

不同生境下湿地鸟类粪便的菌群组成

刘方庆, 王怡, 甘孟艳, 龚银香, 郑立雕, 郭玉红, 文陇英, 王璐*

西南山地濒危鸟类保护四川省高等学校重点实验室, 乐山师范学院生命科学学院, 四川 乐山

收稿日期: 2026年3月2日; 录用日期: 2026年4月3日; 发布日期: 2026年5月18日

摘要

为比较不同生境湿地鸟类粪便细菌群落特征, 本研究在四川省广元南河、昭化、乐山犍为与冠英等地的走廊、河岸、田地、树林、芦苇丛与观鸟屋等生境中采集湿地鸟类新鲜粪便样本共61份。提取总DNA后扩增16S rRNA基因V3-V4区并进行高通量测序, 基于97%相似性聚类OTU并开展分类学注释与Alpha多样性分析。结果表明在门水平上, 相对丰度 > 1%的共有17个菌门, 其中变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria)为优势菌门, 平均相对丰度分别为40.33%、27.36%和20.24%。在属水平上, 相对丰度 > 1%的共有231个菌属, 其中乳酸菌属(Lactobacillus)、肠球菌属(Enterococcus)和乳球菌属(Lactococcus)相对丰度较高, 分别为7.2%、4.8%和4.1%。不同生境间ACE、Chao1、Shannon与Simpson指数差异均未达显著水平($P > 0.05$), 提示不同生境湿地鸟类粪便细菌群落整体特征未检测到显著差异。

关键词

湿地鸟类, 粪便微生物, 16S rRNA, 群落结构, 生境

Composition of Fecal Microorganisms of Wetland Birds in Different Habitats

Fangqing Liu, Yi Wang, Mengyan Gan, Yinxiang Gong, Lidiao Zheng, Yuhong Guo, Longying Wen, Lu Wang*

Key Laboratory of Sichuan Institute for Protecting Endangered Birds in the Southwest Mountains, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Leshan Sichuan

Received: March 2, 2026; accepted: April 3, 2026; published: May 18, 2026

Abstract

To characterize fecal bacterial communities of wetland birds across habitats, we collected 61 fresh

*通讯作者。

文章引用: 刘方庆, 王怡, 甘孟艳, 龚银香, 郑立雕, 郭玉红, 文陇英, 王璐. 不同生境下湿地鸟类粪便的菌群组成[J]. 世界生态学, 2026, 15(2): 274-285. DOI: 10.12677/ije.2026.152029

fecal samples from multiple wetland bird taxa in Sichuan Province, China, covering six habitat types (corridor, riverbank, farmland, woodland, reedbed, and birdwatching hide). Total DNA was extracted, and the V3-V4 region of the 16S rRNA gene was amplified and sequenced using high-throughput sequencing. Operational taxonomic units (OTUs) were clustered at 97% sequence similarity, followed by taxonomic assignment and alpha-diversity analyses. At the phylum level, 17 phyla showed relative abundance >1%, with Proteobacteria (40.33%), Firmicutes (27.36%), and Actinobacteria (20.24%) dominating the communities. At the genus level, 231 genera exceeded 1% relative abundance, among which *Lactobacillus* (7.2%), *Enterococcus* (4.8%), and *Lactococcus* (4.1%) were the most abundant. Alpha-diversity indices (ACE, Chao1, Shannon, and Simpson) did not differ significantly among habitats (Kruskal-Wallis test, $P > 0.05$), suggesting no detectable habitat-associated differences in overall fecal bacterial diversity in this dataset.

Keywords

Wetland Birds, Fecal Microbiota, 16S rRNA, Community Structure, Habitat

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

鸟类与微生物之间关系紧密，鸟类对微生物的传播起重要作用，会对不同区域的微生物组成产生影响，甚至会影响特定微环境下细菌和病毒的生态关系和演化进程[1]。野生鸟类被认为是低致病性禽流感病毒的自然宿主[2]-[5]，致病微生物的扩散与跨物种间的传播，会使预防与治疗困难，甚至引发严重疫情[6][7]，如有些涉禽在春季迁徙停留期间，促进甲型流感病毒的传播[8]，有些鸣禽可传播莱姆病毒和西尼罗河病毒[9]，有些候鸟引发西尼罗河病毒在北美的扩散[10]。活动区域大的鸟类更容易传播禽类病原体和人畜共患病，还可以传播抗生素耐药性细菌。

基于 16S rRNA 基因测序已被广泛应用于微生物群落多样性分析，能够通过微生物群落中物种组成、菌群特征和优势菌群功能，比较出不同样本或组间的差异，挖掘样本表型与微生物群落特征的关联，进而说明微生物与生理环境、自然环境间的相互作用[11]，如对不同地区白头鹤(*Grus monacha*)的肠道菌群进行 16S rRNA 的高变区 V3-V4 分析，发现在不同的取样地点和越冬期白头鹤肠道细菌群落结构和多样性存在显著差异，表明环境因素可能是改变肠道菌群组成的重要因素[12]；对中国西南地区红嘴鸥(*Larus ridibundus*)粪便微生物群落特征及肠道致病菌研究表明，厚壁菌门 Firmicutes (86%)，变形菌门 Proteobacteria (10%)，以及软壁菌门 Tenericutes (3%)是含量最丰富的三个门[13]。同时，前期发现不同生境湿地水鸟粪便微生物组成不同，如广元南河的白鹭(*Egretta garzetta*)不含病原微生物，而犍为桫欏湖的棕头鸦雀(*Paradoxornis webbianus*)则含有较多的核盘菌线粒体病毒(*Sclerotinia sclerotiorum* mitovirus)、稻瘟病菌病毒(*Magnaporthe oryzae ourmia-like virus*)等[14]，那么不同生境下鸟类粪便细菌群落组成如何？不同类群的菌群丰度如何？本文通过对不同生境下鸬鹚、鹭类、鸭类、红尾水鸕、白鹡鸰及其它雀类湿地鸟类新鲜粪便菌群进行 16S rRNA 高变区 V3-V4 高通量测序，分析其粪便细菌群落组成及菌群多样性，探讨菌群与生境间的关系，为生态安全提供参考。

