

新疆吐鲁番坎儿井饮用水中微生物多样性分析

Analysis of microbial diversity in the drinking water of karez well, Turpan, Xinjiang

日孜万古力·艾山¹ 努尔古丽·热合曼¹

HASAN Rizwangul¹ RAHMAN Nurgul¹

麦日艳古·亚生² 伊力米热·热夏提²

YASEN Maryamgul² RIXAT Elmire²

(1. 新疆师范大学生命科学学院, 新疆 乌鲁木齐 830054;

2. 新疆特殊环境物种保护与调控生物学实验室, 新疆 乌鲁木齐 830054)

(1. School of Life Science, Xinjiang Normal University, Urumqi, Xinjiang 830054, China; 2. Xinjiang Key Laboratory of Special Species Conservation and Regulatory Biology, Urumqi, Xinjiang 830054, China)

摘要:目的:了解新疆坎儿井微生物菌群特征。方法:采集新疆吐鲁番 4 种不同坎儿井饮用水,利用 Illumina-Hiseq 高通量测序技术对其进行测序,Majiorbio 生信云平台进行微生物群落结构多样性分析。结果:质控后细菌有效序列为 446 700 条、真菌有效序列为 407 376 条,基于 97% 一致性共得到 2 586 个 OTUs。门水平上,变形菌门(*Proteobacteria*)为 4 个样品共同优势的细菌门;在属水平上,阿木尔坎儿井(样品 A)、奥吾提坎儿井(样品 T)共同优势菌属为嗜氢菌属(*Hydrogenophaga*),占比分别为 34.31%,57.66%;沙依坎儿井(样品 S)优势菌属为曲杆菌属(*Curvibacter*),占比 36.33%;米依木阿吉坎儿井(样品 M)优势菌属为不可鉴定的丝毛单胞菌属(*unclassified_f_Comamonadaceae*),占比 34.84%。真菌的子囊菌门(*Ascomycota*)为 4 个样品中共同优势菌门;样品 S、M、T 优势菌属为油壶菌属(*Olpidium*),分别占比 15.77%,31.84%,16.38%。样品 A 优势菌属为不可鉴定的真菌属(*Unclassified_k_fungi*),占比 27.68%。结论:4 种样品在细菌和真菌门、属、种水平上有共同点的同时也有差异;虽然真菌多样性比细菌高,但物种所占丰富度较小。

关键词:高通量测序;饮用水;微生物;多样性

Abstract: Objective: To understand the characteristics of the mi-

crobial flora in Karez Xinjiang. **Methods:** Four different kinds of drinking water from Karez in Turpan, Xinjiang were collected, and they were sequenced using Illumina-Hiseq high-throughput sequencing technology. Majiorbio Shengxin Cloud Platform was used to analyze the diversity of microbial community structure.

Results: After quality control, there were 446 700 effective bacterial sequences and 407 376 effective fungal sequences. A total of 2 586 OTUs were obtained based on 97% identity. At the phylum level, *Proteobacteria* was the common dominant bacteria phyla of the four samples. At the genus level, the common dominant bacteria of the Amur karez well (sample A) and the Awut karez well (sample T) were belong to the genus *Hydrogenophaga*, which accounted for 34.31% and 57.66%, respectively. The dominant genus of Say karez (sample S) was *Curvibacter*, accounting for 36.33%. The dominant genus of Miyim aji karez (sample M) was an unclassified_of *Comamonadaceae*, accounting for 34.84%. Ascomycota of fungi was the common dominant phyla among the four samples; the dominant bacteria of samples S, M, and T were *Olpidium*, accounting for 15.77%, 31.84%, and 16.38%, respectively. The dominant genus of sample A is unclassified_k_fungi, accounting for 27.68%. **Conclusion:** The four samples have similarities in bacteria and fungi phyla, genus, and species levels, but also have the differences. Although fungi diversity is higher than bacteria, the species abundance is smaller.

Keywords: high-throughput sequencing; drinkable water; microbes; diversity

基金项目:自治区自然科学基金面上项目(编号:2018D01A34)

作者简介:日孜万古力·艾山,女,新疆师范大学在读硕士研究生。

通信作者:努尔古丽·热合曼(1972—),女,新疆师范大学副教授,博士。E-mail:nurgulum@163.com

收稿日期:2021-09-09

吐鲁番的坎儿井已有 2 000 多年的历史,是吐鲁番盆地生产、生活的重要水源^[1-2]。坎儿井依靠地下暗渠输水,不受季节风沙影响、蒸发量小、流量稳定,结构为整个水系

