



文献 CSTR:
32001.14.11-6035.csd.2024.0188.zh



文献 DOI:
10.11922/11-6035.csd.2024.0188.zh
数据 DOI:
10.57760/sciencedb.j00001.01161

文献分类: 生物学

收稿日期: 2024-11-15
录用日期: 2025-07-24
发表日期: 2025-09-16

2019 年夏季达里湖不同深度细菌群落多样性数据集

金宇琦¹, 李文宝^{*1,2}, 史玉娇¹, 刘若馨¹, 徐秉贤¹

1. 内蒙古农业大学水资源保护与利用自治区重点实验室, 呼和浩特 010018
2. 黄河流域内蒙段水资源与水环境综合治理协同创新中心, 呼和浩特 010018

摘要: 湖泊作为区域生态系统中重要的组成部分, 在区域气候调节、水文循环和生态平衡中发挥着关键作用。微生物群落的结构和组成直接影响着生态系统的稳定性和生物体的健康, 并对环境污染和疾病的发生具有重要指示意义。不同深度水体因理化指标差异, 导致微生物群落结构及功能呈现显著的垂直分异。内蒙古高原湖泊具有独特的地理特征, 对其细菌群落进行垂直分布研究, 不仅具有显著的地域性特点, 而且在生态学领域也具有深远的意义。达里湖作为内蒙古高原典型的封闭内陆型湖泊, 其独特的地理位置和生态环境使其成为研究细菌群落结构及其与环境因子相互作用的理想场所。本数据集收集、整理了2019年夏季达里湖不同深度水体的细菌群落组成信息(基于高通量测序技术, 经严格的数据质量控制与评估后获得)及对应的湖泊水体环境因子参数(包括水温、溶解氧、电导率、酸碱度、总氮、总磷等, 通过室内实验获得)。揭示达里湖细菌群落的垂直分布特征, 探究环境因子对细菌群落结构的影响机制, 并评估关键细菌类群在湖泊生态系统中的潜在功能, 将有助于深入理解内蒙古高原湖泊生态系统的微生物驱动过程, 为应对气候变化、控制富营养化、治理污染、开发生物技术等提供重要的科学依据和技术手段, 具有重要的理论意义和应用价值。此外, 该数据集的公开共享将为相关领域的研究提供宝贵的数据资源。

关键词: 达里湖; 细菌; 群落组成; 多样性

数据库(集)基本信息简介

数据库(集)名称	2019 年夏季达里湖不同深度细菌群落多样性数据集
数据作者	金宇琦、李文宝、史玉娇、刘若馨、徐秉贤
数据通信作者	李文宝 (tianshitd@126.com)
数据时间范围	2019
地理区域	地理范围为 116°26′–116°45′E, 43°13′–43°23′N
数据量	4.98 MB
数据格式	*.zip
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.j00001.01161
基金项目	国家自然科学基金(52160021); 内蒙古自治区科技攻关项目(2020GG0009); 内蒙古自治区高等学校“青年科技英才支持计划”项目(NJYT-20-A14); 内蒙古自治区自然科学基金项目(2021MS005043)。

* 论文通信作者

李文宝: tianshitd@126.com

数据库（集）组成	数据集共包括 5 个数据文件，其中：(1) “网络结构属性”文件夹是细菌生态网络数据；(2) 点位数据.xlsx 是采样点位置及水深数据；(3) 环境因子数据.xlsx 是表、中、底三层样品的实验数据及测定方法；(4) 样本信息.xlsx 包括样本信息统计、有效序列信息、OTU（Operational Taxonomic Units）物种分类及 Alpha 多样性数据等；(5) KEGG（Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes）功能丰度统计.xlsx 包括物种 enzyme、KO（KEGG Orthology）、module、pathway level 1、2、3 不同功能的丰度数据。
----------	--

引言

细菌是湖泊生态系统中生物多样性的的重要组成部分，它们与其他生物相互依赖，共同维持着湖泊生态系统的稳定^[1]。细菌的种类和数量可以作为水质的生物指示器，通过监测其组成和丰度的变化，可以评估湖泊生态系统的健康状况和污染程度^[2]。此外，细菌在湖泊生态系统的营养循环中扮演着重要角色，它们能够将氮、磷等元素转化为植物可吸收的形式，从而促进湖泊中生物的生长和繁殖^[3]。

