

DOI: 10.5846/stxb202202280470

王钰祺, 任玉蓉, 廖安邦, 董倩, 刘茂松. 盐城滨海滩涂湿地典型植物群落土壤微生物组成与结构特征. 生态学报, 2023, 43(6): 2336-2347.

Wang Y Q, Ren Y R, Liao A B, Dong Q, Liu M S. Composition and structural characteristics of soil microbial communities in Yancheng typical coastal wetlands. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(6): 2336-2347.

盐城滨海滩涂湿地典型植物群落土壤微生物组成与结构特征

王钰祺, 任玉蓉, 廖安邦, 董倩, 刘茂松*

南京大学生命科学学院, 南京 210023

摘要: 土壤微生物是生态系统维持正常结构与功能的重要组成部分, 为探究盐城滩涂典型湿地土壤微生物群落结构特征, 以江苏盐城滩涂互花米草、藨草、盐地碱蓬、芦苇及淤泥质光滩 5 种典型群落为对象, 采用 16S rRNA 高通量测序技术分析 0—10 cm (表层)、10—30 cm (中层)、30—60 cm (深层) 土壤微生物多样性及群落结构。结果表明: (1) 几种植物群落间, 土壤微生物群落结构差异较大, 主要体现在细菌群落结构的差异性, 古菌群落结构差异相对较小。光滩与植物群落间, 在土壤细菌种类及相对丰度上差异相对较大, 互花米草群落与本土植物群落间, 在微生物群落的细菌种类组成上存在较大差异; 藨草群落土壤表层微生物群落结构与互花米草群落相似, 深层与盐地碱蓬、芦苇群落相似。(2) 同一群落不同层次土壤微生物群落结构相似, 差异小于不同群落间土壤微生物群落的结构差异性; 不同群落对应层次间, 表深层土壤中五种植物群落土壤微生物多样性存在显著差异, 中层土壤中五种植物群落微生物多样性差异不显著。总体上, 植物群落类型对土壤微生物群落结构的影响大于土壤深度; 与本土植物群落相比, 互花米草群落土壤主要优势门微生物种类差异较小, 但部分优势门微生物相对丰度显著改变, 微生物群落功能群也存在一定差异。

关键词: 滨海湿地; 土壤微生物; 高通量测序; 互花米草

Composition and structural characteristics of soil microbial communities in Yancheng typical coastal wetlands

WANG Yuqi, REN Yurong, LIAO Anbang, DONG Qian, LIU Maosong*

School of Life Science, Nanjing University, Nanjing 210023, China

Abstract: Soil microorganisms are important in maintaining the basic structure and function of ecosystems. To explore the characteristics of soil microbial community structures in Yancheng coastal wetlands, soil samples of mudflat and typical plant communities of *Spartina alterniflora*, *Scirpus triqueter*, *Suaeda salsa*, *Phragmites australis* were collected. In this study, 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used to investigate the diversity and structure of soil microbial communities at the depth of 0—10 cm (surface layer), 10—30 cm (middle layer), and 30—60 cm (deep layer). The results indicated that: (1) there existed some differences in soil microbial composition among plant communities, especially for the structures of bacterial community. The differences between mudflat and plant communities in soil bacterial species composition and relative abundance, and the differences in bacterial species composition between soils of *Spartina alterniflora* community and those of native species, were much more. (2) The microbial community structures of different soil depths in the same community were similar, with differences less than among different communities. The significant soil microbial diversity differences existed in the five communities in surface-layer and deep-layer, but not in the middle-layer.

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFC0506200)

收稿日期: 2022-02-28; **网络出版日期:** 2022-11-04

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: mslu@nju.edu.cn

Overall, plant species had greater effects on soil microbial community structure than soil depth. Compared with native plant communities, the species of soil microbial dominant phyla in *Spartina alterniflora* community had little difference, but the relative abundances of some dominant phyla changed significantly, with differences in the functional groups of microbial communities.

Key Words: coastal wetland; soil microorganism; high-throughput sequencing; *Spartina alterniflora*

土壤微生物是土壤中一切肉眼看不见或看不清楚的微小生物的总称,包括细菌、古菌、真菌、病毒、病原生物和显微藻类。作为生态系统的重要组成部分,土壤微生物在全球生态系统地球化学循环中发挥着重要的作用^[1]。土壤微生物对土壤微生态环境变化敏感,一定程度上能够反映土壤的结构与功能,是衡量土壤生态系统稳定性的重要指标之一^[2]。微生物群落结构、空间分布及生物多样性受土壤营养、水分、盐度和植被等自然因子^[3-4]及土地利用方式等人为因子的影响^[5-6]。植被类型影响微生物群落组成^[7],植被通过凋落物及根系分泌物直接影响微生物的生命活动^[8],同时植被对土壤环境产生影响间接改变土壤微生物群落结构和多样性^[9-10]。植被生长状况对微生物群落结构与多样性也有着显著影响,植物生长旺盛期,微生物代谢类群增多,群落功能多样性增加^[11]。

土壤微生物群落组成与结构特征的变化,也对群落生态过程与生态系统功能有显著影响。相关研究发现,互花米草(*Spartina alterniflora*)入侵闽江河口湿地后,土壤微生物量增加,但微生物群落多样性与蔗糖酶、过氧化氢酶等酶活性下降,红树林湿地土壤质量退化^[12]。在长江河口湿地,互花米草入侵增加了土壤含水率和微生物的量,导致 CH₄排放量显著增加^[13]。互花米草入侵对湿地碳氮磷循环过程也产生了重要影响^[14],互花米草入侵促进了苏北潮滩湿地土壤总氮、总磷及有机碳的累积^[15-16],改变了湿地生态系统的结构和功能。

盐城滩涂湿地是我国面积最大的淤泥质滨海滩涂湿地,是东亚-澳大利西亚候鸟迁徙路线上鸟类的重要停歇地、越冬地。滩涂湿地植被沿高程总体呈现带状分布,原生植被主要为芦苇(*Phragmites australis*)群落、盐地碱蓬(*Suaeda salsa*)群落、藨草(*Scirpus triquetra*)群落等,蕴含着丰富的生物资源,具有重要的生态服务价值^[17]。但近年来,互花米草群落已逐渐成为江苏滨海滩涂湿地的优势植物群落,其对土壤微生物的组成与结构特征也有显著影响^[18-19]。研究不同群落土壤微生物的组成与结构特征,特别是互花米草等外来入侵植物群落与本土植物群落土壤微生物组成特征的差异性,对评估互花米草入侵的生态效应、修复与保护滩涂湿地生态系统及其生态功能等有重要意义。

基于显微镜技术、无菌操作技术和纯培养技术传统的微生物研究方法,存在依赖于培养方法的局限性,只能达到一般性的描述微生物表型特征的水平。目前土壤微生物群落结构和多样性常用的四种分析方法是生物标志物法、脂肪酸甲基脂分析法、核酸测定法及碳素利用法^[20]。其中,16S rRNA 扩增子测序技术不依赖于纯培养,直接对土壤环境内微生物的研究分析,已成为研究环境样本中微生物群落组成结构的重要手段^[21]。

本文应用 16S rRNA 扩增子测序技术,对盐城滨海滩涂五种典型群落土壤的细菌、古菌群落组成与结构特征进行了研究,以期探究土壤微生物组成特征与植被类型、土壤层次等的对应关系,比较不同植物群落的土壤微生物群落物种组成与结构的差异性,分析互花米草生态入侵对湿地土壤微生物群落组成与结构特征的影响。