提供独特的水质和稳定的微生物菌群的自然环境的同时^[3-4],这一相对封闭的环境有利于这一宝贵的水资源远离污染。有研究^[5]表明,长期饮用坎儿井水对人体有益。

目前国内外关于坎儿井的研究主要集中在对其水质分析^[6-7]及对农业生产^[8-9]和生态环境^[10-11]的影响等方面,但对坎儿井微生物多样性方面的研究尚未见报道。阿尔菲娅^[12]研究表明,用坎儿井水和面不添加酵母粉也可以烤制出具有特殊风味的馕,而且其品质显著优于用自来水或其他饮用水制备的。但这一特殊的味道来自于面粉中的微生物还是坎儿井水中的微生物,坎儿井水质能否影响面团发酵过程,这方面还未见相关研究报道。研究拟以新疆吐鲁番坎儿井水为研究对象,通过 Illumina Miseq 测序分析坎儿井水中的微生物群落多样性,为坎儿井水的合理应用及食用安全性提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

1.1.1 样本来源

于 2020 年 9 月 11 日,样品分别采自阿木尔坎儿井(位于吐鲁番市托克逊县夏乡喀格恰克村),沙依坎儿井(位于吐鲁番市葡萄乡达甫散盖村),奥吾提坎儿井(位于吐鲁番市葡萄乡英萨村),米依木阿吉坎儿井(位于吐鲁番市亚尔乡亚尔村)(样品特点见表 1)。每个样点取 10 L 装入无菌的水样瓶内,带回实验室保存于 4℃。每个样品做 3 个平行,通过抽滤法在 0.22 μm 的纤维滤膜上富集微生物,抽滤完成后将滤膜装于无菌离心管中,用封口膜紧密地包装并立即存放在-80℃冰箱冻存,用于检测微生物多样性。

1.1.2 主要仪器设备

离心机:Eppendorf 5430R 型,合肥艾本森科学仪器有限公司;

超微量分光光度计:NanoDrop2000 型,美国 Thermo Fisher Scientific 公司;

酶标仪:BioTek ELx800 型,美国 Biotek 公司;

微型荧光计:QuantiFluor™-ST 型,美国 Promega 公司;

电泳仪:DYY-6C 型,北京六一仪器厂;

PCR 仪:ABI GeneAmp® 9700 型,美国 ABI 公司;

测序仪:Illumina Miseq 型,美国 Illumina 公司。

1.2 高通量测序及分析

1.2.1 高通量测序流程

取样→环境样品 DNA 抽提→设计合成引物接头→PCR 扩增与产物纯化→PCR 产物定量与均一化→构建 PE 文库→高通量测序

1.2.2 DNA 提取、扩增 样品总 DNA 提取完成后,检测利用 1%琼脂糖凝胶电泳提取的基因组 DNA。在后续操作之前,应将其贮藏在-20℃^[13]。

采用 TransGen AP221-02;TransStart Fastpfu DNA Polymerase,PCR 扩增细菌 16S rRNA 的 V3~V4 区,真菌 26S rRNA 的 ITS 区,细菌和真菌所使用的正向引物和反向引物分别为 338F 和 806R、ITS1F 和 ITS2R。细菌和真菌引物列表如表 2 所示,用 ABI GeneAmp. 9700 型 PCR 仪进行扩增。PCR 扩增反应程序如表 3 所示。

PCR 扩增完成后,全部 PCR 产物采用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒进行回收,用 Tris-HCl 洗脱,QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统进行检测定量,之后按照每个样本的测序量要求,进行相应比例的混匀后完成文库制备,将文库进行测序。文库的构建与上机测序流程均由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.2.2 生物信息分析 使用 fastp(<https://github.com/OpenGene/fastp>,version 0.20.0)软件对原始测序序列进行质控,使用 FLASH(<http://www.cbcb.umd.edu/software/flash>,version 1.2.7)软件对每个样品的 Reads 进行拼接,得到的序列为原始 Tags 数据;拼接得到的原始 Tags 数据,经过过滤得到高质量的 Tags 数据(Clean

表 2 细菌、真菌特异性引物列表

Table 2 List of wpecific primers for bacteria and fungi

检测对象	目标基因	引物序列列表(5'-3')
细菌	16S 基因(V3~V4)区域	ACTCCTACGGGAGGCAGCAG GGACTACHVGGGTWTCTAAT
	26S 基 因 ITS 区域	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA GCTGCGTTCTTCATCGATGC

表 3 PCR 扩增反应程序

Table 3 PCR amplification reaction procedure

检测对象	扩增程序
细菌	95℃ 5 min,95℃ 30 s,50℃ 30 s,72℃ 30 s,30 个循环
真菌	95℃ 5 min,95℃ 30 s,50℃ 30 s,72℃ 7 min,35 个循环

表 1 样本信息

Table 1 Sample information

水源	样品编号	地理位置	pH	温度/℃
阿木尔坎儿井	A	N42°70.69" E88°78.02"	7.43	22
沙依坎儿井	S	N42°59.232" E89°14.557"	7.32	18
米依木阿吉坎儿井	M	N42°00.212" E89°05.401"	7.38	19
奥吾提坎儿井	T	N42°55.647" E89°13.943"	7.33	17

Tags)。参照 Qiime (V1.9.0, http://qiime.org/scripts/split_libraries_fastq.html) 的 Tags 质量控制流程,进行 Tags 截取、长度过滤后进行去除嵌合体序列的处理,使用 UPARSE 软件(<http://drive5.com/uparse/>, version 7.1),根据 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类并剔除嵌合体。