2. 材料与方法

2.1. 样品采集与保存

样品采集自四川广元南河(NH)、昭化(ZH)以及乐山犍为(QW)、冠英(GY)等地 6 种不同生境(Z-走

廊、H-河岸、T-田地、S-树林、C-芦苇丛、W-观鸟屋)共 61 枚粪便样品(样品信息见附表 1), 具体方法为: 将鸟类新鲜粪使用医用无菌棉签及时刮取表层, 装入一次性无菌管中, 及时放置 -80°C 超低温冰箱保存。

2.2. DNA 提取

采用粪便基因组提取试剂盒(QIAGEN), 完成基因组 DNA 抽提后, 利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提基因组 DNA 质量, 选取合格的样品进行测序。

对 16S rRNA 的 V3-V4 区域, 合成带有条形码(barcode)的特异引物(338F: 5'-ACTCCTACGG-GAGGCAGCAG-3'和 806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。

PCR 使用 TransGen AP221-02、TransStartFastpfu DNA Polymerase、PCR 仪、ABI GeneAmp® 9700 型, 将同一样本的 PCR 产物混合后用 2%琼脂糖凝胶电泳检测, 通过 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物, Tris_HCl 洗脱, 2%琼脂糖凝胶电泳检测。每个样本 3 次重复。参照电泳初步定量结果, 将 PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公司)检测定量, 再按照测序量要求, 将每个样本按相应比例混合。

2.3. MiSeq 文库构建和测序

基于 Illumina MiSeq PE300 测序平台开展高通量测序分析。将 MiSeq 测序得到的成对 reads 拼接(merge)成一条序列, 同时对 reads 的质量和 merge 的效果进行质控过滤, 根据序列首尾两端条形码(barcode)和引物序列区分样品得到有效序列, 并校正序列方向。MiSeq 文库构建和测序由上海美吉生物医药科技有限公司协助完成。

数据净化流程与关键参数: (1) 质量剪切: 剔除 read 末端质量评分低于 Q20 的碱基, 采用滑动窗口法(窗口长度 50 bp)进行动态截断, 当窗口质量均值低于 Q20 时执行 3'端截切, 保留长度 ≥ 50 bp 的有效 reads; (2) 序列组装: 基于双端 reads 互补重叠区(minimumoverlaplength = 10 bp)实现序列拼接; (3) 错配控制: 设定重叠区最大错配率阈值为 20%, 排除异常匹配序列; (4) 样本解卷积: 严格匹配 barcode 序列(零错配)及引物序列(最大错配数 = 2), 通过序列特征定位原始样本, 统一校正序列方向。

2.4. 基于 OTU 的分类学分析

基于 Usearch (vsesion 7.1) [15]软件, 首先对质控后序列 进行去冗余处理, 以降低计算复杂度。剔除无重复的单序列后, 以 97%相似度为阈值对非冗余序列(不含单序列)执行 OTU 聚类, 同时去除嵌合体干扰, 最终获取 OTU 代表序列。随后, 将质控序列与 OTU 代表序列进行比对, 筛选相似度 $\geq 97\%$ 的序列, 最终构建 OTU 表格。采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析。

2.5. Alpha 多样性指数

对不同生境下粪便微生物菌群进行 Alpha 多样性分析[16]。Alpha 多样性是指一个特定环境或生态系统内的多样性, 主要用来反映物种丰富度和均匀度以及测序深度。用 Ace 来估计群落中 OTU 数目的指数 [17], 是估计物种总数的常用指数之一, ACE 指数越大, 表明群落的丰富度越高; 用 Chao1 估计群落中包含物种的数目[18], Chao1 值越大代表物种总数越多; 用 Shannon 综合考虑群落的丰富度和均匀度[19], Shannon 指数值越高, 表明群落的丰富度和均匀度越高; 用 Simpson 估算微生物的多样性指数之一[20], Simpson 指数值越大, 说明群落多样性越低。

3. 结果

3.1. 序列及 OTUs 聚类分析

对 16S rRNA 高通量测序结果表明, 61 枚粪便样本共获得细菌原始序列 52.013 万条, 测序碱基对 15.65 亿, 经过过滤质控后, 共获得有效碱基对 10.88 亿; 样本平均有效序列 4.3 万条, 平均有效长度 418.14 bp。

采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析, 共获得细菌 OTU 数量为 7842 个, 不同生境 Z-走廊、H-河岸、T-田地、S-树林、W-观鸟屋、C-芦苇丛的 OTU 分别为 3610、5527、1826、3767、1344、3210, 其中不同生境共有的 OTU 数目为 705, 不同生境特有的 OTU 数目分别为 400、1627、96、496、41、458 (图 1)。