环境因子对湖泊细菌的影响是一个重要的研究领域，许多科研论文探讨了不同环境因素（如温度、pH、溶解氧、营养盐等）如何影响湖泊细菌的种类、数量和功能等，这些环境因子的相互作用使得湖泊细菌的生态功能和群落组成复杂多样^[4-6]。通过对湖泊细菌的研究，我们能够更深入地了解湖泊生态系统运作机制及环境变化对其的影响^[7]。其在微生物学、生态学和环境科学等多个领域都具有重要的科学价值。

水体不同深度，其理化性质和营养元素含量各异，补给和排泄途径也存在显著差别。对于达里诺尔湖（简称达里湖）来说，表层水主要接受河流、地下水和大气降水的补给，同时受到强烈蒸发的影响，相比之下，底层水主要由地下水补给，蒸发排泄过程相对较弱，而环境的差异会对细菌群落结构产生重要的影响，影响其生存、繁殖、代谢和群落结构等。目前微生物数据集主要分布在土壤中，在湖泊中较为空白^[8-9]。随着分子生物学技术的发展，微生物在湖泊中的研究已被广泛开展，目前研究主要包括群落组成、群落多样性、生态网络、群落构建等方面^[10-11]。数据集研究区域位于内蒙古自治区赤峰市克什克腾旗，属温带大陆性气候，湖面面积约 189 km²，湖水无外泄，靠地下水及周边连通河流补给，对该区域进行动态监测对区域生态可持续发展具有重要意义^[12]。数据集包含表、中、底三层湖泊细菌群落组成及环境因子数据，可为湖泊细菌垂向变化研究提供数据参考。

1 数据采集和处理方法

1.1 数据采集

达里湖是内蒙古地区四大名湖之一，是赤峰市境内最大的湖泊。冬季寒冷漫长，夏季温和短暂，昼夜温差大。全年平均气温 3.2℃，其中 7 月温度最高，均温 21℃，1 月温度最低，均温 -18℃；全年平均降水量约 400 - 500 mm，降雨多集中在夏季，6-8 月降雨量占全年的 70%以上，蒸发量约为降水量的 3 倍多，由于蒸发量大于补给量，湖面面积逐年萎缩。

依据达里湖面积，均匀布设 17 个采样点（图 1），于 2019 年 8 月采集湖泊表、中、底三层水样各 2 L，根据实际情况，共获取有效样本 43 个（表层 17 个、中层 11 个、底层 15 个）。其中表层水为湖面 0-10 cm 处样品，底层水为底泥以上约 10 cm 处样品，中层水则仅对水深大于 5 m 的点

位进行采集，采集水深二分之一处的样品。样品采集完成后，水样装入经过预处理灭菌的聚乙烯取样瓶中，并立即密封避光低温保存，带回实验室进一步处理。其中 1 L 用于理化指标的测定，1 L 先经 5μm 无菌滤膜过滤去除颗粒杂质，再经 0.22μm 无菌滤膜过滤收集浮游细菌，将过滤完成的滤膜置于 10ml 无菌管中，在零下 20℃条件下保存，用于后续细菌群落结构等测试分析。