1 材料与方法

1.1 研究地概况

研究区域为江苏盐城湿地珍禽国家级自然保护区(119°53'—121°18'E, 32°48'—34°29'N)核心区。保护区地处北亚热带与暖温带的过渡地带,季风气候显著,年平均气温介于 13.7—14.8℃,年降水量 900—

1100 mm,滩涂湿地面积 $45.33 \times 10^4 \text{ hm}^2$, 是典型的潮滩湿地生态系统。

研究地由海向陆依次分布有淤泥质光滩、互花米草群落、藯草群落、盐地碱蓬群落、芦苇群落(图 1), 区域内人类活动干扰小, 生态序列完整, 具有典型性与代表性。

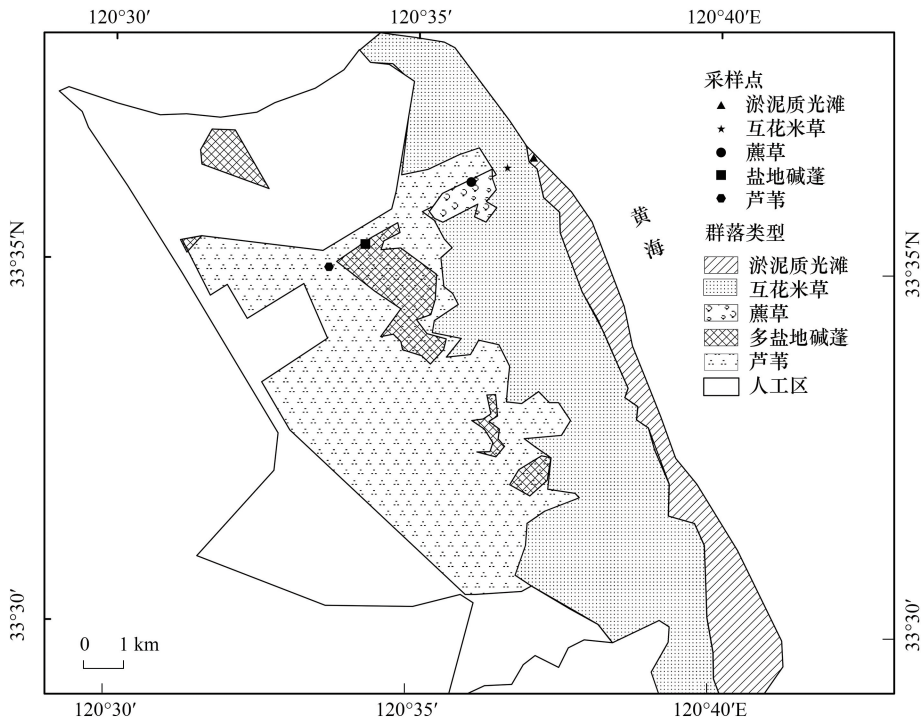


图 1 研究区域采样点示意图
Fig.1 Diagram of sampling points in the study area

1.2 样品采集

2020 年 8 月,在盐城保护区核心区的淤泥质光滩(MF)、互花米草群落(SA)、藯草群落(ST)、盐地碱蓬群落(SS)、芦苇群落(PA)的典型地段分别设置采样点,每个样点设 1 m×1 m 的样方 4 个,调查样地植物群落特征(表 1);完成地上调查后,在每个样方内用混合采样法分别采集 0—10 cm(表层)、10—30 cm(中层)、30—60 cm(深层)的土样,保存于装有干冰的保温箱中,用于土壤微生物群落分析。同时采集 0—10 cm 常规土壤样品,环刀法测定土壤容重,烘干法测定土壤含水量,土壤盐度用 DDS-307 电导率仪测定电导率(土水比 1:5),按照公式换算为土壤盐度^[22],采用重铬酸钾容量法-外加热法测定土壤总有机碳,流动分析仪测定土壤总氮,碱熔-钼锑抗分光光度法测定土壤总磷。

表 1 采样点基本信息
Table 1 Basic information of the sampling points

样地类型 Sample types	植物特征 Plant characteristics			土壤理化性质 Physical and chemical properties of soil					
	地上生物量/ (g/m ²)	平均株 高/m	盖度/%	容重/ (g/m ³)	含水量/%	盐度/‰	总有机碳/ (g/kg)	总氮/ (g/kg)	总磷/ (g/kg)
MF	—	—	—	1.37±0.10a	30.20±2.22c	4.40±0.50b	1.73±0.19d	0.28±0.05d	0.69±0.05a
SA	1280.81±15.80	1.75±0.11	100	1.43±0.09a	31.52±0.57b	2.04±0.21c	7.11±0.63a	0.52±0.06b	0.69±0.01a
ST	34.16±6.60	0.67±0.06	30	1.27±0.04a	36.70±1.23a	3.91±0.86b	5.34±0.94b	0.66±0.04a	0.63±0.05ab
SS	215.30±12.90	0.32±0.03	40	1.36±0.04a	27.36±1.98c	8.02±1.66a	3.49±0.50c	0.28±0.07c	0.60±0.02b
PA	754.04±24.48	1.05±0.31	100	1.32±0.12a	38.33±3.69d	2.30±0.87c	5.49±0.75b	0.33±0.06c	0.57±0.02c

MF: 淤泥质光滩 Mudflat; SA: 互花米草群落 *Spartina alterniflora*; ST: 藯草群落 *Scirpus triquetus*; SS: 盐地碱蓬群落 *Suaeda salsa*; PA: 芦苇群落 *Phragmites australis*; 不同小写字母表示同一列不同群落间土壤理化性质差异显著 ($P < 0.05$)

1.3 土壤微生物测序

本文采用 16S rRNA 扩增子测序技术对土壤样本进行分析。使用试剂盒 (Magnetic Soil And Stool DNA Kit) 提取土壤样本基因组 DNA, 利用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度, 取适量的样本 DNA 于离心管中, 使用无菌水稀释样本至 $1 \text{ ng}/\mu\text{L}$ 。以稀释后的基因组 DNA 为模板, 利用使用带 Barcode 的特异引物 341F (CCTAYGGGRBGCASCAG) 和 806R (GGACTACNNGGTATCTAAT) 对 16S rRNA 基因的 V3—V4 区进行 PCR 扩增。根据 PCR 产物浓度进行等量混样, 充分混匀后使用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 对目的条带使用 QIAGEN 公司提供的胶回收试剂盒回收产物。使用 TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 和 qPCR 定量, 文库合格后, 使用 NovaSeq6000 进行上机测序。

对测序得到样本数据的 Reads 进行拼接得到原始数据, 经 Tags 过滤、去除嵌合体序列后, 得到有效数据。对所有样本的有效数据进行 OTUs 聚类 and 物种分类分析, 测序及物种注释工作委托诺禾致源生物科技有限公司完成。

1.4 数据处理与分析

均匀度 (Shannon)、Simpson 多样性指数是估算样品中微生物多样性的指数, 群落多样性越高, 物种分布越均匀, 指数值越大。OTU 数目指数 (ACE、Chao1) 在生态学中被用来估算物种总数, 可以评估样品中微生物群落的丰富度。系统发育多样性指数 (PD whole tree) 指数反映群落内物种的亲缘关系, 指数越大说明物种对进化历史保存的差异越大。

使用 Qiime 1.9.1 计算物种数目 (Observed species)、Chao1、Shannon、Simpson、ACE、PD whole tree 指数, 测序深度指数 (Goods coverage), 利用 SPSS 20.0 进行单因素方差分析, 利用 Python 语言根据 FAPROTAX 数据库进行微生物群落功能预测, 利用 R 语言完成 OTU 主坐标分析 (PCoA)、主成分分析 (PCA), 利用 Origin 2019 完成作图。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物群落组成特征