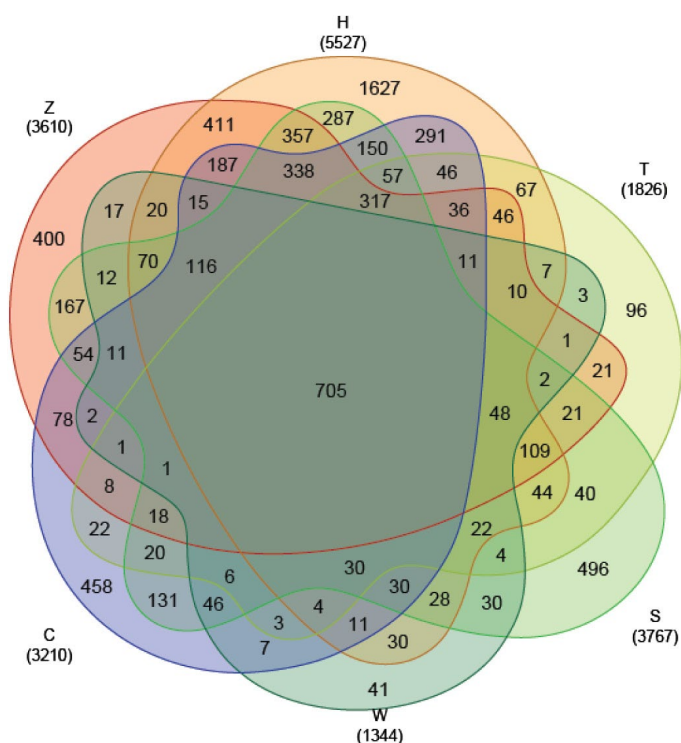


Figure 1. Venn diagram of clustered 16S rRNA OTUs from fecal bacterial communities across different habitats
图 1. 不同生境粪便细菌 16S rRNA 聚类 OTUs 韦恩图

3.2. 群落结构分析

3.2.1. 基于门水平群落结构分析

在门水平上, 含量高于 1%的有 17 门, 其中变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria)相对丰度较高, 分别为 40.33%、27.36%和 20.24%, 尤其是 NH02 (NHC)、NH11 (NTC)、NH12 (NSL)、NH23 (NZN)、NH24 (NSL)、NH36 (NSQ)、NH45 (NCQ)、GY10 (GHL)、GY12 (GHH)、QW04 (QHH)、QW06 (QHH)、QW09 (QHJ)、QW10 (QHJ)、ZH02 (ZHB)、ZH03 (ZZJ)、ZH05 (ZTQ)、ZH10 (ZS B)、ZH12 (ZS B)、ZH13 (ZS H)、ZH15 (ZS B)、ZH16 (ZCL) (含量范围 68.21%~99.58%), 犍为河岸雀类及昭化树林鸭类占比相对较高。在 H、C、S、T、W、Z 不同生境中, 含量最高的均为变形菌门 (Proteobacteria), 分别占 44.25%、42.27%、41.58%、37.04%和 42.83%, 厚壁菌门(Firmicutes)河岸生境含量最高为 37.30% (图 2, 图 3)。

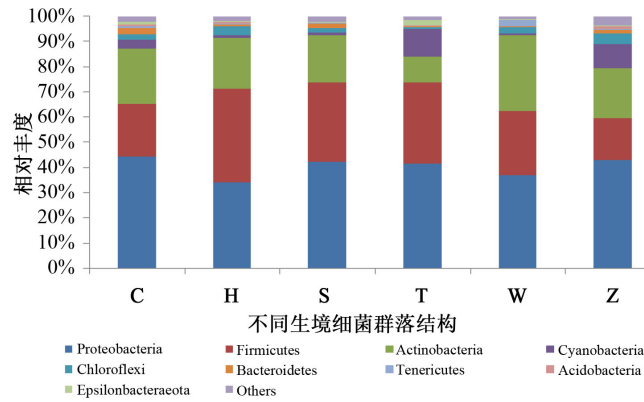


Figure 2. Relative abundance of bacterial community composition across different habitats at the phylum level
图 2. 基于门水平不同生境细菌群落结构相对丰度

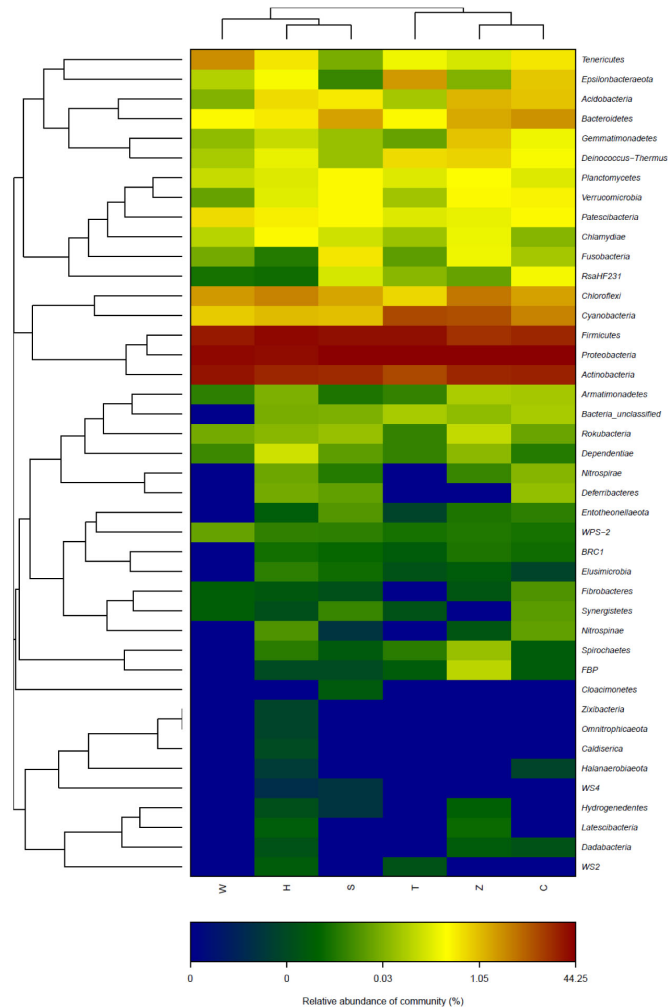


Figure 3. Heatmap of fecal bacterial communities across different habitats at the phylum level. Z = corridor, H = riverbank, S = woodland, T = farmland, W = bird-watching hide, C = reedbed
图 3. 基于门水平不同生境粪便菌群热图。Z = 走廊, H = 河岸, S = 林地, T = 田地, W = 观鸟屋, C = 芦苇丛

