.05)，其中 *pmoA-amoA*（R=0.591，P=0.271）和 *pstC*（R=0.418，P=0.527）呈正相关趋势。夏季，*soxZ*（R=-0.864）和 *relA*（R=-0.809）与 M-IBI 呈显著负相关（P<0.05），*mer*（R=0.800）呈显著正相关（P<0.05）。秋季，*mer*（R=0.909）与 M-IBI 呈极显著正相关（P<0.01），*narK*（R=-0.745，P=0.060）和 *narG*（R=-0.700）呈负相关趋势（P<0.10）。冬季 *pstC*（R=0.927）与 M-IBI 呈极显著正相关（P<0.10）；*relA*（R=-0.736）呈边缘显著负相关，*mer*（R=0.655）呈正相关。

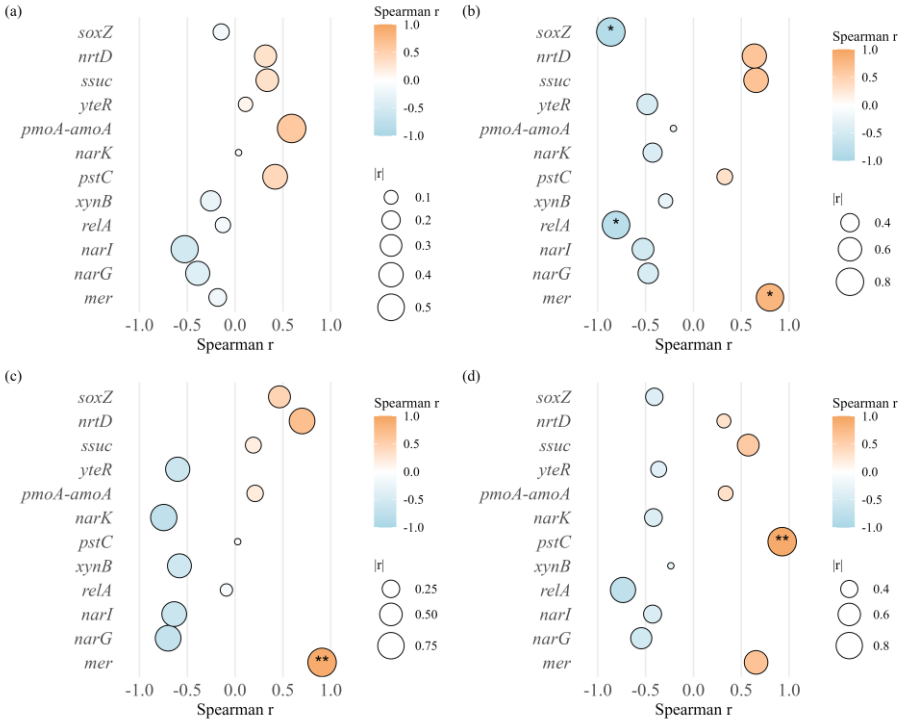

图 11 M-IBI 值与功能基因的相关性(a：春季；b：夏季；c：秋季；d：冬季；* P<0.05，** P<0.01)

Fig.11 Correlation between M-IBI values and functional genes

(a: spring; b: summer; c: autumn; d: winter; * P<0.05, ** P<0.01)

3 讨论

3.1 M-IBI 的季节响应

基于统一参考点与核心指标构建的 M-IBI 能够有效区分鸣翠湖四季健康状态。结果显示，夏季 M-IBI 均值为 3.73，健康等级为“亚健康”，为全年最优；秋季次之（3.50，“一般”~“亚健康”）；春季（2.25，“一般”）与冬季（2.45，“一般”）相对较差。这一季节格局与水质指数（WQI）的评价结果（春季最优，秋季次之，冬季居中，夏季最差）存在差异，反映了微生物群落对季节性环境胁迫的复杂适应机制。夏季 M-IBI 得分最高，而同期 WQI 因高温蒸发浓缩及农业退水输入降至全年最低。两种指标在夏季反映的健康状态趋势不同。适宜的水温与充足的营养盐为不同生态位微生物提供了良好的生存条件，促进了微生物多样性的提升；环境过滤作用使蓝细菌门和放线菌门等敏感类群在健康样点得以维持，形成更具韧性与稳定性的群落结构[31]，功能稳定性维持在较高水平[32-34]。PCoA 分析显示，夏、秋季微生物群落结构相似且高度重叠，印证了该时期群落状态的连续性与稳定性，反映了微生物群落在富营养胁迫下的适应性与功能冗余能力。秋季作为夏、冬之间的过渡季节，水体营养盐浓度较夏季显著降低，水温逐步下降，微生物群落从夏季的蓝藻主导向冬季的耐冷类群转换。这一转换过程存在功能恢复的滞后性：尽管外源污染减少，但群落结构与功能的调整尚未完成，因此 M-IBI 略低于夏季，但仍优于冬季。此外，秋季水生植物生长旺盛，通过吸收养分提升了环境净化能力，一定程度上促进了微生物群落的恢复[35-36]。冬季 M-IBI 与 WQI 健康等级均处于中等水平，且两者正相关性最强。低温抑制了微生物的酶活性与代谢速率[37]，导致群落丰富度（Chao1 指数）降至全年最低，但 Shannon 指数与均匀度仅次于夏季，且红育菌属和极单胞菌属等耐冷类群占据优势[38]。这种“丰富度降低、结构稳定”的格局使群落能够维持基本生态功能，M-IBI 得分处于中等水平。冰封期受“冻结排盐”效应影响，冰水界面营养盐浓度被动升高[39]，但低温同时抑制了微生物代