对五种湿地土壤进行高通量测序, 平均每个样品测得 91197 条 tags, 经过质控平均得到 83488 条有效数据, 质控有效数据量达 64734 条, 质控有效率达 71.29%。以 97% 的一致性将序列聚类成为 OTUs, 共得到 22305 个 OTUs, 然后对 OTUs 序列进行物种注释。各样本的文库覆盖率均在 0.978 以上, 测序结果能够很好地反映土壤中微生物群落的真实情况。

分析盐城滩涂湿地土壤微生物 OTUs 分布情况 (图 2、图 3) 发现, 淤泥质光滩和藎草群落土壤深层特有微生物种数量最多; 芦苇群落三个层次中土壤表层特有微生物种数量最多, 深层最少; 互花米草和盐地碱蓬群落表现为土壤表层特有微生物种数量最多, 中层特有微生物的种类数量最少。五种类型群落总体而言土壤 OTUs 数量表现为淤泥质光滩特有 OTUs 种类最多, 表层土壤中藎草群落特有 OTUs 数量最少, 盐地碱蓬群落次之, 中层土壤盐地碱蓬群落特有 OTUs 数量最少, 深层土壤中芦苇群落特有 OTUs 数量最少, 盐地碱蓬群落次之, 在土壤 3 个层次中, 盐地碱蓬特有 OTUs 种类数量均处于较低水平。

在界水平上, 古菌相对丰度变化范围为 1.20%—7.68% (图 4)。互花米草群落古菌相对丰度表现为深层土壤最高 (3.65%)、中层土壤最低 (2.57%), 其余群落表现为中层土壤古菌相对丰度最高, 各层次古菌相对丰度差异不显著。盐城滨海湿地中古菌相对丰度表现为盐地碱蓬群落 > 芦苇群落 > 互花米草群落 > 藎草群落 > 淤泥质光滩, 盐地碱蓬群落中古菌比例显著高于其他群落。

不同群落土壤微生物在门分类水平上相对丰度排名前十的物种种类基本一致 (图 4), 优势细菌门主要有变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 等, 优势古菌门主要包括泉古菌门 (Crenarchaeota) 和纳古菌门 (Nanoarchaeota)。变形菌门的相对丰度最高 (23%—41%), 在互花米草群落中变形菌门相对丰度显著高于其他类型群落。古菌中的泉古菌门和纳古菌门相对丰

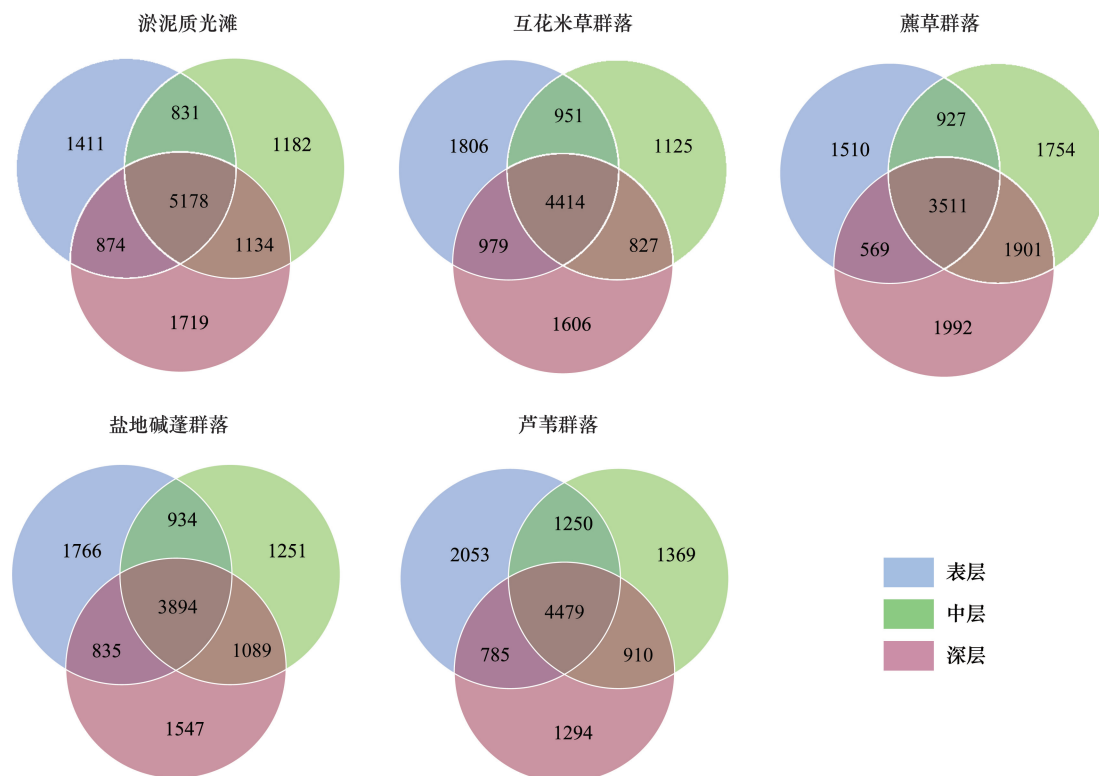


图 2 不同土壤层次微生物 OTUs 分布

Fig.2 The distribution of microbial OTUs in different soil layers

MF: 淤泥质光滩 Mudflat; SA: 互花米草群落 *Spartina alterniflora*; ST: 藎草群落 *Scirpus triquetus*; SS: 盐地碱蓬群落 *Suaeda salsa*; PA: 芦苇群落 *Phragmites australis*

度高,且在盐地碱蓬群落中的相对丰度显著高于其他类型群落。弯曲杆菌(*Campilobacterota*)、拟杆菌门、脱硫菌门(*Desulfobacterota*) 在淤泥质光滩相对丰度最高,酸杆菌门、绿弯菌门在盐地碱蓬群落相对丰度最高,在互花米草和淤泥质光滩的相对丰度显著低于其他群落,MBNT15 在藎草群落相对丰度最高。

基于 FAPROTAX 功能预测结果(图 5)发现,无氧光自养含硫氧化、暗硫化氧化、硝化作用、好氧氨氧化、硝酸盐还原等作用主要集中于互花米草群落;氮呼吸、硝酸盐呼吸、硫化物呼吸、硫酸盐呼吸等作用主要集中于芦苇群落;亚硫酸盐呼吸作用主要集中于淤泥质光滩;光养、光能自养、光合异养等作用主要集中于盐地碱蓬群落;碳氢化合物降解、芳香族化合物降解、尿素分解、芳烃降解、发酵作用等主要集中于藎草群落。在 PCA 分析中,淤泥质光滩和互花米草群落距离更为接近,微生物群落功能相似,本土植被藎草、盐地碱蓬、芦苇群落的微生物群落功能相似。

2.2 土壤微生物群落多样性分析

基于测序结果,分别计算不同群落土壤微生物多样性指数(表 2)。由 Shannon、Simpson 指数可以看出表层土壤中芦苇、互花米草群落的微生物多样性显著高于其他类型群落;中层土壤各群落微生物多样性差异不显著;深层土壤中,互花米草群落微生物多样性最低。淤泥质光滩、藎草以及盐地碱蓬群落土壤深层微生物多样性显著高于表层微生物多样性,而互花米草及芦苇群落土壤微生物多样性表现为表层最高。