具体采样点分布如图 1 所示。其中 DL-1、DL-9、DL-10 和 DL-13 点位水深较浅，均小于 5m，而其他点位水深均在 5~9m 之间（表 1）。

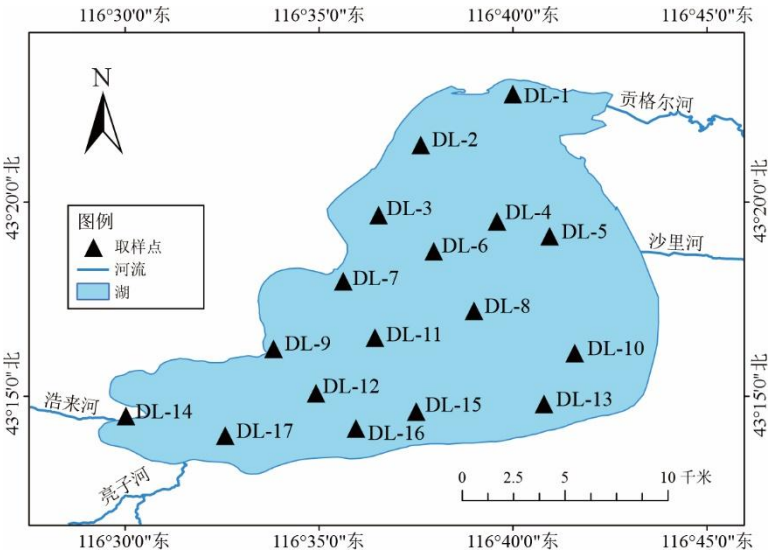


图 1 采样点分布

Figure 1 Distribution of sampling sites

表 1 采样点位置及水深情况

Table 1 Locations of sampling sites and their water depths

序号	点位	经度(°E)	纬度(°N)	水深 (m)
1	DL-1	116.6673	43.3768	1.53
2	DL-2	116.6271	43.3564	5.25
3	DL-3	116.6096	43.3249	5.15
4	DL-4	116.6619	43.3222	6.75
5	DL-5	116.6831	43.3158	5.90
6	DL-6	116.6333	43.3121	6.80
7	DL-7	116.5931	43.2965	6.80
8	DL-8	116.6513	43.2852	7.00
9	DL-9	116.5645	43.2675	0.45
10	DL-10	116.6932	43.2667	4.30
11	DL-11	116.6088	43.2737	8.20
12	DL-12	116.5835	43.2498	7.20
13	DL-13	116.6814	43.2452	3.70
14	DL-14	116.5011	43.2386	7.18

序号	点位	经度(°E)	纬度(°N)	水深 (m)
15	DL-15	116.6258	43.2405	7.50
16	DL-16	116.5999	43.2333	7.20
17	DL-17	116.5438	43.2316	7.75

1.2 数据处理方法

1.2.1 环境因子数据

环境因子数据主要包括总氮 (TN)、总磷 (TP)、溶解性总磷 (DTP)、溶解性无机磷 (DIP)、化学需氧量 (COD)、叶绿素 a(chla)、酸碱度 (pH)、水温 (WT)、湖泊透明度 (SD)、电导率 (EC)、溶解氧 (DO)、溶解性总固体 (TDS)、氧化还原电位 (ORP)。其中水温、pH、电导率、溶解氧、溶解性总固体、氧化还原电位通过多参数水质监测仪 (YSI) 现场测定, 湖泊透明度由塞氏圆盘测定, 总氮、总磷、溶解性总磷、溶解性无机磷、化学需氧量、叶绿素 a 等环境因子的测定则是在内蒙古农业大学水资源利用与保护自治区重点实验室完成, 标准参照《水和废水监测分析方法》(第四版)。

1.2.2 细菌多样性数据

测序在上海美吉生物医药科技有限公司的 Illumina MiSeq PE300 平台进行, 采用 FastDNA®Spin Kit for Soil 试剂盒提取水体滤膜样品中的微生物 DNA, 接着使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提基因组 DNA, 对 16S rRNA 基因 V4-V5 可变区进行 PCR 扩增, 引物序列为 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和 806R (5'-GGACTACVSGGG TATCTAAT-3'); 反应条件为 95°C 预变性 3 min, 27 个循环 (95°C变性 30 s, 55°C退火 30 s, 72°C延伸 30 s), 最后 72°C延伸 10 min, 最后 4°C进行保存; 扩增体系为 20 μL, 4 μL 5*FastPfu 缓冲液, 2 μL 2.5 mmol/L dNTPs, 引物 (5 uM) 0.8 μL, FastPfu 聚合酶 0.4 μL; 模板 DNA10 ng。原始双端序列经质控后, 得到优化序列; 通过 Uparse 软件对优化序列提取非重复序列。去除没有重复的单序列; 按照 97%相似性对非重复序列 (不含单序列) 进行 OTU 聚类, 在聚类过程中去除嵌合体, 得到 OTU 的代表序列; 将所有优化序列 map 至 OTU 代表序列, 选出与代表序列相似性在 97%以上的序列, 生成 OTU 表格。采用 Qiime 平台和 RDP classifier 贝叶斯算法对 OTU 代表序列进行分类学分析, 置信度阈值为 0.7, 得到每个 OTU 对应的物种分类信息^[14-16]。

不同深度优势菌门均为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) (图 2), 表层优势菌属有副球菌属 (*Paracoccus*)、聚球藻 (*Synechococcus*)、栖热菌属 (*Thermus*) 和 *CL500-29_marine_group* 属, 而中层和底层中假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 替代栖热菌属成为优势菌属 (图 3)。

2 数据样本描述

数据集名称为“2019 年夏季达里湖不同深度细菌群落多样性数据集”, 含 1 个文件夹和 4 个 excel 数据表, 分别命名为“网络结构属性”“点位数据”“环境因子数据”“细菌多样性信息”“KEGG 功能丰度统计” (图 4)。