利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>, version 2.2) 对每条序列进行物种分类注释,通过 Mothur 方法比对 Silva 16S rRNA 数据库(设置比对阈值为 70%),获得在各个分类水平上的信息。通过 Qiime 软件计算 Sobs、Chao、Shannon、Simpson、coverage 等多多样性指数,用 R 软件(Version 2.15.3)绘制稀释曲线及 Alpha 多样性指数组间差异分析。通过 Qiime 软件(Version 3.3.1)计算 Unifrac,并通过 R 软件进行物种组成分析及 Beta 多样性指数组间差异分析。

2 结果与分析

2.1 细菌和真菌序列丰度及多样性分析

通过测序,对原始测序序列进行拼接、质控、优化后共获得细菌 16S rRNA 和真菌 26S rRNA 有效基因序列。无抽平得到的细菌原始序列为细菌 583 710 条,真菌 716 621 条。原始序列进行过滤、优化、拼接后总共获得

有效序列为细菌 446 700 条,真菌 407 376 条。基于 97% 一致性对 OTUs 进行注释,共得到 2 586 个 OTUs。其中细菌 1 456 个 OTUs、真菌 1 130 个 OTUs。稀释曲线趋于平缓,说明测序数据量合理,再增加测序量已不太可能检测到新的微生物种^[14]。如图 1 所示,随着样本量的增加,细菌和真菌 sobs 曲线急剧上升,说明样品群落中大量的物种被检测到,随后曲线逐渐平稳,说明可以进行以后的数据分析。

如图 2(a)所示,样品 T 在横坐标上的宽度要比其他组宽度较宽,横坐标上的范围也大,表明样品 T 物种丰度高;其他样品的垂直曲线逐渐平坦,表明物种分布均匀。如图 2(b)所示,样品 T 的物种多样性高,而其他样品中优势菌群的所占比例很高,多样性较低。

如表 4 所示,细菌的测序深度远高于真菌。细菌和真菌样品 A 和 M 的 Sobs 指数与 Chao 指数最低,说明样品 A 和样品 M 的微生物群落丰富度最低。样品 T 的 Sobs 指数与 Chao 指数最高,说明该样品的微生物群落丰富度最高,多样性也高。但是各样品之间微生物群落多样性无显著性差异。Coverage 指数对所有样本的覆盖率均在 0.99 以上,表明该测序水平可识别各样本中所有的细菌和真菌系统类型,所得数据可靠。