淤泥质光滩、盐地碱蓬群落微生物丰富度表现为深层>表层>中层,互花米草及芦苇群落表现为表层土壤微生物丰富度最高,除藎草群落土壤深层微生物丰富度显著高于表层外,其余群落不同层次土壤微生物丰富度差异不显著。表层土壤中微生物丰富度表现为芦苇>淤泥质光滩>互花米草>盐地碱蓬>藎草;中层土壤中淤泥质光滩>芦苇>藎草>互花米草>盐地碱蓬,各类型群落间差异不显著;深层土壤中淤泥质光滩>藎草>互

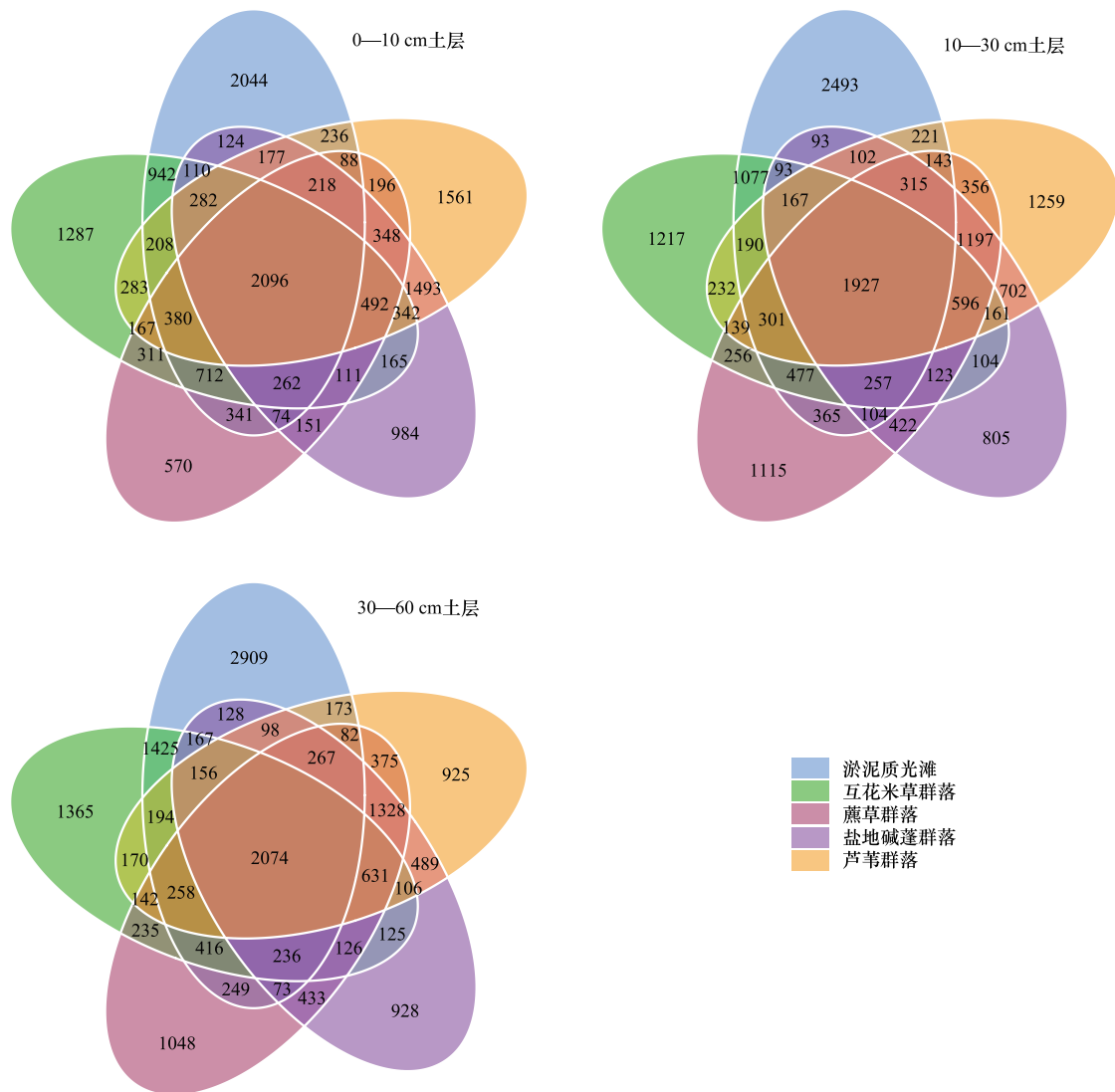


图3 不同群落微生物 OTUs 分布

Fig.3 The distribution of microbial OTUs in different communities

花米草>芦苇>盐地碱蓬,淤泥质光滩与藎草群落差异性不显著,显著高于其他类型群落。

PD whole tree 指数表现为淤泥质光滩、藎草群落深层显著高于表层,其余群落不同层次间差异不显著。表层土壤中芦苇群落 PD whole tree 指数最大,藎草最低;中层土壤各类群落差异不显著;深层土壤中淤泥质光滩该指数显著大于其他群落。

综上,淤泥质光滩、藎草、盐地碱蓬群落深层多样性最高,互花米草、芦苇群落表层多样性最高。土壤表层芦苇群落多样性最高,淤泥质光滩、互花米草群落其次,中层及深层土壤中淤泥质光滩多样性最高。五种群落中,互花米草群落土壤微生物多样性指数在三个层次间差异不显著,其余群落土壤微生物多样性指数在表深层间存在显著差异。

2.3 土壤微生物群落组成特征的主坐标分析

为了更直观的显示不同群落中土壤微生物的相似性及差异性,基于 Unweighted Unifrac、Weighted Unifrac 距离对土壤微生物群落、细菌群落、古菌群落进行 PCoA 分析(图 6)。Unweighted Unifrac 基于物种之间的进化关系,只考虑序列是否在群落中出现进行距离矩阵的计算,而 Weighted Unifrac 将序列的丰度纳入考虑,能够区分物种丰度的差别,PCoA 分析图中样本点距离越接近,微生物群落结构越相似。

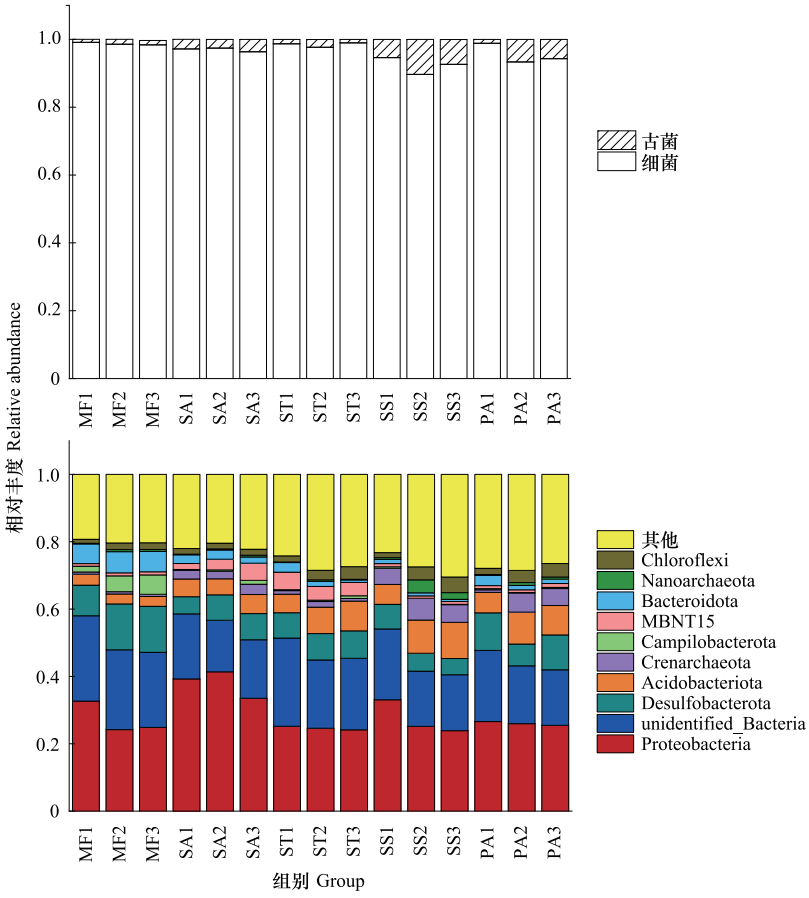


图 4 土壤细菌及古菌组成及门水平物种组成

Fig.4 Composition of soil bacteria and archaea and phylum level species composition