“网络结构属性”文件夹中包含两个子文件夹, 分别命名为“cytoscape 数据”和“gephi 数据”,

其中“cytoscape 数据”文件夹中包含门、属水平上的共线性网络 cytoscape 数据及数据使用方法，“gephi 数据”文件夹中包含表、中、底三层单因素网络相关性的 gephi 数据及数据使用方法。

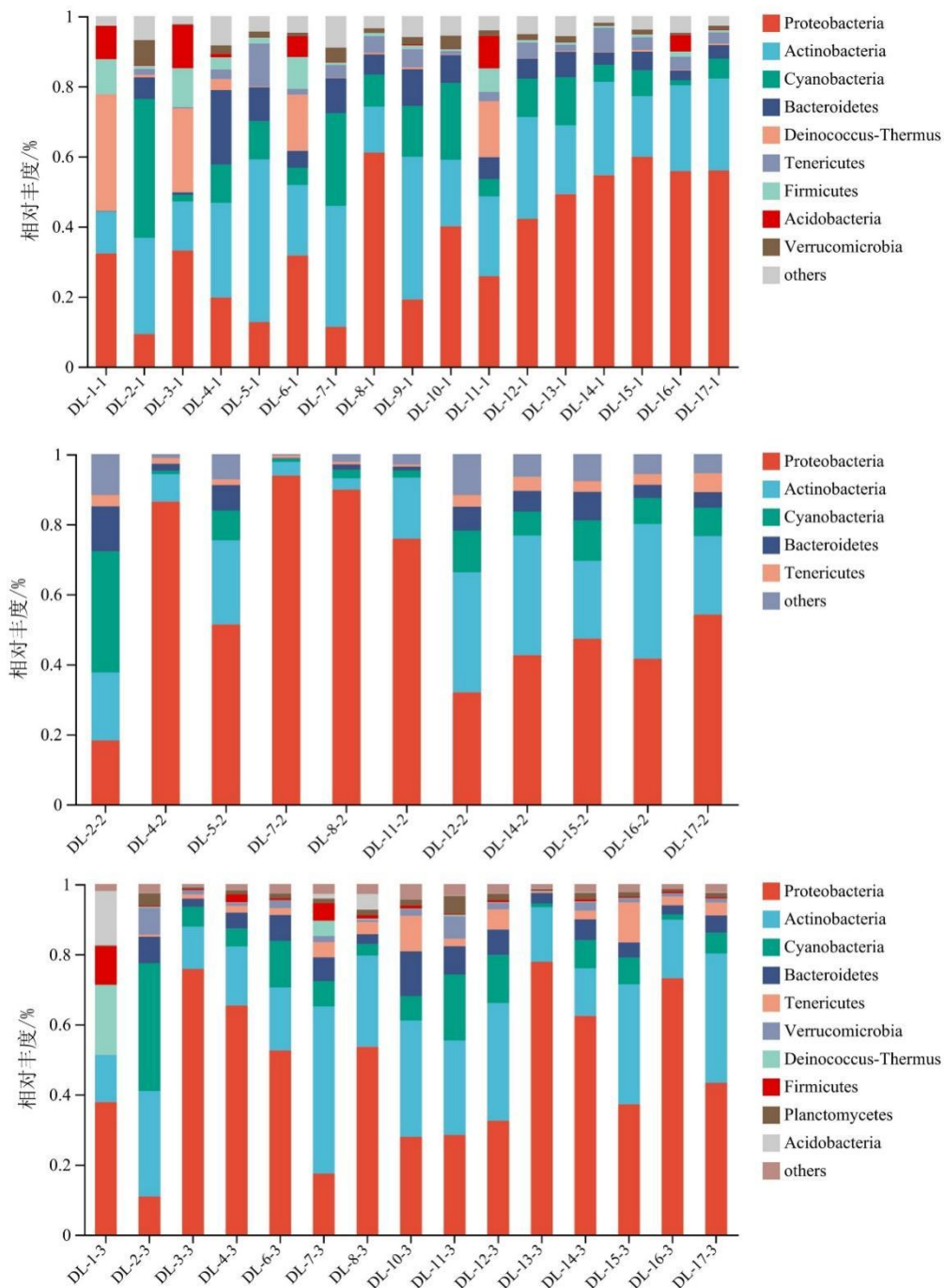


图2 不同深度门水平细菌群落组成

Figure 2 Bacterial community composition at the phylum level across different depths