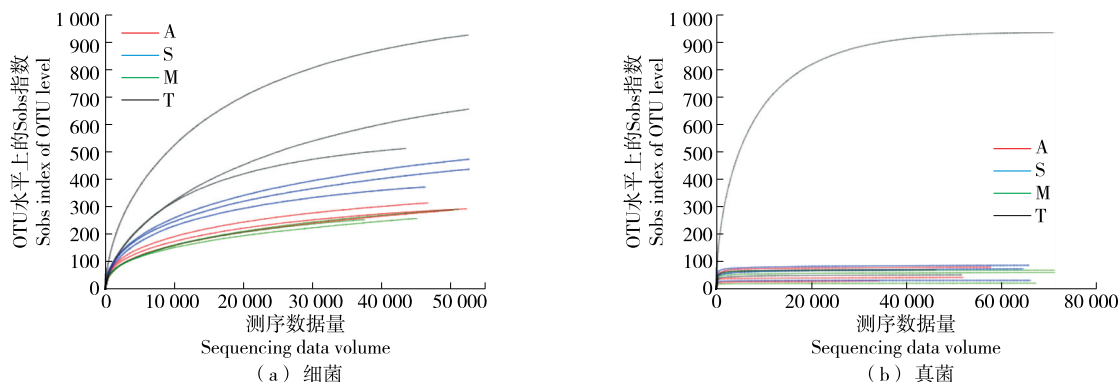


图 1 Sobs 稀释曲线

Figure 1 Sobs dilution curve

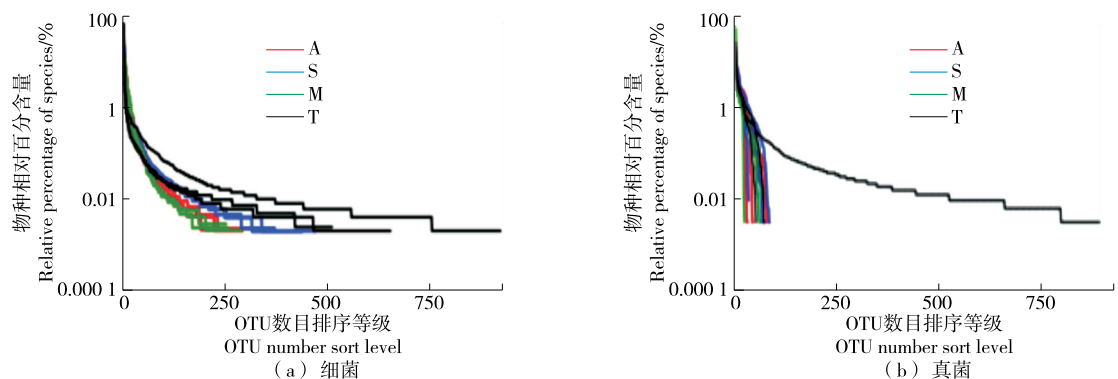


图 2 Rank-Abundance 曲线

Figure 2 Rank-Abundance curve

表 4 Alpha 多样性指数
Table 4 Alpha diversity index

样品	Sobs 指数		Shannon 指数		Simpson 指数		Chao1 指数		coverage 指数	
	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌	真菌
A	296.3	51.0	2.886	2.279	0.123	0.087	380.51	54.5	0.998 1	0.999
S	426.0	64.3	2.726	3.311	0.176	0.058	513.33	67.0	0.998 2	0.999
M	265.3	50.7	2.927	2.273	0.378	0.252	347.12	51.2	0.998 1	0.999
T	695.0	351.7	2.290	3.601	0.355	0.069	773.15	352.8	0.997 0	0.999

2.2 物种组成分析

由图 3(a)可知,细菌 4 组样品共有 173 个核心 OTUs,样品 A 独有 105 个 OTUs、样品 S 独有 91 个 OTUs、样品 M 独有 45 个 OTUs、样品 T 独有 487 个 OTUs。表明样品 T 中细菌微生物群落较其余组丰富。

由图 3(b)可知,真菌 4 组样品共有 13 个核心 OTUs,样品 A 独有 48 个 OTUs、样品 S 独有 56 个 OTUs、样品 M 独有 52 个 OTUs、样品 T 独有 868 个 OTUs。表明样品 T 中真菌微生物群落较其余组丰富。

2.3 不同样品在细菌和真菌属水平上的差异性分析

由图 4(a)可知,4 组样品细菌物种丰度均独立,各样品组内聚在一起,组外距离较远,未出现重叠现象,表明这些样品在细菌群落结构上具有显著差异。

由图 4(b)可知,来自吐鲁番市内的 3 组样品交叉聚

集在一起,来自托克逊县的样品与其余组存在一定的差异。样品 A 与其他 3 组样本虽距离较近,但未相互重叠,群落组成相互独立。4 组样品的群落组成结构可以分为 2 种类型:样品 M、T、S 3 组相互重叠,表明 3 组样品的真菌群落组成较相似。这 3 种样品都有大丰富度油壶菌属 (*Olpidium*) 分别占 31.84%,16.38%,15.77% 为主导优势,真菌的菌群组成和丰富度的区别较小。此外样品 A 分布相互独立,未出现重叠现象,组内分布较散,表明该组的真菌群落组成结构差异较大。

2.4 微生物群落结构分析及优势菌属

2.4.1 不同样品中细菌群落结构分析及优势菌属 为了研究样品的物种组成多样性信息,对所有样品有效序列进行聚类,以 97% 的序列相似性将序列聚类成为 OTU (可操作分类单元,相当于种水平)再深度分析。结果显

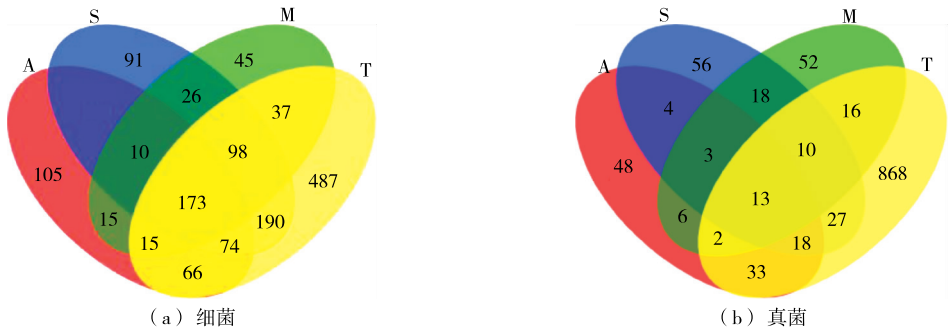


图 3 OTU 水平上的 Venn 图分析
Figure 3 Venn diagram analysis at OTU level

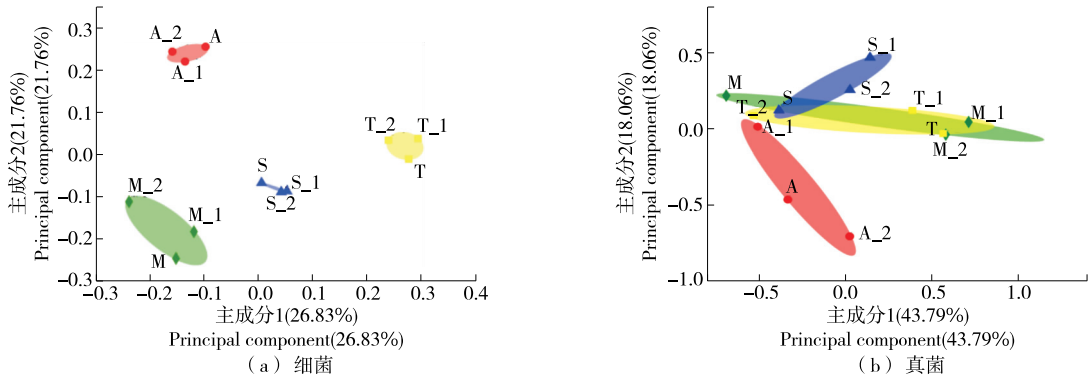


图 4 基于加权 Uni Frac 距离的不同样品 PCoA 图
Figure 4 PCoA of different samples based on weighted Uni Frac distance