组别中 1;0—10 cm 土层;2;10—30 cm 土层;3;30—60 cm 土层

表 2 土壤微生物多样性指数

Table 2 Diversity Indexes of soil microorganisms

组别 Group	物种数目 Observed species	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	PD whole tree 指数 PD whole tree index	测序深度 Goods coverage
表层 Surface layer	MF1	4523Aa	9.588BCb	0.992Bb	5180.496Aa	5309.926ABa	314.216ABb
	SA1	4347ABa	9.965ABa	0.996Aa	5134.69ABa	5290.54ABa	309.325ABa
	ST1	3380Bb	9.162Cb	0.993Ba	3884.666Cb	4003.661Cb	255.94Cb
	SS1	3860Ba	9.393Ca	0.992Bb	4406.524BCa	4535.826BCa	287.065BCa
中层 Middle layer	PA1	4649Aa	10.2Aa	0.997Aa	5307.777Aa	5422.237Aa	334.404Aa
	MF2	4452Aa	9.648Aab	0.993Aab	5068.503Aa	5189.714Aa	316.983Aab
	SA2	3730Aa	8.911Aa	0.981Aa	4309.529Aa	4444.865Aa	284.181Aa
	ST2	3895Aab	9.549Aab	0.994Aa	4465.734Aab	4591.2Aab	291.193Aab
深层 Deep layer	SS2	3721Aa	9.346Aa	0.994Aab	4245.186Aa	4392.509Aa	279.616Aa
	PA2	4145Aa	9.619Aab	0.994Ab	4753.864Aa	4887.325Aa	316.717Aa
	MF3	4718Aa	9.875Aa	0.994Aa	5287.162Aa	5429.106Aa	346.786Aa
	SA3	4047Ba	9.414Ba	0.992Ba	4667.271Ba	4808.736Ba	297.972Ba
	ST3	4312ABa	9.863Aa	0.996Aa	4954.993ABa	5071.314ABa	301.047Ba
	SS3	3962Ba	9.485Ba	0.995Aa	4562.006Ba	4723.71Ba	298.526Ba
	PA3	4001Ba	9.562ABb	0.994Ab	4594.606Ba	4724.803Ba	300.528Ba

组别中 1;0—10 cm 土层;2;10—30 cm 土层;3;30—60 cm 土层;同列中不同大写字母表示同一层次不同植物群落间差异显著 ($P<0.05$), 不同小写字母表示同一群落不同层次间差异显著 ($P<0.05$)

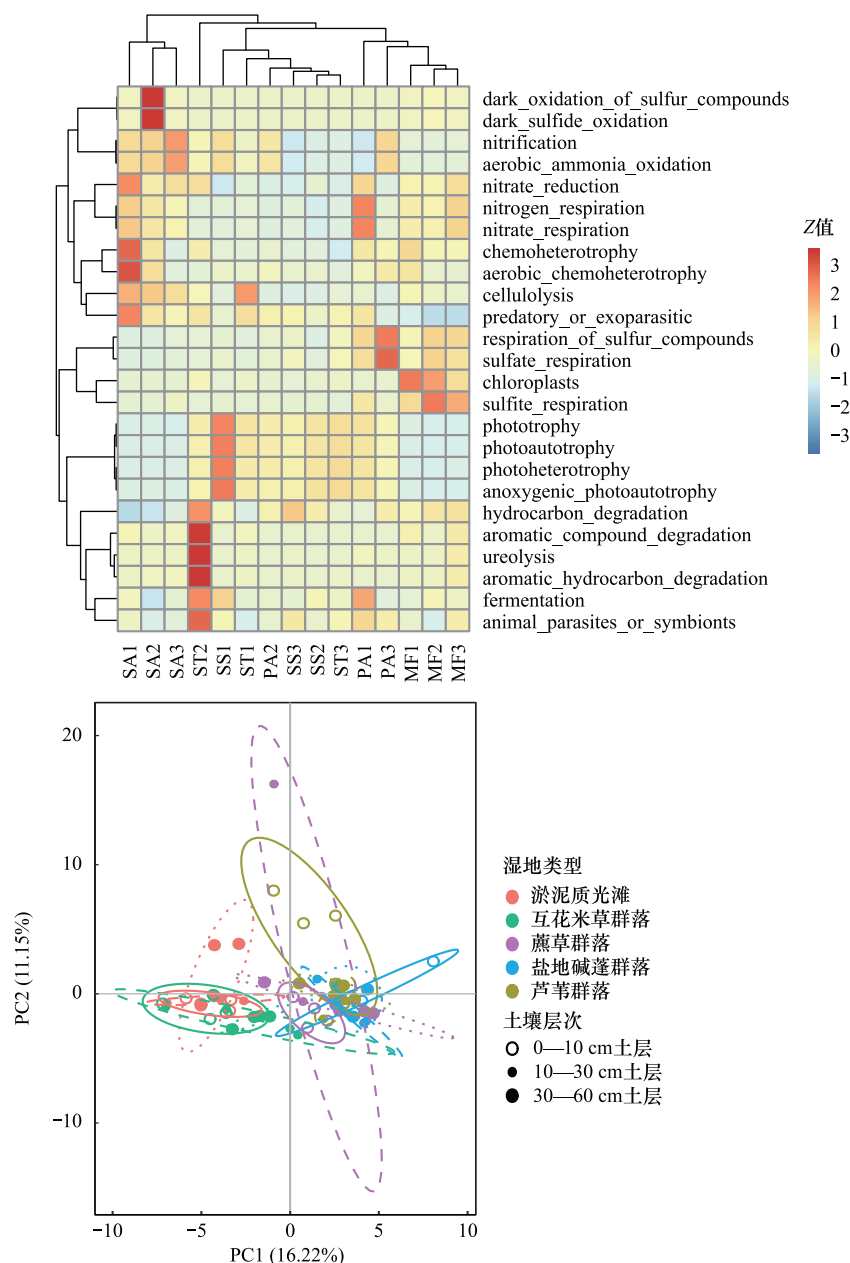


图5 FAPROTAX 功能预测热图及不同群落功能多样性的主成分分析

Fig.5 Functional prediction of FAPROTAX and PCA analysis of the functional diversity in different communities