“点位数据”数据表中包含取样点的经纬度及水深。

“环境因子数据”数据表中包含“表层”“中层”“底层”“环境因子测定方法”4个子数据表，包括总氮、总磷、溶解性总磷、溶解性无机磷、化学需氧量、叶绿素 a、酸碱度等的测定及其测定方法。

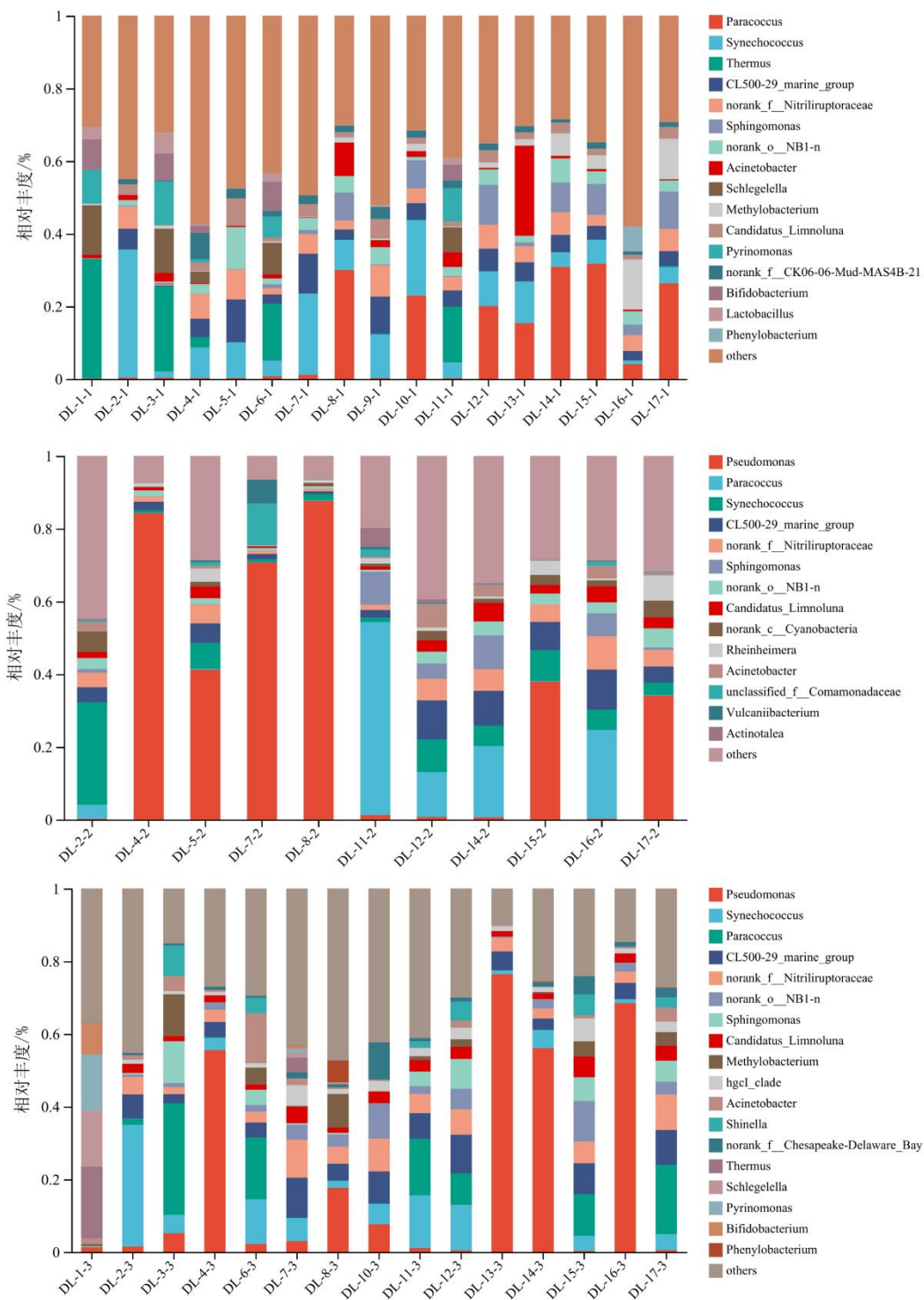


图3 不同深度属水平细菌群落组成

Figure 3 Bacterial community composition at the genus level across different depths

“细菌多样性信息”数据表中包含“样本信息统计”“各样本有效序列信息表”“OTU 物种分类统计”“表层物种”“中层物种”“底层物种”“Aphla”“多样性指数表”7个子数据表。其中“样本信息统计”包含样本的序列数、碱基数、平均长度、最短序列长度和最长序列长度；“各样本有效序列信息表”包含样本的 OTU 数目和有效序列数目；“OTU 物种分类统计”包含域、界、门、