示,4种样品细菌16S rRNA共涉及到40个门,变形菌门(*Proteobacteria*)是绝对优势菌门,占据87.48%~94.90%,其次是拟杆菌门(*Bacteroidota*)占据0.49%~3.70%,详见表5。

基于16S rRNA分析,从4种样品中共测出537个细菌属,其中嗜氢菌属(*Hydrogenophaga*)为优势菌属,其次是未鉴定的丝毛单胞菌属(*unclassified_f_Comamonadaceae*)、曲杆菌属(*Curvibacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)(详见图5)。

样品A中特有的优势菌属为嗜氢菌属(*Hydrogenophaga*)占34.31%;样品S中特有的优势菌属为曲杆菌属(*Curvibacter*)占36.33%;样品M中特有的优势菌属为未鉴定的丝毛单胞菌属(*unclassified_f_Comamonadaceae*)占34.84%;样品T中特有的优势菌属为嗜氢菌属(*Hydrogenophaga*)占57.66%。优势菌可能来自地下

坎儿井水附近的土壤中的微生物,其成为优势的原因可能是坎儿井依靠地下暗渠输水环境相对封闭,不受外界及四季变化的影响,其温度常年几乎是恒定的,这些优良自然特征仍待进一步研究。

表5 门水平上各样品细菌相对含量(序列所占比例)

Table 5 The relative content of bacteria in each sample at the phylum level (proportion of sequence) %

门种类	样品 A	样品 S	样品 M	样品 T
变形菌门(<i>Proteobacteria</i>)	87.48	94.90	94.87	93.22
拟杆菌门(<i>Bacteroidota</i>)	1.63	2.62	0.49	3.70
疣骨菌门(<i>Patescibacteria</i>)	0.34	1.30	4.20	0.69
黏球菌门(<i>Mycococcota</i>)	5.09	0.01	0.00	0.08
疣菌门(<i>Verrucomicrobiota</i>)	4.27	0.20	0.00	0.16
放线菌门(<i>Actinobacteriota</i>)	0.15	0.47	0.24	1.06

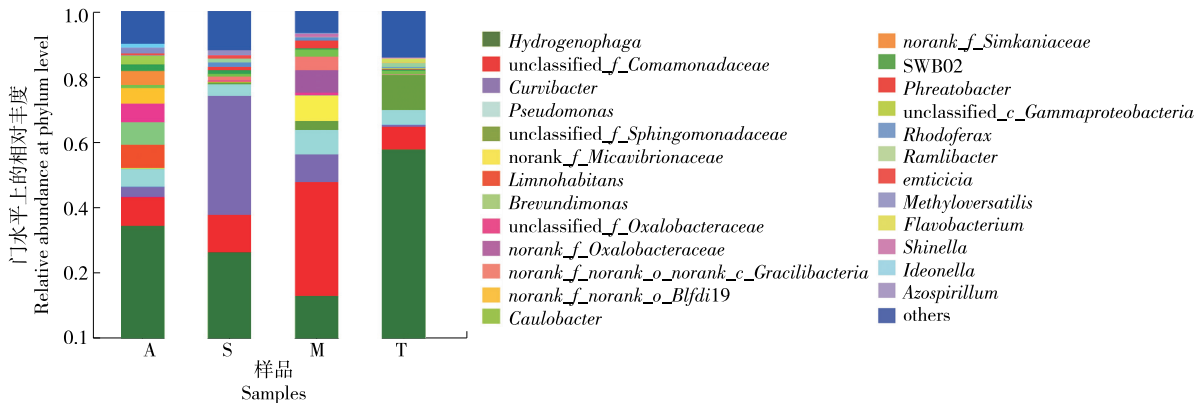


图5 细菌属水平群落 Bar 图

Figure 5 Bar diagram of the horizontal community of bacteria

对4种坎儿井水中的细菌进行分析结果表明,在16S rRNA门水平上,样品A、S、M、T中的优势菌门均为变形菌门(*Proteobacteria*),分别占87.48%,94.90%,94.87%,93.22%。在属水平上,样品A、T中优势菌属是嗜氢菌属(*Hydrogenophaga*),分别占34.31%,57.66%;样品S中优势菌属是曲杆菌属(*Curvibacter*),占36.33%;样品M中优势菌属是不可鉴定的丝毛单胞菌属(*unclassified_f_Comamonadaceae*),占34.84%。在种水平上,样品A、S、T中优势菌种是不可鉴定的嗜氢菌种(*unclassified_g_Hydrogenophaga*),分别占32.02%,23.69%,57.53%;样品M中优势菌种是未鉴定的丝毛单胞菌种(*unclassified_f_Comamonadaceae*),占34.84%。