谢与底泥污染物释放，水质状态较为稳定，WQI 同样维持中等水平。PCoA 显示，冬季群落结构与夏、秋季明显分离，反映了温度对群落构建的主导作用。冬季 M-IBI 的下降主要源于低温环境胁迫，而非营养盐浓度的变化。WQI 与 M-IBI 的正相关性表明，在冰封期稳定环境下，两种评价方法均能可靠反映湖泊状态。春季农业灌溉缩短了湖泊水体滞留时间，改善了水动力条件，提升了水体自净能力，使 WQI 达到全年最优[40-41]。然而，水体强烈扰动及营养盐脉冲式输入导致微生物群落处于重组阶段，r-对策类群大量增殖，群落结构不稳定，功能尚未完全恢复[42]。因此，春季 M-IBI 为全年最低，是水生态健康状态相对最弱的时期。综上所述，在 M-IBI 构建过程中，通过分析环境因子与微生物群落组成的响应关系，筛选出对环境因子变化最为敏感的生物参数。与 WQI 反映采样时刻的水质状况不同，M-IBI 反映了微生物群落的功能完整性，更能综合揭示湖泊生态健康的整体状况，两者在评价中具有互补性。

3.2 核心指标的生态指示意义

与常规生物指示物种相比，微生物群落的结构与代谢可直接反映湖泊生态系统的扰动，基于微生物的 M-IBI 正逐渐成为检测湖泊生态变化的新型敏感指标[43-44]。本研究筛选的核心指标包括门水平的 *Actinobacteriota*（放线菌门）与 *Chloroflexota*（绿弯菌门）相对丰度，以及属水平的 *Limnohabitans* 属和聚球藻菌属（*Synechococcus*）相对丰度。聚球藻属属于蓝细菌门，是湖泊中广泛分布的光合浮游细菌类群，在夏季高温条件下丰度较高，可反映水体初级生产力水平[38,45]。本研究中，该属在参考点的相对丰度高于受损点，属于对干扰较为敏感的指示类群。放线菌门是淡水细菌的重要指示类群，能够分解多种有机化合物及部分有毒化合物，在自然物质循环与污染水体生物处理中发挥积极作用[46-47]。*Limnohabitans* 属属于 r-对策类群，在溶解性有机物降解及氮素循环中发挥重要作用，可指示湖泊有机污染的影响[48]。绿弯菌门在营养盐富集区域丰度较高，与水体富营养化程度相关，在中度营养化水体中的占比更高[49]。该类群的富集暗示水体微环境处于厌氧状态，反映了高有机负荷下底层或沉积物-水界面的缺氧代谢过程。环境因子对微生物群落组成的影响可能延伸至化学循环和氧化还原过程的转变，干扰群落结构往往导致生态功能的转变[50]。环境因素的变化会改变微生物群落结构和分布，反之，通过分析微生物群落结构的变化也可推测环境因子的变化。西北干旱区特殊的物理胁迫与水文条件导致生态位收缩，进而影响微生物群落丰富度。将 Ace 指数纳入 M-IBI 体系，能够敏锐捕捉环境对生物群落的非生物胁迫强度。鸣翠湖大水面区生境稳定，敏感类群得以维持，M-IBI 处于中等偏上水平；入水口受补水影响，敏感类群减少而耐受类群占优，M-IBI 持续受损；荷花池水体封闭，有机质积累导致微生物群落退化，M-IBI 较低；南湖区水体交换有限、营养盐滞留，健康等级同样较低。上述结果表明，微生物对水体中多种环境因子具有良好的指示作用，M-IBI 通过捕捉不同微生物类群的响应特征，能够有效指示不同生境下的微生物完整性差异。