根据 Unweighted Unifrac 分析结果(图 6), 总体来看, 盐地碱蓬与芦苇群落的土壤微生物群落结构相似, 二者占据 PCoA 右下角, 与光滩、互花米草群落相隔一定距离呈现三角状分布, 土壤微生物群落结构差异较大, 这四种群落土壤三个层次的样本点距离接近, 微生物群落结构相似。而藨草群落土壤表层样本点与互花米草群落距离接近, 深层样本点与盐地碱蓬及芦苇群落距离接近, 中层样本点贯穿表深层。在土壤微生物中占比大的土壤细菌分布情况与总体情况相似, 各群落古菌群距离相对接近, 群落间古菌群落结构相近。

根据 Weighted Unifrac 分析结果(图 6), 总体而言表现为光滩土壤微生物群落结构与其他四种群落土壤微生物群落的差异性大。对群落土壤细菌的分析中, 光滩独自占据一点, 与其他群落土壤细菌结构存在一定差异, 本土植被藨草、盐地碱蓬、芦苇群落各样点聚为一群, 互花米草群落样本点靠近本土植物群落群, 与本土植物群落土壤细菌群落结构相似。土壤古菌群表现为所有群落距离均接近, 差异较小。

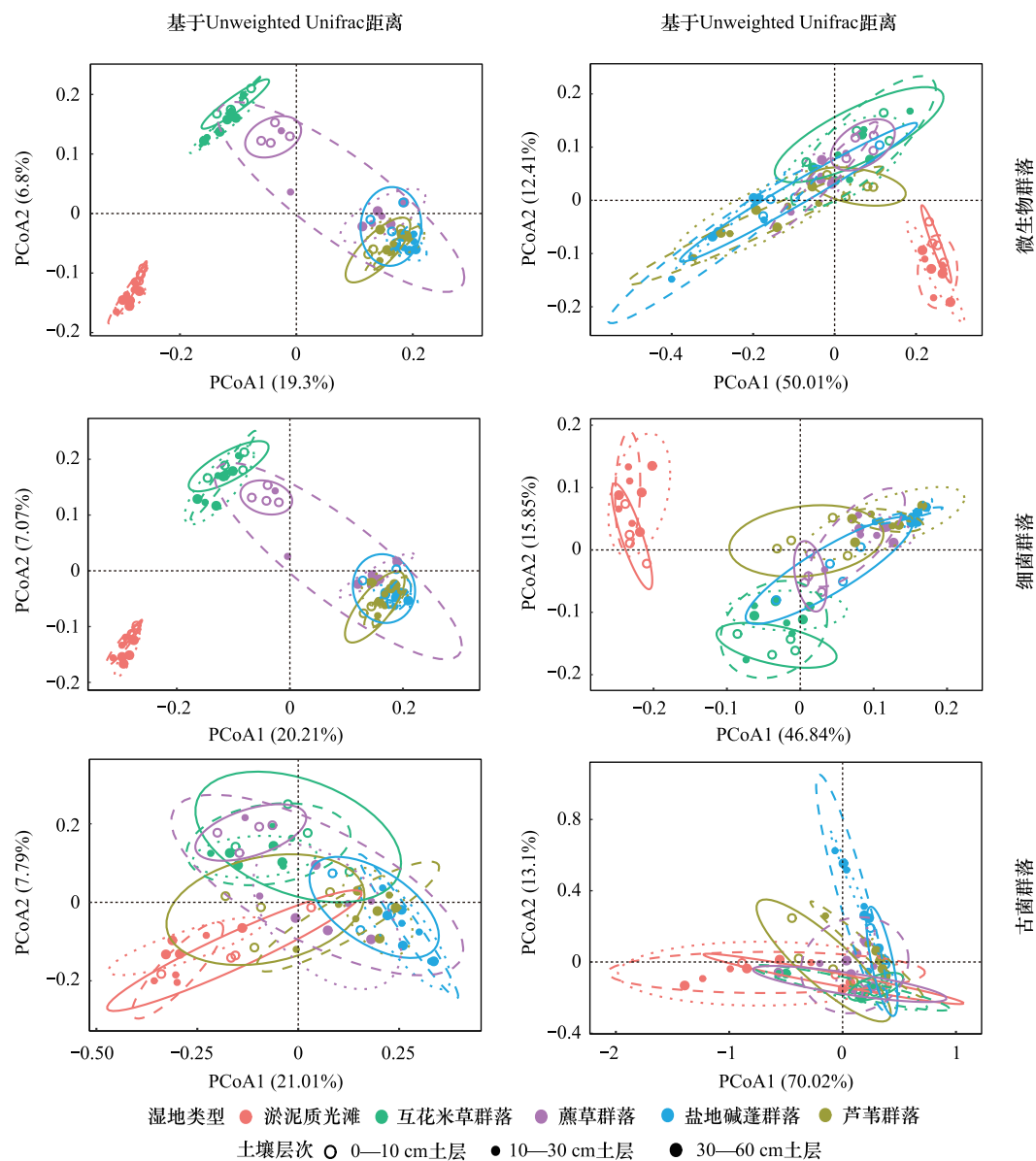


图6 不同群落不同层次土壤微生物 OTU 水平的主坐标分析

Fig.6 PCoA analysis (OTU level) of soil microorganisms at different levels of different communities

综上,Unweighted Unifrac 分析结果与 Weighted Unifrac 分析结果中,光滩与4种植物群落的细菌群落结构均存在差异,植被覆盖与否是土壤微生物群落结构产生差异性主要驱动力之一,与细菌特有种的出现有关,同时影响了细菌群落优势种的相对丰度,而四种植物群落细菌群落结构的差异主要在不考虑物种丰度的分析结果中体现,植被种类的不同主要作用于细菌特有种的出现,从而导致群落土壤细菌群落结构的差异,对微生物群落优势种相对丰度的影响较小。

3 讨论

3.1 不同植物群落土壤微生物群落结构及多样性的差异

在一定空间尺度的相似环境条件下,不同植被覆盖类型初步决定了微生物群落的组成^[23]。植被凋落物及其根系分泌物的特性不同,对土壤微生物的作用不同^[24-25],土壤微生物群落组成及结构存在差异。在黄河三角洲滨海湿地的研究发现,裸地、芦苇、柽柳和碱蓬等不同植被覆盖区域下土壤微生物丰度及多样性存在差

异^[4]。李秋霞等^[26]在盐城大丰滨海滩涂的研究发现各湿地细菌群落微生物多样性指数表现为芦苇湿地>盐地碱蓬湿地>互花米草湿地>原始光滩地。

本研究结果发现光滩与植物群落土壤微生物群落结构差异较大,主要体现在土壤细菌种类及丰度的差异。不同类型植物群落土壤古菌群落结构相似,在相对丰度上存在差异,互花米草作为外来物种,与本土植被盐地碱蓬、芦苇的土壤微生物群落结构存在差异,主要体现在细菌种类的不同。此外,藨草群落土壤表层微生物群落结构与互花米草群落相似,深层与盐地碱蓬、芦苇群落相似。藨草作为本土植被,原有土壤环境及微生物群落与盐地碱蓬、芦苇群落相似,互花米草入侵后,藨草斑块四周湿地被互花米草覆盖,群落表层土壤环境与互花米草土壤环境类似,二者土壤微生物群落结构相似。

基于上述结果,淤泥质光滩与植物群落土壤微生物群落差异显著,差异大于不同植物群落间土壤微生物群落组成结构的差异;只考虑物种有无时,互花米草群落土壤微生物群落在组成特征上,虽与藨草群落的表层土壤微生物群落相近,但与淤泥质光滩、盐地碱蓬与芦苇群落显著不同,形成彼此间差异最大的三个类群,表明互花米草群落显著改变了土壤微生物群落物种组成与结构,可能对群落生态功能、底栖生物多样性等产生影响,有必要对互花米草入侵对群落功能、代谢等的影响及其作用机制等进一步研究。