2.4.2 不同样品中真菌群落结构分析及优势菌属 基于ITS测序门水平,4种样品共涉及12个门,子囊菌门(*Ascomycota*)是主要优势菌门,占据44.59%~61.07%,其次是油壶菌门(*Olpidiomyota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、未鉴定的真菌门(*unclassified_k_fungi*)、其他真菌门丰富度<5%(详见表6)。

基于ITS分析,4种样品共涉及568个真菌属,其中油壶菌属(*Olpidium*)为优势菌属,其次是未鉴定的真菌属(*unclassified_k_fungi*)、枝孢属(*Cladosporium*)(详见图6)。

表6 门水平上各样品真菌相对含量(序列所占比例)

Table 6 Relative content of fungi in each sample at the phylum level (proportion of sequence) %

门种类	样品 A	样品 S	样品 M	样品 T
子囊菌门(<i>Ascomycota</i>)	56.76	61.07	46.92	44.59
油壶菌门(<i>Olpidiomyota</i>)	0.00	15.77	31.84	16.38
担子菌门(<i>Basidiomycota</i>)	12.68	12.04	12.27	20.21
unclassified_k_fungi	27.68	5.44	6.25	7.70
被孢菌门(<i>Mortierellomycota</i>)	2.59	0.45	0.00	4.97
隐真菌门(<i>Rozellomycota</i>)	0.16	2.42	2.40	1.69
壶菌门(<i>Chytridiomycota</i>)	0.14	2.81	0.29	3.33

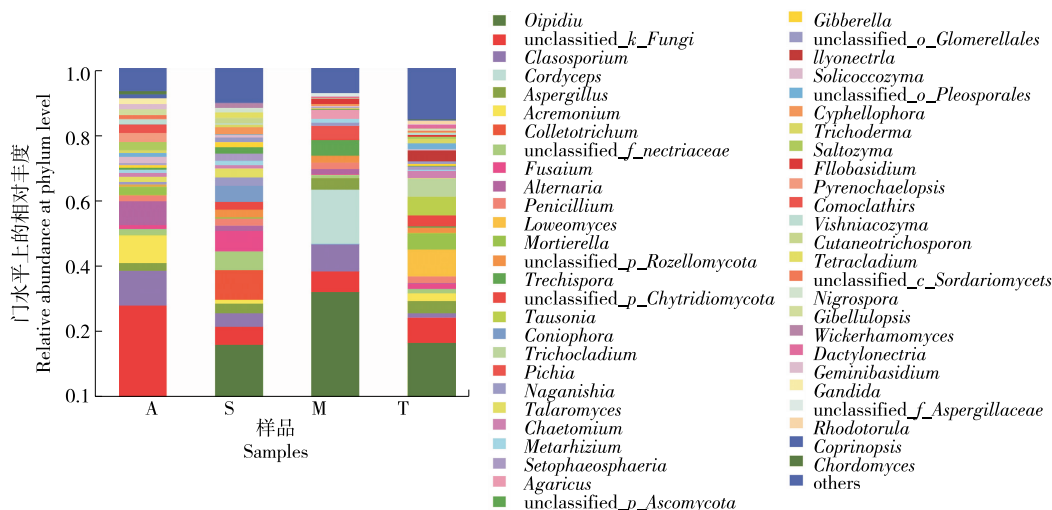


图 6 真菌属水平群落 Bar 图

Figure 6 Bar diagram of the horizontal community of fungi

样品 A 特有的优势菌属为未鉴定的真菌属 (unclassified_k_fungi) 占 27.68%；样品 S 特有的优势菌属为油壶菌属 (*Ovipidium*) 占 15.77%；样品 M 特有的优势菌属为油壶菌属 (*Ovipidium*) 占 31.84%；样品 T 特有的优势菌属为油壶菌属 (*Ovipidium*) 占 16.38%。坎儿井饮用水的自我净化能力、民间流传的助于消化、消除疲劳等功能等科学问题，仍待通过进一步研究水质分析、分离鉴定其中可培养的微生物菌株及其产酶活性检测等研究结果才能得到解析。

对 4 种坎儿井水中的真菌进行分析结果表明，在 26S rRNA 门水平上，样品 A、S、M、T 中优势菌门均为子囊菌门 (*Ascomycota*)，分别占 56.76%，61.07%，46.92%，44.59%。在属水平上，样品 A 中优势菌属为未鉴定的真菌属 (unclassified_k_fungi)，占 27.68%；样品 S、M、T 中优势菌属为油壶菌属 (*Ovipidium*)，分别占 15.77%，31.84%，16.38%。在种水平上，样品 A 中优势菌种是未鉴定的真菌种 (unclassified_k_fungi)，占 27.68%；样品 S、M、T 中优势菌种是油壶菌种 (*Ovipidium sp.*)，分别占 15.77%，31.49%，16.38%。此外还检出 *Candida*、*Pichia*、*Mortierella*、*Aspergillus*、*Alternaria* 等菌属，以上属的占比虽少，但它们能影响传统发酵酸奶风味的形成及成熟过程^[15-16]。*Candida*、*Pichia* 等属还参与传统发酵饮料博扎的发酵过程，而且是博扎发酵过程中的优势菌属^[17-18]。*Candida* 也是发酵饮料开菲尔中的酵母之一，它给开菲尔带来醇味、脂香和 CO₂ 的同时起到改善开菲尔口感的作用^[19]。