3.3 M-IBI 与功能基因的关联及生态学意义

季节不仅影响微生物群落组成，也影响功能基因的表达[51-52]。已有研究表明，季节性变化显著影响微生物群落功能与水文地球化学变量之间的相互作用[53]。本研究中，四季 M-IBI 与不同循环功能基因的相关性存在显著差异，这一季节分异规律与鸣翠湖的水文、营养盐及微生物群落演替特征密切相关。春季，水体扰动强烈，微生物群落处于重组阶段，功能基因表达不稳定，难以与健康水平形成稳定关联，因此各功能基因均未与 M-IBI 呈显著相关。夏季，*mer* 基因参与产甲烷途径[54]，在夏、秋季均与 M-IBI 呈显著正相关，表明产甲烷过程的活跃与健康水平的提升同步发生。夏季水温升高与外源有机质输入促进了沉积物中有机质的厌氧分解。产甲烷作为碳循环的重要环节，有利于有机质彻底分解和碳循环闭合，从而提升系统的自净能力与功能完整性。*relA* 通过调控严谨反应响应温度变化，动态调整碳代谢策略，进而影响湖泊碳循环与温室气体排放潜力[55]；*soxZ* 通过 SOX 系统介导硫氧化并耦合氮循环[56]。夏季局部厌氧环境或高温胁迫可能促使微生物调整代谢策略。反硝化相关基因（如 *narI*、*narG*）未达显著水平，可能与夏季整体营养盐浓度较高有关。在此条件下，反硝化过程普遍存在，其丰度变化与健康梯度之间不存在简单的线性关系，因而难以获得统计显著的相关性。秋季，功能基因与 M-IBI 的相关性较夏季明显弱化，这可能是温度下降与底物供给波动所导致的响应滞后及生境扰动协同作用的结果。水温降低使微生物酶活性普遍下降，功能基因表达的整体强度降低[57]。反硝化相关基因（如 *narK*、*narG*）的负相关强度虽有所上升，但因低温导致反硝化速率减慢，未形成显著关联[58]。灌区面源污染输入减少，水体氮、磷浓度较夏季明显下降，

但微生物群落功能调整存在滞后性，相关基因未能及时适应底物减少的环境，其表达丰度未同步变化。反硝化相关基因虽因污染压力减轻而表达下降，但仍高于夏季水平，导致其统计显著性降低。*mer* 在秋季仍与 M-IBI 呈正相关，可能与沉积物中累积有机质的持续转化有关。此外，芦苇枯落物分解导致局部水体溶解氧浓度下降，影响了硫代谢相关基因表达的稳定性；部分硫氧化相关基因在秋季转为正相关，暗示硫氧化过程在秋季可能不再是胁迫信号。冬季，冰封期湖冰覆盖使外源磷输入几乎断绝，水体磷主要依赖内源释放。在此磷限制环境下，磷酸盐高亲和力转运系统 Pst 的核心组分 *pstC* 的高效表达成为微生物获取磷素的关键[59]。本研究中，*pstC* 与 M-IBI 呈极显著正相关，表明在冰封期健康水平相对较高的样点，微生物对磷的主动吸收能力越强，越能缓解磷限制对代谢的抑制作用。这一结果从分子层面揭示了磷吸收效率是冬季湖泊生态健康的重要限制因子。此外，在引黄灌区盐胁迫或重金属污染等环境压力下，*Pst* 系统可能通过维持磷代谢平衡，间接支持细胞抗氧化和能量代谢，从而增强微生物适应性[60]。*relA* 的边缘显著负相关（P=0.054）进一步表明，冬季健康较差的样点中微生物仍面临营养胁迫；同事，*mer* 的正相关性也表明甲烷代谢在冬季有一定贡献。上述功能基因与 M-IBI 的季节分异规律从分子层面验证了评价结果的科学性，综合反映了湖泊微生物群落的功能完整性，揭示了水生态健康状况及污染风险程度，可用于预测水体的整体生态状态。

3.4 M-IBI 评价方法的局限性

本研究利用 M-IBI 对鸣翠湖四季生态健康状况进行了分析，并揭示了微生物功能基因与健康状态的关联，但该评价方法仍存在一定不确定性。首先，参考点的选择受人类活动影响较大，目前尚未确立统一标准。本研究主要依据 WQI 和 TN 的差异对参考点与受损点进行筛选。在弱干扰梯度下，M-IBI 仍能够有效区分两组，体现了其对生态压力响应的敏感性，但仅依赖上述两项参数并不全面，未来应综合考虑更多水质参数及生境指标。其次，研究区域采样点数量有限，可供选择的参考点较少，可能影响 M-IBI 体系的代表性。此外，未来可结合空间自相关检验，进一步验证空间依赖性对空间分异结论的影响。尽管存在上述局限，本研究构建的 M-IBI 仍能有效区分四季健康动态，并为微生物功能基因与健康状态的关联提供了初步证据。后续研究需在干扰梯度更明显的区域增设采样点，纳入更全面的环境因子，以进一步完善 M-IBI 评价体系。