3.2.2. 基于属水平群落结构分析

在属水平上, 含量高于1%的有231属, 其中乳酸菌属 *Lactobacillus*、肠球菌属 *Enterococcus* 和乳球菌属 *Lactococcus* 所占比例最高, 分别为7.2%、4.8%和4.1%, 尤其是QW06 (QHH 犍为河边红尾水鸟)、QW09 (QHQ 犍为河岸雀类)、QW10 (QHQ 犍为河岸雀类)、ZH12 (ZSB 昭化树林鹌类) (含量范围57.3%~91.88%), 而NH11 (NTC 南河田地鸪鹑)和NH36 (NSQ 南河树林雀类)的芽孢杆菌属 *Bacillus* 含量达到了88.7%和87.2%; NH12 (NSL 南河树林鹭类)的 *Escherichia-Shigella* 含量达到了96.98%; NH15 (ZSB 南河树林鹌类)的 *Candidatus Arthromitus* 含量达到了74.2%; QW04 (QHH 犍为河岸红尾水鸟)的魏氏斯菌属 *Weissella* 含量达到了95.5%; ZH02 (ZHB 昭化河岸鹌类)的 *Enterobacteriaceae unclassified* 含量达到了80%; ZH16 (ZCL 昭化芦苇丛鹭类)的节杆菌属 *Arthrobacter* 含量达到65.5%。几种生境中, 含量最高的分别为节杆菌属 *Arthrobacter* (9.42%)、乳球菌属 *Lactococcus* (16.18%)、乳酸菌属 *Lactobacillus* (6.94%)、芽孢杆菌属 *Bacillus* (12.80%)、类诺卡氏菌属 *Nocardioiodes* (7.82%)和假单胞菌属 *Pseudomonas* (7.43%) (图4, 图5)。

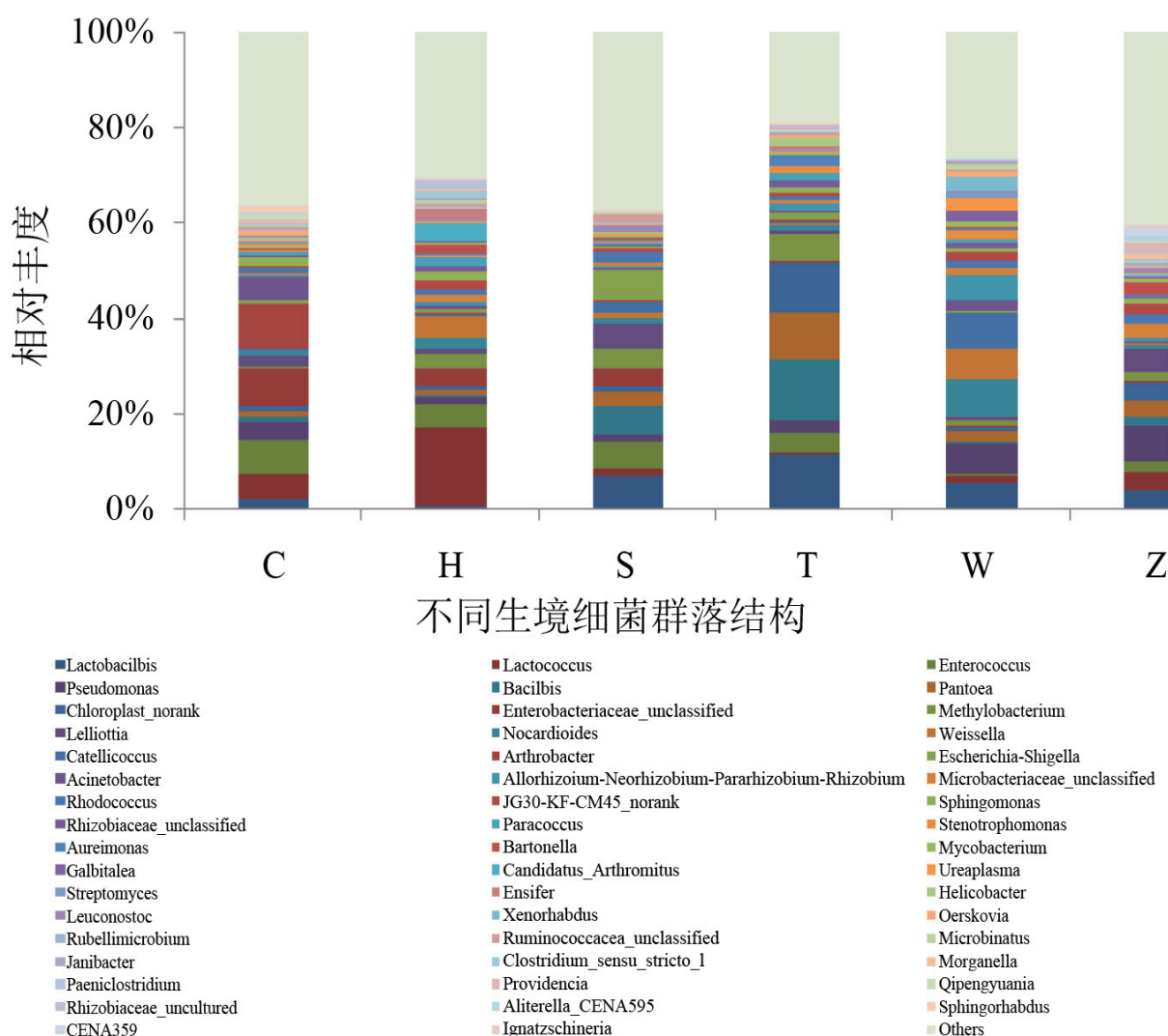


Figure 4. Relative abundance of bacterial community composition across different habitats at the genus level