纲、目、科、属、种的物种名和该物种对应的 OTU 编号信息，以及各样本对应的每一个 OTU 的丰度（序列数）。“表层物种”“中层物种”“底层物种”基本信息与表“OTU 物种分类统计”一致。“Alpha 多样性指数表”中包括各样本的 shannon 指数（群落多样性）、simpson 指数（群落多样性）、coverage 指数（群落覆盖度）、shannoneven 指数（群落均匀度）、sobs 指数（群落丰富度）及 chao 指数（群落丰富度）的数值。

“KEGG 功能丰度统计”数据表中包含 enzyme、KO、module、pathway level1、pathway level2、pathway level3 6 个子数据表，数据为各样本中不同功能的丰度，基于 16S rRNA 基因多样性测序，利用 PICRUST2 预测 KEGG 功能丰度，数据反映群落潜在功能潜能，可以结合宏基因组测序或宏转录组测序，以更准确地评估微生物群落的功能。



图 4 数据集信息

Figure 4 Dataset information

3 数据质量控制和评估

内蒙古自治区水资源保护与利用重点实验室，为省部级重点实验室，在区域水文过程调控、水资源合理配置、水生态和水环境保护与修复、水土资源高效利用及寒区建筑物冻害防治等方面开展创新性研究。实验指标的测定均参照标准进行，测定方法已在名为“环境因子数据”的 excel 数据表中列出。细菌多样性测序数据均经过质量控制与评估，且数据量合理，结果具有可信度。

4 数据价值

本数据集包含了达里湖 2019 年夏季表、中、底三层的环境因子及细菌群落多样性数据，可用于探究湖泊细菌群落垂向差异及其影响因子，为了解湖泊细菌群落垂向变化特征及其与环境因子的

关系提供数据基础，在生态环境监测、水资源管理、生物多样性研究、气候变化研究和环境修复等方面具有重要价值。通过对湖泊细菌数据的分析和研究，可以为湖泊保护和可持续发展提供科学依据。

数据作者分工职责

金宇琦（2000—），女，内蒙古自治区赤峰市人，硕士研究生，研究方向为湖泊水环境演变与修复。主要承担工作：数据论文的撰写及数据集的整理。

李文宝（1980—），男，河北省衡水市人，博士，教授，研究方向为湖泊水环境演变与修复。主要承担工作：总体方案设计与组织实施。

史玉娇（1998—），女，内蒙古自治区赤峰市人，博士研究生，研究方向为湖泊水环境演变与修复。主要承担工作：数据质量控制。

刘若馨（1999—），女，河南省南阳市人，硕士研究生，研究方向为湖泊水环境演变与修复。主要承担工作：数据审核。

徐秉贤（2000—），女，内蒙古自治区巴彦淖尔市人，硕士研究生，研究方向为湖泊水环境演变与修复。主要承担工作：数据审核。

参考文献

- [1] 孙丽丽, 张严, 黄丽, 等. 降雨对青山湖浮游细菌群落结构的影响[J]. 生态科学, 2024, 43(3): 104 – 113. DOI:10.14108/j.cnki.1008-8873.2024.03.013. [SUN L L, ZHANG Y, HUANG L, et al. Effects of rainfall on planktonic bacteria community structure in Qingshan Lake[J]. Ecological Science, 2024, 43(3): 104 – 113. DOI:10.14108/j.cnki.1008-8873.2024.03.013.]
- [2] KRAEMER S A, BARBOSA DA COSTA N, SHAPIRO B J, et al. A large-scale assessment of lakes reveals a pervasive signal of land use on bacterial communities[J]. The ISME Journal, 2020, 14(12): 3011 – 3023. DOI:10.1038/s41396-020-0733-0.
- [3] KONG Z Y, YE J, PEI K, et al. A synthetic bacterial community engineered from *Miscanthus floridulus* roots enhances ammonia nitrogen removal in ionic rare earth mine tailings[J]. Chemosphere, 2024, 367: 143650. DOI:10.1016/j.chemosphere.2024.143650.
- [4] GARCIA S L, SALKKA I, GROSSART H P, et al. Depth-discrete profiles of bacterial communities reveal pronounced spatio-temporal dynamics related to lake stratification[J]. Environmental Microbiology Reports, 2013, 5(4): 549 – 555. DOI:10.1111/1758-2229.12044.
- [5] PU H G, YUAN Y X, QIN L, et al. pH drives differences in bacterial community β -diversity in hydrologically connected lake sediments[J]. Microorganisms, 2023, 11(3): 676. DOI:10.3390/microorganisms11030676.
- [6] 黄祎, 王鹏, 高鹏飞, 等. 南昌城市湖泊浮游微生物群落构建机制及影响因素[J]. 环境科学学报, 2023, 43(8): 407 – 417. DOI:10.13671/j.hjkxxb.2023.0010. [HUANG Y, WANG P, GAO P F, et al. Mechanisms of planktonic microbial community assembly and influencing factors in Nanchang urban lakes[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2023, 43(8): 407 – 417. DOI:10.13671/j.hjkxxb.2023.0010.]