4 结论

本研究为干旱半干旱区灌区湖泊的 M-IBI 构建及生态保护与修复提供了一定的参考依据。主要结论如下：

（1）基于 WQI 值评价，确定了鸣翠湖四季统一的参考点（A、C、D、F）与受损点（E、H、J、K）。通过微生物群落多样性、物种组成及环境因子相关性分析，筛选出 22 项候选生物参数，经干扰反应分析、判别能力分析及 Pearson 相关性检验，最终确定 Ace 指数、放线菌门相对丰度、绿弯菌门相对丰度、*Limnohabitans* 属相对丰度及 *Synechococcus* 属相对丰度共 5 项核心指标，构建了适用于四季比较的 M-IBI 评价体系，并划分了健康等级。

（2）M-IBI 评价结果表明，夏季健康等级为“亚健康”（部分样点达“亚健康”），秋季为“一般”~“亚健康”，春季与冬季为“一般”~“较差”，其中春季健康水平略低于冬季。空间上，大水面区与芦苇湿地健康等级较高，封闭水体较差。M-IBI 能够较好地反映微生物群落对长期环境压力的适应与恢复能力，在湖泊健康评价中具有补充作用。

（3）碳、氮、磷、硫循环功能基因与 M-IBI 的季节相关性表明，产甲烷相关基因在夏、秋季与 M-IBI 呈正相关，磷酸盐转运基因在冬季与 M-IBI 呈极显著正相关，属于“耐受型”基因；硫氧化基因、严谨反应基因及反硝化基因与 M-IBI 呈负相关，属于“胁迫敏感响应型”基因。这一功能分异规律从分子层面验证了 M-IBI 评价结果的科学性。

（4）本研究构建的 M-IBI 体系能够有效评价干旱区灌区浅水湖泊的生态健康状态，揭示其季节动态与空间分异规律。然而，微生物世代时间短，宏基因组测序技术提供的相对丰度无法反映绝对数量，该方法仍存在一定局限性。未来可通过增加采样频次、采用绝对定量技术及开展跨区域对比研究，进一步完善

评价体系。

5 参考文献

[1] Xu XB, Yang GS, Jiang B. Progress in lake-wetland ecosystem services. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(20): 7149-7158. DOI: 10.5846/stxb201804040768. [徐昔保，杨桂山，江波. 湖泊湿地生态系统服务研究进展. 生态学报, 2018, **38**(20): 7149-7158.]

[2] Dong YH, Jiang C, Wang XX *et al*. Current situation of surface water pollution in China and progress in application of biological treatment. *Heilongjiang Science*, 2025, **16**(10): 92-96. [董禹含，姜超，王向向等. 我国地表水污染现状及生物法治理应用进展.黑龙江科学, 2025, **16**(10): 92-96.]

[3] Karr JR. Assessment of biotic integrity using fish communities. *Fisheries*, 1981, **6**(6): 21-27. DOI: 10.1577/1548-8446(1981)0060021: AOBIUF>2.0.CO;2.

[4] You QH, Liu LL, Fang N *et al*. Assessing ecological health of Poyang Lake wetland, using benthic macroinvertebrate-based index of biotic integrity (B-IBI). *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(18): 6631-6641. DOI: 10.5846/stxb201806041248. [游清徽，刘玲玲，方娜等. 基于大型底栖无脊椎动物完整性指数的鄱阳湖湿地生态健康评价. 生态学报, 2019, **39**(18): 6631-6641.]

[5] Chen Q, Chai YH, Wang TE *et al*. Evaluation of water ecological status of Zhalong wetland based on zooplankton integrity. *Environmental Monitoring in China*, 2022, **38**(5): 87-95. DOI: 10.19316/j.issn.1002-6002.2022.05.10. [陈庆，柴一涵，王天鹅等. 基于浮游动物完整性的扎龙湿地水生态状况评价. 中国环境监测, 2022, **38**(5): 87-95.]

[6] Liu A, Wang C, Han MJ *et al*. Health evaluation of alpine urban wetland ecosystems based on phytoplankton biointegrity index: A case study of Lhalu Wetland in Lhasa. *J Lake Sci*, 2025, **37**(6): 2173-2188. DOI: 10.18307/2025.0632. [刘傲，王陈，韩梦姣等. 基于浮游植物生物完整性指数的高寒城市湿地生态系统健康评价：以拉萨拉鲁湿地为例. 湖泊科学, 2025, **37**(6): 2173-2188.]