3.2 不同土壤层次土壤微生物结构及多样性特征

相关研究发现,土壤微生物群落多样性还会受到土壤深度的影响。左平等^[27]在盐城国家级自然保护区核心区对土壤微生物功能多样性的研究发现芦苇滩和互花米草滩微生物的活性和多样性最高,其次为青蛤滩和泥螺滩,碱蓬滩的数值最低,并且发现亚表层土壤中微生物活性高于表层土壤。有研究发现微生物活性与土壤层含水量正相关^[28],左平等认为微生物的多样性和活性显著正相关,表层土壤在退潮后遭曝晒,土壤水分降低,植被稀疏的碱蓬滩受到曝晒的影响更为明显,从而导致了微生物群落活性和多样性的差异^[27]。刘芳等的研究发现,土壤细菌和古菌结构呈现出规律的层状分布,细菌和古菌群落的种类和多样性都存在着较大的差异,不同层次土壤在氧气供给、土壤理化性质及植物根系作用等方面差异显著,导致了微生物群落结构的差异性^[29]。

本研究中淤泥质光滩、藨草及盐地碱蓬群落表现为土壤深层微生物群落多样性最高,而互花米草及芦苇群落的土壤表层微生物群落多样性最高,互花米草群落土壤三个层次间微生物群落多样性差异不显著,其余群落土壤表深层部分微生物群落多样性指数存在显著差异。同一植物群落的不同土壤层次间,微生物群落差异相对较小,三个层次土壤的优势种群种类没有发生显著变化。一般地,优势微生物分布广泛,扩散能力强^[30],不同层次土壤距离接近,扩散限制低,有利于优势菌群在垂直剖面上形成相似性,而根系条件及动物扰动等不同,层次间存在一定环境异质性,维持了层次间不同的土壤微生物群落组成及多样性。刘芳等^[29]的研究中土壤深度达到 285 cm,与本研究相比,不同层次土壤异质性更显著,土壤微生物群落结构呈现层状分布规律。

综合比较发现,不同土壤深度下微生物群落结构和多样性的差异小于植被类型不同导致的土壤微生物群落结构和多样性的差异。不同群落水文条件及植物根系生物量的分布特征应是影响不同植物群落对应的土壤生物群落组成与结构特征差异的重要原因。植被对土壤微生物结构具有主动选择性,通过根际活动及凋落物输入等改变土壤环境,影响微生物类群丰度或多样性,部分不利于植物生长的微生物种类减少甚至消失,形成有利于自身生长的微生物群落结构,导致不同植物群落土壤微生物群落组成结构与多样性产生差异,可能导致微生物群落功能产生差异。这对于揭示互花米草生物多样性效应,提高对本土底栖生物多样性支持及生境修复等,提供一定参考。

3.3 互花米草群落对土壤微生物群落组成与结构特征的影响

有研究发现,互花米草入侵后的土壤,其 pH、氮、磷含量等因素与微生物群落结构相关的性质与本土植被存在差异^[31-32],互花米草群落地上部分密度大,根系发达,对土壤微生物群落结构有着显著影响^[33],Lin 等在鳊鱼滩湿地的研究发现,与本土植被芦苇和秋茄相比,互花米草对湿地细菌群落结构的影响更大^[34]。九段沙

湿地中互花米草群落土壤酸杆菌门相对丰度显著高于海三棱藨草群落,绿弯菌门相对丰度显著降低^[35]。郑洁等^[12]在闽江河口湿地的研究发现,与被入侵的红树林土壤相比,互花米草群落土壤中革兰氏阳性细菌、真菌含量显著提高,革兰氏阴性细菌、放线菌含量降低。

本研究中,互花米草群落土壤微生物群落古菌比例显著低于盐地碱蓬群落,与其余群落差异不显著;在门水平上互花米草群落与其余群落优势门种类一致,部分优势门微生物的相对丰度存在差异,其中变形菌门相对丰度显著高于其他群落,酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度显著低于本土植物群落,高于淤泥质光滩。互花米草群落土壤微生物群落在结构组成上与藨草群落表层土壤微生物群落相似,与淤泥质光滩土壤微生物群落结构差异较大,但在功能类群上,互花米草群落与淤泥质光滩微生物群落功能更相似,而三种本土植物群落在土壤微生物群落功能上更相似。总体上,互花米草的生态入侵对土壤主要优势门微生物种类影响较小,但部分优势门微生物相对丰度显著改变,在功能群上与本土植被存在较大差异。

研究地土壤微生物群落结构特征与植物群落空间分布序列呈现对应关系,显示土壤微生物与地上植被联系紧密。一般地,植物分泌物、根际活动以及水文条件的不同,其土壤条件存在显著差异,应是导致植物群落间土壤微生物群落物种组成与结构差异的重要原因。本研究中,不同群落土壤理化性质存在显著差异,其中互花米草群落地上生物量大,根系发达,土壤有机碳含量显著高于其余群落,总氮含量仅低于藨草群落,总磷含量与淤泥质光滩、藨草群落相对一致,显著高于盐地碱蓬和芦苇群落(表1),与群落土壤微生物组成与结构特征具一定的对应性。

有研究认为互花米草能够影响土壤碳、氮、磷等的循环,改变部分有利于自身生长的微生物类群含量,迅速扩张实现入侵^[12],但土壤微生物是否促进互花米草入侵,仍需进一步研究;而基于土壤微生物功能特征类群的生物多样性分析,对理解不同群落生态功能特征,特别是互花米草入侵的生态功能效应,研发互花米草群落的生态修复技术等,可提供必要的理论参考,如土壤生态功能修复的土壤微生物途径的探索等。

4 结论

本文以盐城滩涂五种典型类型湿地为研究对象,通过 16S rRNA 扩增子测序技术测定 0—10 cm、10—30 cm、30—60 cm 深度土壤微生物群落的组成与结构特征,对不同群落土壤微生物多样性的差异性进行了研究,主要研究结果有:

(1) 植被类型影响土壤微生物群落结构及多样性。植物群落土壤微生物群落结构存在差异,主要体现在细菌群落的不同,土壤古菌群落结构差异较小。有无植被覆盖间土壤微生物群落结构差异较大,光滩与植被覆盖湿地土壤细菌种类及相对丰度上均存在差异。表层土壤中芦苇群落微生物多样性最高,中层土壤中五种群落差异不显著,深层土壤中淤泥质光滩微生物多样性最高。

(2) 土壤层次对土壤微生物群落结构及多样性影响较小。同一群落,不同层次土壤微生物群落结构相似,淤泥质光滩、藨草及盐地碱蓬群落土壤深层微生物群落多样性最高,而互花米草及芦苇群落土壤表层的微生物群落多样性最高。土壤层次对土壤微生物群落结构及多样性影响小于不同植物群落类型的影响。

(3) 互花米草入侵影响土壤微生物群落结构,土壤主要优势门微生物种类未改变,部分优势门微生物相对丰度显著改变,变形菌门相对丰度显著高于其他群落,酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度显著低于本土植物群落,高于淤泥质光滩。互花米草作为外来物种,土壤微生物群落结构与淤泥质光滩、盐地碱蓬和芦苇群落有显著差异,在功能类群上,与本土植物群落微生物群落也存在差异。

参考文献(References):