图4. 基于属水平不同生境细菌群落结构相对丰度

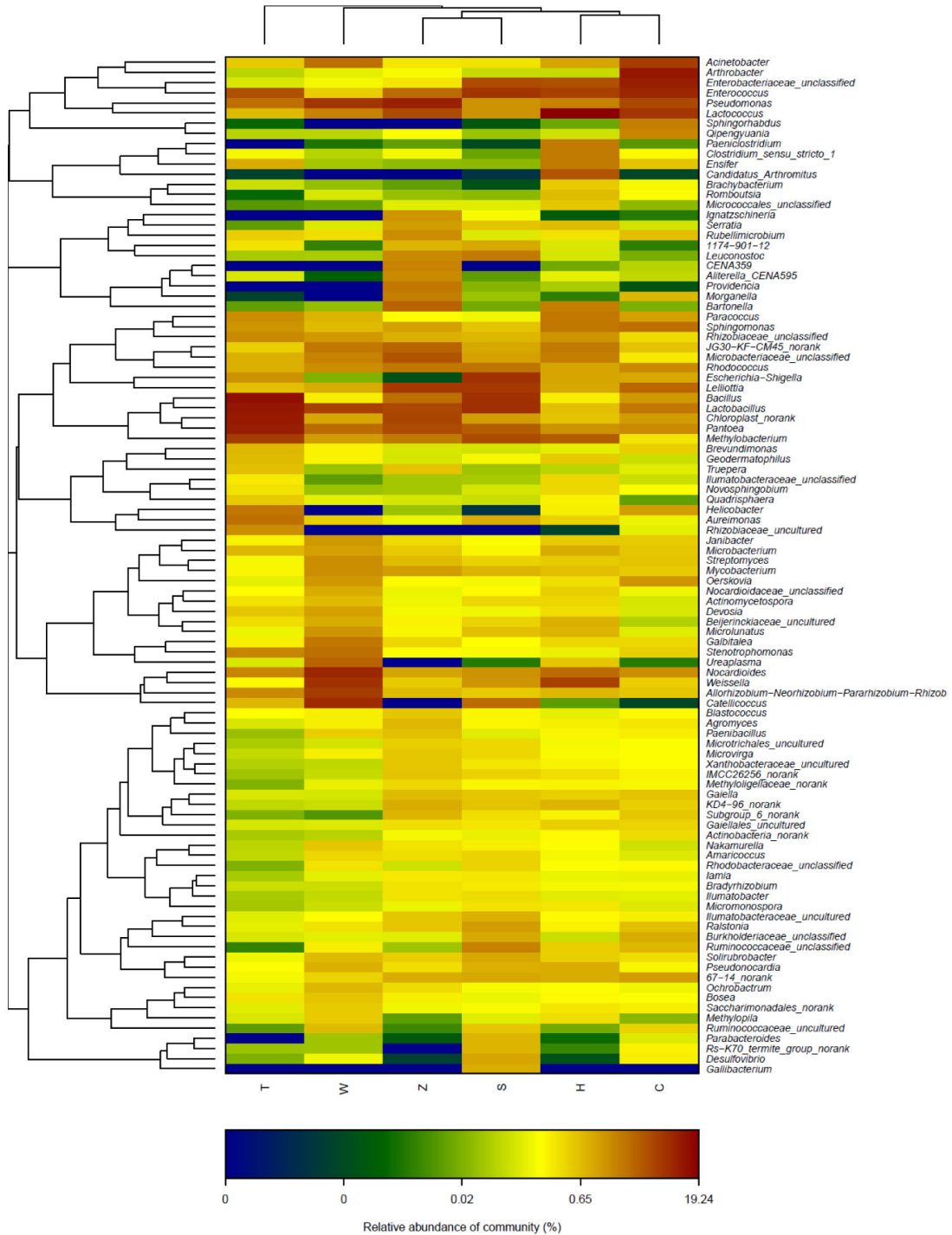


Figure 5. Heatmap of fecal bacterial communities across different habitats at the genus level. Z = corridor, H = riverbank, S = woodland, T = farmland, W = birdwatching hide, C = reedbed
图 5. 基于属水平不同生境粪便菌群热图。Z = 走廊, H = 河岸, S = 林地, T = 田地, W = 观鸟屋, C = 芦苇丛

3.3. 不同生境微生物多样性

Alpha 多样性分析(表 1)反映, 菌群丰富度的指数 ACE 和物种总数 Chao1 在观鸟屋(W)最高, 在田地(T)最低, 菌群 Shannon 丰富度和均匀度指数最高的为观鸟屋(W)(4.66), 最低的为田地(T)(3.11), Simpson

多样性指数最高的为河岸(H) (0.24), 最低的为观鸟屋(W) (0.03), Simpson 多样性最高为观鸟屋(W), 最低的为河岸(H)。但是不同生境丰度指数和多样性指数均未表现出显著性差异($P > 0.05$)。

Table 1. Alpha-diversity indices of microbial communities across different habitats

表 1. 不同生境微生物群落 Alpha 多样性指数

生境	Alpha 多样性指数			
	ACE	Chao1	Shannon	Simpson
C	1139.07	1119.76	3.93	0.13
H	1222.25	1152.33	3.34	0.24
S	943.43	899.17	3.42	0.21
T	702.89	648.98	3.11	0.13
W	1256.60	1242.17	4.66	0.03
Z	1042.41	1002.62	4.08	0.10
Kruskal Wallis	5.89	5.10	3.44	3.73
P	0.32	0.40	0.63	0.59

注: Z = 走廊, H = 河岸, S = 林地, T = 田地, W = 观鸟屋, C = 芦苇丛。

4. 讨论

本研究分析了不同地点的微生物多样性组成, 在门水平上, 含量高于 1% 的有变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria), 其在广元南河(N)、昭化(Z)以及乐山犍为(Q)、冠英(G)含量均较高, 分别占 85%、94%、95%和 90%。在属水平上, 乳球菌属(*Lactococcus*)、肠球菌属(*Enterococcus*)和魏氏斯菌属(*Weissella*)含量较高, 其中犍为(Q)达 55%, 广元南河(N)、昭化(Z)以及冠英(G)分别为 3.7%、17.6%和 12.3%。