[7] Wang SY, Zhang P, Zhang DT *et al*. Evaluation and comparison of the benthic and microbial indices of biotic integrity for urban lakes based on environmental DNA and its management implications. *Journal of Environmental Management*, 2023, **341**: 118026. DOI: 10.1016/j.jenvman.2023.118026.

[8] Dong J, Lu SQ, Wu JL *et al*. Evaluation of urban river ecosystem health in Beijing based on the microbial index of biotic integrity. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2022, **12**(5): 1411-1419. DOI: 10.12153/j.issn.1674-991X.20210368. [董婧，卢少奇，伍娟丽等. 基于微生物生物完整性指数的北京市城市河道生态系统健康评价.环境工程技术学报, 2022, **12**(5): 1411-1419.]

[9] Liao JQ, Huang Y. Research progress on using index of biological integrity to assess aquatic ecosystem health. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, **24**(1): 295-302. DOI: 10.13287/j.1001-9332.2013.0151. [廖静秋，黄艺. 应用生物完整性指数评价水生态系统健康的研究进展. 应用生态学报, 2013, **24**(1): 295-302.]

[10] Fan TY, Xiang HZ, Wang S *et al*. Assessment of aquatic ecological health in coal mining subsidence waters areas based on plankton index of biotic integrity. *Environmental Monitoring in China*, 2025, **41**(6): 195-208. DOI: 10.19316/j.issn.1002-6002.2025.06.18. [范廷玉，项鸿志，王顺等. 基于浮游生物完整性指数的采煤沉陷水域水生态健康评价. 中国环境监测, 2025, **41**(6): 195-208.]

[11] Wang SW, Lin JF, Song ZL *et al*. Assessment of ecosystem health of river based on microbe index of biotic integrity(M-IBI)—a case study of Zhangcun River in Qingdao. *China Environmental Science*, 2024, **44**(11): 6354-6363. DOI: 10.19674/j.cnki.issn1000-6923.2024.0224. [王淑雯，林家枫，宋沼潞等. 基于微生物生物完整性指数的河流生态系统健康评价——以青岛市张村河为例. 中国环境科学, 2024, **44**(11): 6354-6363.]

[12] Xie MX, Qian X, Liu T *et al*. River health assessment based on M-IBI index: Taking Wuxi as an example. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(3): 1112-1120. DOI: 10.13671/j.hjkxxb.2019.0392. [谢孟星，钱新，刘彤等. 基于微生物完整性指数的河流健康评价——以无锡市为例. 环境科学学报, 2020, **40**(3): 1112-1120.]

[13] Zhu WT, Qian W, Yu M *et al*. Health evaluation of wetlands in Suzhou City based on microbiome index of biotic integrity. *Research of Environmental Sciences*, 2019, **32**(3): 423-430. DOI: 10.13198/j.issn.1001-6929.2018.10.18. [朱文婷，钱玮，于淼等. 基于微生物完整性指数的苏州市湿地健康评价. 环境科学研究, 2019, **32**(3): 423-430.]

[14] An XL, Chen TT, Zhao H *et al*. Assessment of ecosystem health of Baogang tailings groundwater based on microbiome index of biotic integrity(M-IBI). *Environmental Science*, 2016, **37**(9): 3413-3422. DOI: 10.13227/j.hjkx.2016.09.020. [安新丽，陈廷廷，赵晗等. 基于微生物生物完整性指数的地下水生态系统健康评价：以包钢稀土尾矿库周边地下水生态系统为例. 环境科学, 2016, **37**(9): 3413-3422.]

[15] Su Y, Xu YX, An WH *et al*. Assessment of ecosystem health of an urban river based on the microbe index of biotic integrity (M-IBI). *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1270-1279. DOI: 10.13227/j.hjkx.201808032. [苏瑶，许育新，安文浩等. 基于微生物生物完整性指数的城市河道生态系统健康评价. 环境科学, 2019, **40**(3): 1270-1279.]

[16] Sun Y, Xie XH, Qin YT *et al.* Water ecosystem health assessment based on microbial index of biotic integrity—a case study of urban river in Songjiang district, Shanghai. *China Resources Comprehensive Utilization*, 2024, **42**(11): 174-179. [孙瑶，谢学辉，秦祎婷等. 基于微生物生物完整性指数的水生态系统健康评价——以上海市松江区城市河道为例. 中国资源综合利用, 2024, **42**(11): 174-179.]