阿尔菲亚等^[12,20]曾采用阿木尔坎儿井水 (试验中的样品 A) 制成的传统饅饼面团进行微生物多样性分析，结果显示其优势菌门为 *Firmicutes*、*Ascomycota*。该结果与试验中的相比较，虽然在门水平有共同点，但是在属水平存

在很大的差距。与吐鲁番传统饅饼面团相比，用坎儿井水和的面团芳香类物质种类丰富，相对百分含量较高^[20]。因此推测：坎儿井水中微生物并非是新疆饅饼传统发酵面团中优势微生物直接来源，可能是坎儿井水中某些成分影响面团发酵过程中优势微生物变化趋势，影响了酸面团挥发性物质的种类及其变化，从而改善了饅饼风味。

变性菌门是细菌中最大的一个门，包括很多病原菌，如大肠杆菌、沙门氏菌、幽门螺杆菌等。试验过程中未从坎儿井水中检测出对人体有毒有害的微生物信息，符合 GB 8537—2018《食品安全国家标准 饮用天然矿泉水》和 GB 5749—2006《生活饮用水卫生标准》对食品加工用水微生物的要求。

3 结论

采用高通量测序技术对新疆吐鲁番 4 种不同坎儿井饮用水进行微生物群落组成及多样性分析。结果表明：细菌在属水平，嗜氢菌属占优势，其次为不可鉴定的丝毛单胞菌属、曲杆菌属、单胞菌属；在种水平，不可鉴定的嗜氢菌种占优势，其次是不可鉴定的丝毛单胞菌种。关于真菌多样性方面在属水平上，油壶菌属占优势，其次是不可鉴定的真菌属；在种水平，油壶菌种占优势，其次是不可鉴定的真菌种。但关于坎儿井水质的物理化学等其他指标能否符合国家标准、当地居民能否安心饮用、能否满足于食品加工用水的要求、坎儿井水对饮食文化及人类健康的贡献等方面之后再进一步深入研究。

参考文献

- [1] BARBAIX Sophie, KURBAN Alishir, DEMAIEYER Philippe, et al. The use of historical sources in a multi-layered methodology for karez research in Turpan, China [J]. Water History, 2020 (12): 281-297.