对不同生境、不同鸟类粪便微生物菌群组成分析表明: 在门水平上, 含量大于 1% 的有 17 门, 在属水平上, 含量大于 1% 的有 231 属。在不同生境和不同鸟类物种中, 粪便微生物含量最高的均为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria), 说明鸟类与环境菌群的一致性, 这与其他已有鸟类和兽类关于粪便微生物组成研究结果一致[21]-[23]。本研究中涉及到的雀类、鸬鹚、鹭类, 鸭类, 红尾水鸬及白鹳均为湿地水鸟, 湿地水鸟通常取食高能量食物[24] [25], 而变形菌门(Proteobacteria)在能量积累的过程中具有重要作用[26]。因此, 高含量的变形菌门为湿地水鸟体内的能量积累产生积极作用。

本研究在不同生境(Z 走廊、H 河岸、S 林地、T 田地、W 观鸟屋、C 芦苇丛)间比较了湿地鸟类粪便微生物群落的 Alpha 多样性。结果显示, ACE、Chao1、Shannon 及 Simpson 指数在不同生境间差异均未达到显著水平, 提示在本研究采样尺度与数据量条件下, 生境对粪便菌群 Alpha 多样性的独立影响可能较弱, 或被其他因素所掩盖。“无显著差异”可能由多种原因导致。首先, 粪便微生物具有较强的个体间差异与短期波动性, 组内变异增大将降低统计检验的功效, 使得即便存在真实差异也可能表现为 $P > 0.05$ 。其次, 宿主因素(如鸟类物种、食性、年龄/生理状态与迁徙阶段)常被认为是驱动肠道微生物差异的重要因素, 其影响强度可能超过微生境差异; 若不同生境的宿主组成不一致, 则生境效应容易被宿主效应混杂。此外, 生境与地理位置、季节/时间等变量可能存在耦合关系(例如某些生境集中分布于特定地点或采样期), 从而使“生境”难以被单独识别。

尽管如此,不同生境间仍呈现一定的数值趋势:菌群 Shannon 显示群落丰富度和均匀度最高的为观鸟屋(W),最低的为田地(T);Simpson 显示群落多样性最高的为观鸟屋(W),最低的为河岸(H)。从生态机制上看,观鸟屋(W)多样性较高的趋势可能与人类活动干扰、鸟类聚集停留、以及更复杂的微生物暴露来源有关;相对地,田地(T)样本多样性偏低可能与资源类型相对单一、环境压力(如农事活动相关的干扰)或栖息时间较短有关。这些推测仍需结合更精细的环境变量(植被结构、营养盐、干扰强度等)与更多样本验证。需要强调的是,Alpha 多样性指标本身并不能直接反映公共卫生风险或病原携带情况。在未来研究中,将扩大采样范围,对潜在病原相关类群进行讨论,并通过靶向 qPCR、培养鉴定或宏基因组测序进一步验证,将有助于评估湿地鸟类在病原传播与湿地生态健康中的潜在作用。

基金项目

1) 乐山市科技局项目(25ST0003; 24YYJC0018); 2) 大学生创新创业项目(S202310649080; S202210649183; S202310649198; 202510649003); 重点实验室平台基金(203250087)。

参考文献

- [1] Canuti, M., Munro, H.J., Robertson, G.J., Kroyer, A.N.K., Roul, S., Ojkic, D., *et al.* (2019) New Insight into Avian Papillomavirus Ecology and Evolution from Characterization of Novel Wild Bird Papillomaviruses. *Frontiers in Microbiology*, **10**, Article 701. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00701>
- [2] 雷富民, 赵德龙. 野生鸟类对禽流感爆发与传播的影响[J]. 中国科学院院刊, 2005, 20(6): 466-470.
- [3] Causey, D. and Edwards, S.V. (2008) Ecology of Avian Influenza Virus in Birds. *The Journal of Infectious Diseases*, **197**, S29-S33. <https://doi.org/10.1086/524991>
- [4] 张继荣, 雷富民. 我国部分禽流感病毒 H5N1 之 HA 序列变异演化分析[J]. 动物学杂志, 2008, 43(6): 10-16.
- [5] 刘冬平, 肖文发, 陆军, 张正旺. 野生鸟类传染性疾病预防研究进展[J]. 生态学报, 2011, 31(22): 6959-6966.
- [6] Elmberg, J., Berg, C., Lerner, H., Waldenström, J. and Hessel, R. (2017) Potential Disease Transmission from Wild Geese and Swans to Livestock, Poultry and Humans: A Review of the Scientific Literature from a One Health Perspective. *Infection Ecology & Epidemiology*, **7**, Article 1300450. <https://doi.org/10.1080/20008686.2017.1300450>
- [7] Chung, D.M., Ferree, E., Simon, D.M. and Yeh, P.J. (2018) Patterns of Bird-Bacteria Associations. *EcoHealth*, **15**, 627-641. <https://doi.org/10.1007/s10393-018-1342-5>
- [8] Hanson, B.A., Luttrell, M.P., Goekjian, V.H., Niles, L., Swayne, D.E., Senne, D.A., *et al.* (2008) IS the Occurrence of Avian Influenza Virus in Charadriiformes Species and Location Dependent? *Journal of Wildlife Diseases*, **44**, 351-361. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-44.2.351>
- [9] Altizer, S., Bartel, R. and Han, B.A. (2011) Animal Migration and Infectious Disease Risk. *Science*, **331**, 296-302. <https://doi.org/10.1126/science.1194694>
- [10] Rappole, J.H., Derrickson, S.R. and Hubálek, Z. (2000) Migratory Birds and Spread of West Nile Virus in the Western Hemisphere. *Emerging Infectious Diseases*, **6**, 397-400. <https://doi.org/10.3201/eid0604.000401>
- [11] 黄志强, 邱景璇, 李杰, 许东坡, 刘箐. 基于 16S rRNA 基因测序分析微生物群落多样性[J]. 微生物学报, 2021, 61(5): 1044-1063.
- [12] Dong, Y., Xiang, X., Zhao, G., Song, Y. and Zhou, L. (2019) Variations in Gut Bacterial Communities of Hooded Crane (*Grus monacha*) over Spatial-Temporal Scales. *PeerJ*, **7**, e7045. <https://doi.org/10.7717/peerj.7045>
- [13] Liao, F., Gu, W., Li, D., Liang, J., Fu, X., Xu, W., *et al.* (2019) Characteristics of Microbial Communities and Intestinal Pathogenic Bacteria for Migrated *Larus ridibundus* in Southwest China. *Microbiology Open*, **8**, e00693. <https://doi.org/10.1002/mbo3.693>
- [14] 文隽英, 刘方庆, 杨军, 戴波, 杜超豪. 四川湿地鸟类粪便中的病毒多样性[J]. 应用与环境生物学报, 2021, 28(1): 201-207.
- [15] Pan, J., Yin, J., Zhang, K., Xie, P., Ding, H., Huang, X., *et al.* (2019) Dietary Xylo-Oligosaccharide Supplementation Alters Gut Microbial Composition and Activity in Pigs According to Age and Dose. *AMB Express*, **9**, Article No. 134. <https://doi.org/10.1186/s13568-019-0858-6>
- [16] Schloss, P.D., Gevers, D. and Westcott, S.L. (2011) Reducing the Effects of PCR Amplification and Sequencing Artifacts on 16S rRNA-Based Studies. *PLoS ONE*, **6**, e27310. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027310>