[17] Qin BQ, Wu HB. Lake eutrophication development trend and perspectives in Changjiang River Basin. *Yangtze River*, 2023, **54**(10): 18-23. DOI: 10.16232/j.cnki.1001-4179.2023.10.003. [秦伯强，吴海斌. 长江流域湖泊富营养化发展趋势与展望. 人民长江, 2023, **54**(10): 18-23.]

[18] Zheng H, Fan XK, Zhong F *et al*. Eutrophic status and functional genes responsible for nitrogen cycling in the sediment of the Sheyang Lake. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2021, **37**(11): 1465-1472. DOI: 10.19741/j.issn.1673-4831.2020.0739. [郑浩，樊祥科，钟非等. 射阳湖水环境现状与沉积物氮循环功能基因研究. 生态与农村环境学报, 2021, **37**(11): 1465-1472.]

[19] Zhang YS, Li JG, Zhao GC. Numerical simulation study on the improvement of water reuse for agriculture by mingcui lake. *Water Resources and Power*, 2024, **42**(11): 51-54. DOI: 10.20040/j.cnki.1000-7709.2024.20232008. [张永生，李建国，赵广臣. 农田回归用水引入鸣翠湖后水质改善的数值模拟研究. 水电能源科学, 2024, **42**(11): 51-54.]

[20] Sun YF, Jin XM, Xue YH *et al*. An investigation on the conversion between surface water and groundwater in the mingcui lake, Ningxia Plain. *Geoscience*, 2024, **38**(3): 744-754. DOI: 10.19657/j.geoscience.1000-8527.2024.025. [孙玉芳，金晓媚，雪彦宏等. 宁夏平原鸣翠湖地表水与地下水转化关系. 现代地质, 2024, **38**(3): 744-754.]

[21] Jiang HH, Jia T. Eutrophication evaluation of mingcui lake. *New Technology & New Products of China*, 2023, (16): 146-148. DOI: 10.13612/j.cnki.cntp.2023.16.023. [江海红，贾涛. 鸣翠湖水体富营养化评价. 中国新技术新产品, 2023，(16): 146-148.]

[22] Yang C, Guo YK, Zheng LX *et al*. Construction of training samples for T-S fuzzy neural network model and its application in water quality evaluation of Mingcui Lake. *Journal of Hydrodynamics*, 2020, **35**(3): 356-366. [杨程，郭亚昆，郑兰香等. T-S 模糊神经网络模型训练样本构建及其在鸣翠湖水质评价中的应用. 水动力学研究与进展 A 辑, 2020, **35**(3): 356-366.]

[23] Chen Q, Ma RB, Tan JW. Construction of phytoplankton integrity index and assessment of water ecological health in mingcui lake. *South-Central Agricultural Science and Technology*, 2024, **45**(1): 127-131. [陈琪，马瑞兵，谭嘉伟. 鸣翠湖浮游植物完整性指数构建及水生态健康评价. 中南农业科技, 2024, **45**(1): 127-131.]

[24] Li DH, Liu CM, Luo RB *et al.* MEGAHIT: An ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly *via* succinct de Bruijn graph. *Bioinformatics*, 2015, **31**(10): 1674-1676. DOI: 10.1093/bioinformatics/btv033.

[25] Fu LM, Niu BF, Zhu ZW *et al*. CD-HIT: Accelerated for clustering the next-generation sequencing data. *Bioinformatics*, 2012, **28**(23): 3150-3152. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts565.

[26] Li RQ, Li YR, Kristiansen K *et al*. SOAP: Short oligonucleotide alignment program. *Bioinformatics*, 2008, **24**(5): 713-714. DOI: 10.1093/bioinformatics/btn025.

[27] Buchfink B, Xie C, Huson DH. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. *Nature Methods*, 2015, **12**(1): 59-60. DOI: 10.1038/nmeth.3176.

[28] Kong QY, Xiong XP, Hu YY *et al*. Ecological health assessment of the Chishui river basin based on zooplankton index of biotic integrity. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2026, **50**(2): 22608-95-022608-106. DOI: 10.3724/1000-3207.2025.2025.0237.

[29] Zhu H, Zhang YZ, Peng YC *et al.* Assessing the ecological health of the Qingyi River Basin using multi-community indices of biotic integrity. *Ecological Indicators*, 2023, **156**: 111160. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.111160.

[30] Liu Y, Li LJ. Multiple evaluations of the spatial and temporal characteristics of surface water quality in the typical area of the Yangtze River Delta of China using the water quality index and multivariate statistical analysis: A case study in Shengzhou City. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2023, **20**(4): 2883. DOI: 10.3390/ijerph20042883.

[31] Stanić I, Kajan K, Selak L *et al*. Environmental drivers of microbial assembly and stability in lakes across biogeographical regions. *Ecological Indicators*, 2025, **172**: 113324. DOI: 10.1016/j.ecolind.2025.113324.