- [2] 肖静芳. “地下长城”坎儿井:新疆各族人民智慧的结晶[J]. 中国民族报, 2021, 9(5): 1-2.
XIAO Jing-fang. "Underground great wall" karez: The crystallization of the wisdom of the people of all ethnic groups in xinjiang[J]. China National News, 2021, 9(5): 1-2.
- [3] 李刚, 徐静. 吐鲁番的坎儿井[J]. 人与生物圈, 2020(21): 157-158.
LI Gang, XU Jing. Karez in Turpan[J]. Man and the Biosphere, 2020(21): 157-158.
- [4] 狄力木拉提·泰来提. 坎儿井在天山雪域与大漠戈壁之间[J]. 吐鲁番, 2021, 5(2): 45-48.
TALAT Dilmurat. Karez is between the snowy areas oftianshan mountains and the gobi desert[J]. Turpan, 2021, 5(2): 45-48.
- [5] 林亚. 新疆吐鲁番盆地坎儿井的天然水质特征分析及评价[J]. 地下水, 2010, 32(5): 95-96.
LIN Ya. Analysis and evaluation of natural water quality characteristics of karez well in turpan basin, Xinjiang[J]. Ground Water, 2010, 32(5): 95-96.
- [6] 王欣, 阿不都沙拉木·加拉力丁, 师芸宏, 等. 新疆吐鲁番市灌溉用水水质综合评价[J]. 节水灌溉, 2015(4): 66-69, 73.
WANG Xin, JALALIDIN Abdusalam, SHI Yun-hong, et al. Comprehensive evaluation of irrigation water quality in Turpan city, Xinjiang[J]. Water Saving Irrigation, 2015(4): 66-69, 73.
- [7] 热比亚木·买买提. 坎儿井与吐鲁番绿洲生态环境关系研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学, 2014: 36-37.
MAMAT Rabiya. Research on the eelationship between Kanerjing and Turpan oasis ecological environment[D]. Urumqi: Xinjiang University, 2014: 36-37.
- [8] 苏春雨, 李琛, 王力恒. 吐鲁番绿洲乡村振兴与坎儿井保护协同策略研究[J]. 小城镇建设, 2020, 38(1): 22-28.
SU Chun-yu, LI Chen, WANG Li-heng. Research on the synergistic strategy of Turpan Oasis rural revitalization and Karez protection[J]. Small Town Construction, 2020, 38(1): 22-28.
- [9] 艾孜合尔江·艾乃吐拉. 吐鲁番葡萄“产”和“业”的现代化研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2019: 6-25.
ANATULLA Azhar. Study on the modernization of Turpan grape "production" and "operation"[D]. Xi'an: Shaanxi Normal University, 2019: 6-25.
- [10] 王羽坚, 王思明. 伊朗喀山与我国新疆吐鲁番坎儿井对比研究[J]. 农业考古, 2021(1): 134-140.
WANG Yu-jian, WANG Si-ming. A comparative study of kasan, iran and karez in Turpan, Xinjiang, China[J]. Agricultural Archaeology, 2021(1): 134-140.
- [11] 李鸣. 吐鲁番盆地水资源合理开发及可持续利用[J]. 河南水利与南水北调, 2020, 49(9): 28-29.
LI Ming. Reasonable development and sustainable utilization of water resources in Turpan basin[J]. Henan Water Conservancy and South-to-North Water Diversion, 2020, 49(9): 28-29.
- [12] 阿尔菲娅·安尼瓦尔. 吐鲁番坎儿井饮用水对传统发酵饅饅面团发酵促进生物学机理研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆师范大学, 2017: 10-13.
ANWAR Alfira. Study on the biological mechanism of the promotion of fermentation of traditional fermented naan dough by karez drinking water in turpan[D]. Urumqi: Xinjiang Normal University, 2017: 10-13.
- [13] 马静, 张琳琳, 柴沙驼, 等. 基于高通量测序技术分析青藏高原牦牛和犏牛乳中微生物多样性的研究[J]. 食品工业科技, 2021, 42(9): 122-128.
MA Jing, ZHANG Lin-lin, CHAI Sha-tuo, et al. Analysis on microbial diversity in milk of yak and cattle-yak in qinghai-tibet plateau based on high-throughput sequencing technology[J]. Food Industry Technology, 2021, 42(9): 122-128.
- [14] 朱敏方, 张露, 叶云花, 等. 豆豉返霜过程中基本理化特性及微生物多样性差异分析[J]. 食品与机械, 2019, 35(12): 119-125.
ZHU Min-fang, ZHANG Lu, YE Yun-hua, et al. Variation in physicochemical properties and microbial diversity during the progression of efflorescence on the surface of Douchi[J]. Food & Machinery, 2019, 35(12): 119-125.
- [15] 西热娜依·阿布力克木. 南疆传统发酵酸奶微生物多样性及其乳酸菌生物被膜的研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆师范大学, 2017: 28-29.
ABLIKIM Xerenay. Study on the microbial diversity of traditional fermented yogurt in southern xinjiang and it is lactic acid bacteria biofilm[D]. Urumqi: Xinjiang Normal University, 2017: 28-29.
- [16] 玛依乐·艾海提, 西热娜依·阿布力克木, 努尔古丽·热合曼. 应用高通量测序法检测南疆传统酸奶中微生物多样性[J]. 食品科学, 2018, 39(20): 126-131.
AHAT Mayira, ABDUKERIM Xerinay, RAHMAN Nurgul. Diversity of culturable microorganisms in traditional fermented milk from south Xinjiang as analyzed by high-throughput pyrosequencing[J]. Food Science, 2018, 39(20): 126-131.
- [17] BOTES A, TODOROV S D, MOLLENDORFF J W, et al. Identification of lactic acid bacteria and yeast from bozaa[J]. Process Biochemistry, 2007, 42(2): 267-270.
- [18] 努尔古丽·热合曼, 华长春, 朱晓莹, 等. 新疆柯尔克孜族传统发酵饮料博扎中微生物群落结构的 PCR-DGGE 分析[J]. 食品科学, 2012(1): 111-114.
RAHMAN Nurgul, HUA Chang-chun, ZHU Shao-ying, et al. PCR-DGGE analysis of microbial community structure in boza, a traditional fermented beverage of kirgiz nationality in Xinjiang[J]. Food Science, 2012(1): 111-114.
- [19] 王蕊. 酸牛乳酒开菲尔(Kefir)的研究[J]. 食品研究与开发, 2008(6): 143-146.
WANG Xin. Researches on fermented milk drink, kefir[J]. Food Research and Development, 2008(6): 143-146.
- [20] 阿尔菲娅·安尼瓦尔, 伊萨克·阿卜杜热合曼, 努尔古丽·热合曼, 等. 吐鲁番传统饅饅面团中微生物多样性及挥发性香气成分的分析[J]. 微生物学通报, 2017, 44(8): 1 908-1 917.
ANWAR Alfira, ABDURAHMAN Isak, RAHMAN Nurgul, et al. Analysis of microbial diversity and volatile aroma components in turpan traditional naan cake sourdough[J]. Microbiology Bulletin, 2017, 44(8): 1 908-1 917.