-
- [17] Chao, A. and Yang, M.C.K. (1993) Stopping Rules and Estimation for Recapture Debugging with Unequal Failure Rates. *Biometrika*, **80**, 193-201. <https://doi.org/10.1093/biomet/80.1.193>
- [18] Chao A (1984) Nonparametric Estimation of the Number of Classes in a Population. *Scandinavian Journal of Statistics*, **11**, 265-270.
- [19] Shannon, C.E. (1948) A Mathematical Theory of Communication. *Bell System Technical Journal*, **27**, 379-423. <https://doi.org/10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x>
- [20] Simpson, E.H. (1949) Measurement of Diversity. *Nature*, **163**, 688. <https://doi.org/10.1038/163688a0>
- [21] Wilkinson, T.J., Cowan, A.A., Vallin, H.E., Onime, L.A., Oyama, L.B., Cameron, S.J., *et al.* (2017) Characterization of the Microbiome along the Gastrointestinal Tract of Growing Turkeys. *Frontiers in Microbiology*, **8**, Article 1089. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01089>
- [22] Dewar, M.L., Arnould, J.P.Y., Krause, L., Dann, P. and Smith, S.C. (2014) Interspecific Variations in the Faecal Microbiota Ofprocellariiform seabirds. *FEMS Microbiology Ecology*, **89**, 47-55. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12332>
- [23] Grond, K., Sandercock, B.K., Jumpponen, A. and Zeglin, L.H. (2018) The Avian Gut Microbiota: Community, Physiology and Function in Wild Birds. *Journal of Avian Biology*, **49**, e01788. <https://doi.org/10.1111/jav.01788>
- [24] Fox, A.D., Cao, L., Zhang, Y., Barter, M., Zhao, M.J., Meng, F.J., *et al.* (2011) Declines in the Tuber-feeding Waterbird Guild at Shengjin Lake National Nature Reserve, China—A Barometer of Submerged Macrophyte Collapse. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, **21**, 82-91. <https://doi.org/10.1002/aqc.1154>
- [25] Xu, L.L., Xu, W.B., Sun, Q.Y., Zhou, Z.Z., *et al.* (2008) Flora and Vegetation in Shengjin Lake. *Journal of Wuhan Botanical Research*, **27**, 264-270.
- [26] Chevalier, C., Stojanović, O., Colin, D.J., Suarez-Zamorano, N., Tarallo, V., Veyrat-Durebex, C., *et al.* (2015) Gut Microbiota Orchestrates Energy Homeostasis during Cold. *Cell*, **163**, 1360-1374. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.11.004>