- [7] TANDON K, BAATAR B, CHIANG P W, et al. A large-scale survey of the bacterial communities in lakes of western Mongolia with varying salinity regimes[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(11): 1729. DOI:10.3390/microorganisms8111729.
- [8] 陈淼, 李勤奋. 2016—2021年海南文昌菜地土壤微生物数据集[J]. *中国科学数据*, 2023, 8(4): 102 - 111. DOI:10.11922/11-6035.csd.2023.0077.zh. [CHEN M, LI Q F. A dataset of soil microorganisms for vegetable fields in Wenchang City of Hainan from 2016 to 2021[J]. *China Scientific Data*, 2023, 8(4): 102 - 111. DOI:10.11922/11-6035.csd.2023.0077.zh.]
- [9] 芮俊鹏, 安家兴, 牛海山, 等. 内蒙古及青藏高原草地土壤生物数据集[J/OL]. *中国科学数据*, 2016, 1(3): 32 - 40. DOI: 10.11922/csdata.170.2015.0021. [RUI J P, AN J X, NIU H S, et al. The Inner Mongolia and Qinghai-Tibet grassland soil biota dataset[J/OL]. *China Scientific Data*, 2016, 1(3): 32 - 40. DOI: 10.11922/csdata.170.2015.0021.]
- [10] 张利平, 吕慧, 唐佳玲, 等. 淡水生态系统细菌群落多样性和结构研究进展[J]. *湖北农业科学*, 2024, 63(9): 73 - 77. DOI:10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2024.09.013. [ZHANG L P, LYU H, TANG J L, et al. Research progress on diversity and structure of bacterial communities in freshwater ecosystems[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2024, 63(9): 73 - 77. DOI:10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2024.09.013.]
- [11] 任丽娟, 何聘, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展[J]. *生物多样性*, 2013, 21(4): 422 - 433. DOI:10.3724/SP.J.1003.2013.12052. [REN L J, HE D, XING P, et al. Bacterial diversity and ecological function in lake water bodies[J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(4): 422 - 433. DOI:10.3724/SP.J.1003.2013.12052.]
- [12] 杜蕾, 李畅游, 李文宝, 等. 夏季达里诺尔湖浮游细菌群落表、底层结构特征及其关键驱动因子[J]. *生态科学*, 2021, 40(6): 13 - 20. DOI:10.14108/j.cnki.1008-8873.2021.06.002. [U L, LI C Y, LI W B, et al. Surface and bottom characteristics of bacterioplankton community in summer Dali-nor Lake and its key driving factors[J]. *Ecological Science*, 2021, 40(6): 13 - 20. DOI:10.14108/j.cnki.1008-8873.2021.06.002.]
- [13] 杜蕾, 李文宝, 杨旭, 等. 达里诺尔湖夏季水体浮游细菌群落垂直变化特征差异[J]. *地球科学*, 2020, 45(5): 1818 - 1829. [DU L, LI W B, YANG X, et al. Vertical changes of planktonic bacteria community and predictive functional analysis in summer Dali-nor Lake[J]. *Earth Science*, 2020, 45(5): 1818 - 1829.]
- [14] ZHOU L, WANG P F, HUANG S H, et al. Environmental filtering dominates bacterioplankton community assembly in a highly urbanized estuarine ecosystem[J]. *Environmental Research*, 2021, 196: 110934. DOI:10.1016/j.envres.2021.110934.
- [15] 史玉娇, 李文宝, 张博尧, 等. 河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2022, 43(3): 1424 - 1433. DOI:10.13227/j.hjlx.202107108. [SHI Y J, LI W B, ZHANG B Y, et al. Characteristics of bacterial community structure in wuliangsu lake during an irrigation interval in Hetao Plain[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(3): 1424 - 1433. DOI:10.13227/j.hjlx.202107108.]
- [16] MAGOČ T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957 - 2963. DOI:10.1093/bioinformatics/btr507.