[32] Shi ZQ, Lu SY, Guo XC *et al*. Spatial distribution, related environmental factors and health risk assessment of microcystins in Taihu Lake in spring. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2026: 1-23. DOI: 10.19675/j.cnki.1006-687x.2025.11005. [石祖秦，卢少勇，国晓春等. 春季太湖微囊藻毒素的分布特征、环境驱动因素及健康风险. 应用与环境生物学报, 2026: 1-23.]

[33] Castro Berman M, Hrycik AR, Costello A *et al*. Spatiotemporal dynamics of microbial communities and cyanobacteria blooms in two North American Lakes using long-read 16S rRNA sequencing. *Ecological Indicators*, 2024, **159**: 111738. DOI: 10.1016/j.ecolind.2024.111738.

[34] Xue L, Xiang DF, Xian B *et al*. Temporal and spatial variation characteristics and driving factors of bacterial community structure in Bao'an lake. *Acta*

Hydrobiologica Sinica, 2023, **47**(3): 450-461. DOI: 10.7541/2023.2022.0112. [薛璐, 向冬芳, 鲜博等. 保安湖水体细菌群落结构时空变化特征及驱动因子.水生生物学报, 2023, **47**(3): 450-461.]

[35] Gao YD, Tian Y, Zhan W *et al*. Characterizing legacy nitrogen-induced time lags in riverine nitrogen reduction for the Songhuajiang River Basin: Source analysis, spatio-seasonal patterns, and impacts on future water quality improvement. *Water Research*, 2023, **242**: 120292. DOI: 10.1016/j.watres.2023.120292.

[36] Zhang H, Shi XH, Xie LM *et al*. Tiered and staged response mechanism of the lake water environment to natural rainfall in Chagannaoer Lake. *Ecological Indicators*, 2026, **183**: 114691. DOI: 10.1016/j.ecolind.2026.114691.

[37] Manna V, Fabbro C, Cerino F *et al*. Effect of an extreme cold event on the metabolism of planktonic microbes in the northernmost basin of the Mediterranean Sea. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 2019, **225**: 106252. DOI: 10.1016/j.ecss.2019.106252.

[38] Zhang YJ, Li K, Zhu HR *et al*. Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake. *Environmental Science*, 2017, **38**(8): 3319-3329. DOI: 10.13227/j.hjkx.201612253. [张雅洁, 李珂, 朱浩然等. 北海湖微生物群落结构随季节变化特征. 环境科学, 2017, **38**(8): 3319-3329.]

[39] Shi XH, Yu HF, Zhao SN *et al.* Impacts of environmental factors on Chlorophyll-a in lakes in cold and arid regions: A 10-year study of Wuliangsuhai Lake, China. *Ecological Indicators*, 2023, **148**: 110133. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.110133.

[40] Zhang XQ, Duan BS, He SY *et al*. Simulation study on the impact of ecological water replenishment on reservoir water environment based on Mike21—Taking Baiguishan reservoir as an example. *Ecological Indicators*, 2022, **138**: 108802. DOI: 10.1016/j.ecolind.2022.108802.

[41] Yu HF, Shi XH, Zhao SN *et al*. Primary productivity of phytoplankton and its influencing factors in cold and arid regions: A case study of Wuliangsuhai Lake, China. *Ecological Indicators*, 2022, **144**: 109545. DOI: 10.1016/j.ecolind.2022.109545.

[42] Zhou TX, Wang SR, Wu QL *et al*. Assembly, network stability, and dominant function of bacterial communities in different habitats of a large shallow lake: The role of habitat generalists. *Ecological Indicators*, 2025, **177**: 113761. DOI: 10.1016/j.ecolind.2025.113761.

[43] Fan TY, Wan Y, Wang S *et al*. River ecological health assessment based on microbial integrity index and water quality index. *Environmental Chemistry*, 2026, **45**(4): 1665-1679. DOI: 10.7524/j.issn.0254-6108.2024110703. [范廷玉, 万亿, 王顺等. 基于微生物完整性指数和水质指数的城市河流生态健康评价.环境化学, 2026, **45**(4): 1665-1679.]

[44] Wu HN, Li Y, Zhang WL *et al*. Bacterial community composition and function shift with the aggravation of water quality in a heavily polluted river. *Journal of Environmental Management*, 2019, **237**: 433-441. DOI: 10.1016/j.jenvman.2019.02.101.

[45] Hou QH, Ye YY. Distribution of marine *Synechococcus* assemblage in Qiongdong upwelling in northwestern South China Sea. *Journal of Dalian Ocean University*, 2023, **38**(5): 753-762. DOI: 10.16535/j.cnki.dlhyxb.2023-011. [侯庆华, 叶映仪. 海洋聚球藻生态类群在南海西北部琼东上升流区的分布特征. 大连海洋大学学报, 2023, **38**(5): 753-762.]