- [1] 刘银银,李峰,孙庆业,谢永宏. 湿地生态系统土壤微生物研究进展. 应用与环境生物学报, 2013, 19(3): 547-552.
- [2] 刘占锋,傅伯杰,刘国华,朱永官. 土壤质量与土壤质量指标及其评价. 生态学报, 2006, 26(3): 901-913.
- [3] 邵颖,刘长海. 土壤微生物与植被、温度及水分关系的研究进展. 延安大学学报: 自然科学版, 2017, 36(4): 43-48.
- [4] Li J Y, Chen Q F, Li Q, Zhao C S, Feng Y. Influence of plants and environmental variables on the diversity of soil microbial communities in the

- Yellow River Delta Wetland, China. Chemosphere, 2021, 274: 129967.
- [5] 张杰, 胡维, 刘以珍, 葛刚, 吴兰. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性. 生态学报, 2015, 35(4): 965-971.
- [6] 纪立东, 郭鑫年, 孙权, 王锐. 宁夏引黄灌区不同土地利用方式土壤微生物群落多样性研究. 生态环境学报, 2020, 29(3): 516-524.
- [7] Liang Y M, Pan F J, He X Y, Chen X B, Su Y R. Effect of vegetation types on soil arbuscular mycorrhizal fungi and nitrogen-fixing bacterial communities in a Karst region. Environmental Science and Pollution Research International, 2016, 23(18): 18482-18491.
- [8] Attiwill P M, Adams M A. Nutrient cycling in forests. New Phytologist, 1993, 124(4): 561-582.
- [9] Yang D W, Zhang M K. Effects of land-use conversion from paddy field to orchard farm on soil microbial genetic diversity and community structure. European Journal of Soil Biology, 2014, 64: 30-39.
- [10] 杨官品, 男兰, 贾海波, 朱艳红, 刘英杰, 张凯. 土壤细菌遗传多样性及其与植被类型相关性研究. 遗传学报, 2000, 27(3): 278-282.
- [11] 周虹霞, 刘金娥, 钦佩. 外来种互花米草对盐沼土壤微生物多样性的影响——以江苏滨海为例. 生态学报, 2005, 25(9): 2304-2311.
- [12] 郑洁, 刘金福, 吴则焰, 洪伟, 何中声, 蓝亦琦, 刘思迪. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应. 生态学报, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [13] 布乃顺, 杨晓, 郭昊, 杨亚利, 赵忆惠, 马放, 李博, 方长明, 闫卓君. 互花米草入侵对长江河口湿地 CH_4 排放的影响. 中国环境科学, 2018, 38(10): 3949-3958.
- [14] 解雪峰, 孙晓敏, 吴涛, 蒋国俊, 濮励杰, 项琦. 互花米草入侵对滨海湿地生态系统的影响研究进展. 应用生态学报, 2020, 31(6): 2119-2128.
- [15] 高建华, 杨桂山, 欧维新. 互花米草引种对苏北潮滩湿地 TOC、TN 和 TP 分布的影响. 地理研究, 2007, 26(4): 799-808.
- [16] 夏雯雯, 李想, 王钰祺, 徐驰, 刘茂松. 互花米草与盐地碱蓬群落交错带土壤因子的梯度变化特征. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2021, 45(3): 37-44.
- [17] 王磊, 何冬梅, 江浩, 丁晶晶. 江苏滨海湿地生态系统服务功能价值评估. 生态科学, 2016, 35(5): 169-175.
- [18] Cui J, Chen X P, Nie M, Fang S B, Tang B P, Quan Z X, Li B, Fang C M. Effects of *Spartina alterniflora* invasion on the abundance, diversity, and community structure of sulfate reducing bacteria along a successional gradient of coastal salt marshes in China. Wetlands, 2017, 37(2): 221-232.
- [19] 周军, 肖炜, 钦佩. 互花米草入侵对盐沼土壤微生物生物量和功能群的影响. 南京大学学报: 自然科学版, 2007, 43(5): 494-500.
- [20] 姚斌, 钱晓刚, 于成志, 刘成志. 土壤微生物多样性的表征方法. 贵州农业科学, 2005, 33(3): 91-92.
- [21] Youssef N, Sheik C S, Krumholz L R, Najar F Z, Roe B A, Elshahed M S. Comparison of species richness estimates obtained using nearly complete fragments and simulated pyrosequencing-generated fragments in 16S rRNA gene-based environmental surveys. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(16): 5227-5236.
- [22] 刘广明, 杨劲松, 姜艳. 江苏典型滩涂区地下水及土壤的盐分特征研究. 土壤, 2005, 37(2): 163-168.
- [23] 毕江涛, 贺达汉. 植物对土壤微生物多样性的影响研究进展. 中国农学通报, 2009, 25(9): 244-250.
- [24] Saville Waid J. Does soil biodiversity depend upon metabiotic activity and influences? Applied Soil Ecology, 1999, 13(2): 151-158.
- [25] Yan J F, Wang L, Hu Y, Tsang Y F, Zhang Y N, Wu J H, Fu X H, Sun Y. Plant litter composition selects different soil microbial structures and in turn drives different litter decomposition pattern and soil carbon sequestration capability. Geoderma, 2018, 319: 194-203.
- [26] 李秋霞, 郭加汛, 周晓辉, 何也, 刘叶楠, 许斌, 赵耕毛. 江苏盐城大丰滨海滩涂典型湿地土壤细菌群落结构分析. 南京农业大学学报, 2019, 42(6): 1108-1117.
- [27] 左平, 欧志吉, 姜启昊, 刘明. 江苏盐城原生滨海湿地土壤中的微生物群落功能多样性分析. 南京大学学报: 自然科学, 2014, 50(5): 715-722.
- [28] Gordon H, Haygarth P M, Bardgett R D. Drying and rewetting effects on soil microbial community composition and nutrient leaching. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(2): 302-311.
- [29] 刘芳, 叶思源, 汤岳琴, 淹川清, 木田建次, 吴晓磊. 黄河三角洲湿地土壤微生物群落结构分析. 应用与环境生物学报, 2007, 13(5): 691-696.
- [30] 贺纪正, 葛源. 土壤微生物生物地理学研究进展. 生态学报, 2008, 28(11): 5571-5582.
- [31] Lin G M, He Y N, Lu J G, Chen H, Feng J X. Seasonal variations in soil physicochemical properties and microbial community structure influenced by *Spartina alterniflora* invasion and *Kandelia obovata* restoration. Science of the Total Environment, 2021, 797: 149213.
- [32] Wang L, Yuan J H, Wang Y, Butterly C R, Tong D L, Zhou B, Li X Z, Zhang H B. Effects of exotic *Spartina alterniflora* invasion on soil phosphorus and carbon pools and associated soil microbial community composition in coastal wetlands. ACS Omega, 2021, 6(8): 5730-5738.
- [33] Ravit B, Ehrenfeld J G, Haggblom M M. A comparison of sediment microbial communities associated with *Phragmites australis* and *Spartina alterniflora* in two brackish wetlands of New Jersey. Estuaries, 2003, 26(2): 465-474.
- [34] Lin Y X, Hu H W, Yang P, Ye G P. *Spartina alterniflora* invasion has a greater impact than non-native species, *Phragmites australis* and *Kandelia obovata*, on the bacterial community assemblages in an estuarine wetland. Science of the Total Environment, 2022, 822: 153517.
- [35] He C Q, Wang X X, Wang D Y, Zhao Z Z, Wang F F, Cheng L Y, Feng H Y, Zhang P. Impact of *Spartina alterniflora* invasion on soil bacterial community and associated greenhouse gas emission in the Jiuduansha wetland of China. Applied Soil Ecology, 2021, 168: 104168.