附录

Table S1. Information on bird fecal samples
表 S1. 鸟类粪便样本信息

序号	采集样品名称	代码	粪便颜色	食性	采样地	生境	东经	北纬	海拔 m
1	NH_01	NZQ	黄绿白色	鱼和草	南河	Z-走廊	105°50'34"	32°25'34"	480
2	NH_02	NHC	白色	鱼类	南河	H-河岸	105°50'42"	32°25'31"	480
3	NH_03	NHJ	土色	杂食	南河	H-河岸	105°50'55"	32°25'25"	480
4	NH_04	NZB	黑褐色	果实	南河	Z-走廊	105°50'59"	32°25'25"	480
5	NH_06	NZC	白色	鱼类	南河	Z-走廊	105°51'0"	32°25'23"	480
6	NH_07	NZB	黑褐色	杂食	南河	Z-走廊	105°51'3"	32°25'22"	480
7	NH_08	NZL	浅褐色	杂食	南河	Z-走廊	105°51'3"	32°25'22"	480
8	NH_09	NTL	白色	鱼类	南河	T-田地	105°51'3"	32°25'22"	480
9	NH_11	NTC	白色	鱼类	南河	T-田地	105°51'6"	32°25'16"	480
10	NH_12	NSL	黄绿白	鱼和草	南河	S-树林	105°51'6"	32°25'16"	480
11	NH_13	NSB	褐红色	果实	南河	S-树林	105°51'6"	32°25'16"	480
12	NH_14	NZJ	土褐色	杂食	南河	Z-走廊	105°51'8"	32°25'13"	500
13	NH_15	NHB	黑色	果实	南河	H-河岸	105°51'15"	32°25'10"	490
14	NH_17	NWQ	黄褐色	杂食	南河	W-观鸟屋	105°51'16"	32°25'10"	480
15	NH_19	NWC	白色	鱼类	南河	W-观鸟屋	105°51'16"	32°25'10"	490
16	NH_22	NSJ	土色	杂食	南河	S-树林	105°51'12"	32°25'11"	490
17	NH_23	NZB	褐色	果实	南河	Z-走廊	105°51'5"	32°25'21"	480
18	NH_24	NSL	泥土色	肉类	南河	S-树林	105°51'5"	32°25'21"	480
19	NH_25	NHQ	黄褐色	杂食	南河	H-河岸	105°51'5"	32°25'21"	480
20	NH_28	NHQ	黄褐色	杂食	南河	H-河岸	105°51'5"	32°25'21"	480
21	NH_30	NCQ	褐绿色	杂食	南河	C-芦苇丛	105°51'5"	32°25'21"	480
22	NH_31	NCJ	奶黄色	杂食	南河	C-芦苇丛	105°50'52"	32°25'27"	480
23	NH_32	NTB	黑色	果实	南河	T-田地	105°50'52"	32°25'27"	480
24	NH_33	NTB	黑紫色	果实	南河	T-田地	105°51'1"	32°25'21"	480
25	NH_36	NSQ	土白色	杂食	南河	S-树林	105°51'1"	32°25'21"	480
26	NH_38	NSJ	泥土色	肉类	南河	S-树林	105°51'1"	32°25'21"	480
27	NH_39	NSQ	土色	杂食	南河	S-树林	105°51'1"	32°25'21"	480
28	NH_41	NTB	褐色	果实	南河	T-田地	105°51'1"	32°25'21"	480
29	NH_42	NTQ	土褐色	杂食	南河	T-田地	105°51'1"	32°25'21"	480
30	NH_43	NSB	紫黑色	果实	南河	S-树林	105°51'1"	32°25'21"	480
31	NH_44	NSQ	土色	杂食	南河	S-树林	105°51'1"	32°25'21"	480
32	NH_45	NCQ	土色	杂食	南河	C-芦苇丛	105°51'6"	32°25'21"	480

续表

33	NH_46	NCJ	土色	杂食	南河	C-芦苇丛	105°51'6"	32°25'14"	480
34	ZH_02	ZHB	黑色	果实	昭化	H-河岸	105°52'57"	32°4'58"	550
35	ZH_03	ZZJ	褐色	杂食	昭化	Z-走廊	105°52'53"	32°4'59"	560
36	ZH_04	ZCJ	棕色	杂食	昭化	C-芦苇丛	105°52'53"	32°4'59"	560
37	ZH_05	ZTQ	土黑色	杂食	昭化	T-田地	55°2'51"	32°5'2"	560
38	ZH_08	ZSQ	黄绿色	杂食	昭化	S-树林	55°2'51"	32°5'2"	560
39	ZH_09	ZCL	黄绿褐	杂食	昭化	C-芦苇丛	55°2'51"	32°5'2"	560
40	ZH_10	ZS B	红褐色	果实	昭化	S-树林	105°52'46"	32°5'1"	550
41	ZH_12	ZS B	紫黑色	果实	昭化	S-树林	105°52'46"	32°5'4"	560
42	ZH_13	ZS H	白色带黑色	杂食	昭化	S-树林	105°52'46"	32°5'4"	560
43	ZH_14	ZS L	白色带黑色	杂食	昭化	S-树林	105°52'46"	32°5'4"	560
44	ZH_15	ZS B	黑色	果实	昭化	S-树林	105°52'47"	32°5'4"	560
45	ZH_16	ZCL	泥土带白色	杂食	昭化	C-芦苇丛	105°52'47"	32°5'4"	560
46	QW_03	QHH	黄褐色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'45"	29°10'37"	370
47	QW_04	QHH	黄褐色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'45"	29°10'37"	370
48	QW_05	QHH	黄褐色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'45"	29°10'37"	370
49	QW_06	QHH	黄褐色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'45"	29°10'37"	370
50	QW_08	QHY	泥土色	肉类	犍为	H-河岸	103°51'46"	29°10'34"	370
51	QW_09	QHQ	土色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'46"	29°10'34"	370
52	QW_10	QHQ	土色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'46"	29°10'34"	370
53	QW_13	QHH	黄褐色	杂食	犍为	H-河岸	103°51'46"	29°10'34"	370
54	GY_01	GZJ	泥土色	肉类	冠英	Z-走廊	103°46'15"	29°27'58"	360
55	GY_06	GHL	白色	鱼类	冠英	H-河岸	103°46'15"	29°27'58"	360
56	GY_07	GHY	泥土色	肉类	冠英	H-河岸	103°46'22"	29°27'60"	350
57	GY_08	GHY	泥土色	肉类	冠英	H-河岸	103°46'22"	29°27'60"	350
58	GY_09	GHH	黄褐色	杂食	冠英	H-河岸	103°46'22"	29°27'60"	350
59	GY_10	GHL	泥土色	肉类	冠英	H-河岸	103°46'22"	29°27'60"	350
60	GY_11	GHH	黄褐色	杂食	冠英	H-河岸	103°46'31"	29°27'43"	350
61	GY_12	GHH	黄褐色	杂食	冠英	H-河岸	103°46'30"	29°27'45"	350

注：代码字母分别代表：1-采样地，2-生境，3-鸟类：Q-雀类、C-鸬鹚、L-鹭类、B-鸭类、H-红尾水鹇、J-白鹇、Y-矶鹬。