[46] Newton RJ, Jones SE, Helmus MR *et al*. Phylogenetic ecology of the freshwater Actinobacteria acI lineage. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(22): 7169-7176. DOI: 10.1128/AEM.00794-07.

[47] Du RF, Li JY, Zhao J. Bacterial diversity in littoral wetland of Wuliangsuhai lake. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, **54**(10): 1116-1128. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.2014.10.003. [杜瑞芳, 李靖宇, 赵吉. 乌梁素海湖滨湿地细菌群落结构多样性. 微生物学报, 2014, **54**(10): 1116-1128.]

[48] Qin Y, Fan B, Mei L. Comparative of bacterial community composition and diversity in the Wanfeng Lake between wet season and dry season. *Journal of Dalian Ocean University*, 2023, **38**(3): 414-422. DOI: 10.16535/j.cnki.dlhyxb.2022-276. [秦燕, 范波, 梅丽. 万峰湖丰水期和枯水期细菌群落组成和多样性比较. 大连海洋大学学报, 2023, **38**(3): 414-422.]

[49] Zhao LJ, Liu YG, Wang Y *et al*. Bacterial community structure and diversity of sediments in a typical plateau lakeshore. *Microbiology China*, 2020, **47**(2): 401-410. DOI: 10.13344/j.microbiol.china.190270. [赵立君, 刘云根, 王妍等. 典型高原湖滨带底泥细菌群落结构及多样性特征. 微生物学通报, 2020, **47**(2): 401-410.]

[50] Shade A, Peter H, Allison SD *et al*. Fundamentals of microbial community resistance and resilience. *Frontiers in Microbiology*, 2012, **3**: 417. DOI: 10.3389/fmicb.2012.00417.

[51] Fan YY, Li BB, Yang ZC *et al*. Mediation of functional gene and bacterial community profiles in the sediments of eutrophic Chaohu Lake by total nitrogen and season. *Environmental Pollution*, 2019, **250**: 233-240. DOI: 10.1016/j.envpol.2019.04.028.

[52] Zhang MZ, Wu ZJ, Sun QY *et al*. Response of chemical properties, microbial community structure and functional genes abundance to seasonal variations and human disturbance in Nanfei River sediments. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **183**: 109601. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2019.109601.

[53] Chen XL, Sheng YZ, Wang GC *et al*. Spatiotemporal successions of N, S, C, Fe, and as cycling genes in groundwater of a wetland ecosystem: Enhanced heterogeneity in wet season. *Water Research*, 2024, **251**: 121105. DOI: 10.1016/j.watres.2024.121105.

[54] Ren Z, Wang M, Yu JL *et al*. Unearthing vertical stratified archaeal community and associated methane metabolism in thermokarst sediments. *Environmental Microbiology*, 2025, **27**(5): e70110. DOI: 10.1111/1462-2920.70110.

[55] Guo Y, Gu SS, Wu KX *et al*. Temperature-mediated microbial carbon utilization in China's lakes. *Global Change Biology*, 2023, **29**(17): 5044-5061. DOI: 10.1111/gcb.16840.

[56] Zhou LJ, Lai YZ, Shao ZY *et al*. Keystone bacteria in a thiosulfate-driven autotrophic denitrification microbial community. *Chemical Engineering Journal*, 2023, **470**: 144321. DOI: 10.1016/j.cej.2023.144321.

[57] Bai XY, McKnight MM, Neufeld JD *et al*. Nitrogen removal pathways during simultaneous nitrification, denitrification, and phosphorus removal under low temperature and dissolved oxygen conditions. *Bioresource Technology*, 2022, **354**: 127177. DOI: 10.1016/j.biortech.2022.127177.

[58] Geng Y, Cao ZX, Yu RH *et al*. Delving into nitrogen and phosphorus dynamics in shallow eutrophic lakes: Multi-interface response to freeze-thaw cycles. *Science of the Total Environment*, 2024, **955**: 177052. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2024.177052.

[59] Yuan HJ, Zhang RY, Li QX *et al*. Bacterially mediated phosphorus cycling favors resource use efficiency of phytoplankton communities in a eutrophic plateau lake. *Water Research*, 2025, **277**: 123300. DOI: 10.1016/j.watres.2025.123300.

[60] Shen LQ, Wang L *et al*. Phages drive the dissemination of antibiotic resistance genes by facilitating host adaptation to heavy metal stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2026, **123**(13): e2535653123. DOI: 10.1073/pnas.2535653123.