论文引用格式

金字琦, 李文宝, 史玉娇, 等. 2019年夏季达里湖不同深度细菌群落多样性数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2025, 10(3). (2025-09-16). DOI: 10.11922/11-6035.csd.2024.0188.zh.

数据引用格式

金字琦, 李文宝, 史玉娇, 等. 2019年夏季达里湖不同深度细菌群落多样性数据集[DS/OL]. V3. Science Data Bank, 2025. (2025-09-12). DOI:10.57760/sciencedb.j00001.01161.

A dataset of bacterial community diversity at different depths in Lake Dali in summer 2019

JIN Yuqi¹, LI Wenbao^{*1,2}, SHI Yujiao¹, LIU Ruoxin¹, XU Bingxian¹

1. Key Laboratory of Water Resource Protection and Utilisation in Inner Mongolia Agricultural University, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010018, P.R. China

2. Collaborative Innovation Centre for Integrated Management of Water Resources and Water Environment in Inner Mongolia Section of the Yellow River Basin, Huhhot 010018, P.R. China

Abstract: As important components of regional ecosystems, lakes play a key role in regional climatic, hydrological cycles and ecological balance. The structure and composition of microbial communities directly affect the stability of ecosystems and the health of organisms, while also serving as key indicators of environmental pollution and the occurrence of diseases. Due to variations in physicochemical properties, water bodies at different depths often exhibit pronounced vertical differentiation in microbial community structure and function. Vertical distribution studies on bacterial communities in lakes on the Inner Mongolia Plateau, characterized by their unique geographical features, boasts both strong regional specificity and broad ecological significance. As a typical closed inland lake on the Inner Mongolia Plateau, Lake Dali provides an ideal natural laboratory for studying the structure of bacterial communities and its interactions with environmental factors, due to its unique geographical location and ecological environment. The dataset collect and collate information on the bacterial community composition of Dali Lake at different depths in summer 2019 (derived from high-throughput sequencing and subjected to rigorous quality control and evaluation), together with key environmental parameters of the lake water, including water temperature, dissolved oxygen, conductivity, acidity and alkalinity, total nitrogen, total phosphorus, etc. (measured through laboratory experimental analyses), By revealing the vertical distribution patterns of bacterial communities, exploring the mechanisms by which environmental factors shape community structure, and assessing the potential ecological functions of key bacterial taxa, the dataset contributes to a deeper understanding of microbially driven processes in Plateau lake ecosystems. Moreover, it provides important scientific basis and technical support for coping with climate change, controlling eutrophication, mitigating pollution, and advancing biotechnological applications. The open sharing of this dataset will also furnish a valuable data resource for researchers in related fields.

Keywords: Lake Dali; bacteria; community composition; diversity

Dataset profile

Title	A dataset of bacterial community diversity at different depths in Lake Dali in summer 2019
Data authors	JIN Yuqi, LI Wenbao, SHI Yujiao, LIU Ruoxin, XU Bingxian
Data corresponding author	LI Wenbao(tianshitd@126.com)
Time range	2019
Geographical scope	116°26'–116°45'E, 43°13'–43°23'N
Data Volume	4.98 MB
Data formate	*.zip
Data service system	https://doi.org/10.57760/sciencedb.j00001.01161
Source of funding	National Natural Science Foundation of China (52160021); Science and Technology Tackling Project of Inner Mongolia Autonomous Region (2020GG0009); “Young Scientific and Technological Talents Supporting Programme” of Higher Education Institutions in Inner Mongolia Autonomous Region (NJYT-20-A14); Natural Science Foundation of Inner Mongolia Autonomous Region (2021MS005043).
Dataset composition	The dataset consists of five data files: (1) “Network Structure Properties” contains the data of bacterial ecological network; (2) “Site data.xlsx” contains the data of sampling site locations and water depths; (3) “Environmental Factor Data.xlsx” contains the experimental data of surface, middle, and bottom water sample, and the methods of measurement; (4) “Sample Information.xlsx” contains sample statistics, valid sequence information, Operational Taxonomic Units (OTU) classification and Alpha diversity data; (5) “KEGG Functional Abundance Statistics.xlsx” contains the abundance data of functional categories such as enzyme, KEGG Orthology (KO), module, and pathways (level 1, 2 and 3).