

DOI: 10.20103/j.stxb.202409072159

石子菊, 王晓瑶, 程雪菲, 张晴晴, 徐 驰, 刘茂松. 随机过程在盐城滨海滩涂湿地土壤细菌群落构建中的作用. 生态学报, 2025, 45(15): - .

Shi Z J, Wang X Y, Cheng X F, Zhang Q Q, Xu C, Liu M S. The role of stochastic processes in shaping soil bacterial community assembly in Yancheng coastal wetlands. Acta Ecologica Sinica, 2025, 45(15): - .

随机过程在盐城滨海滩涂湿地土壤细菌群落构建中的作用

石子菊, 王晓瑶, 程雪菲, 张晴晴, 徐 驰, 刘茂松*

南京大学生命科学学院, 南京 210023

摘要: 土壤细菌的群落组成与结构特征主要由基于生态位理论的确定性过程和基于中性理论的随机过程共同塑造。基于 16S rRNA 基因高通量测序数据, 应用中性群落模型, 对随机过程在盐城滨海滩涂湿地 4 种典型生境土壤细菌群落构建中的作用进行了研究。结果显示: (1) 应用中性群落模型 (NCM) 可将土壤细菌分为随机分布型、广分布型和窄分布型三种类型。所研究生境土壤细菌群落的广分布型类群大部分为弯曲杆菌门和变形菌门, 窄分布型优势类群为变形菌门、拟杆菌门等, 而随机分布型优势类群为变形菌门、脱硫菌门、绿弯菌门等, 不同分布型优势类群存在一定差异。 (2) 在所研究的典型生境中, 土壤细菌群落组成和结构特征在土壤表层和中层较相似, 与深层差异较大; 不同植被类型群落间, 淤泥质光滩土壤细菌的 α 多样性指数最低, 互花米草群落细菌 α 多样性最高, 两种生境下的广分布类群与随机分布类群均较多; 盐地碱蓬群落和芦苇群落细菌 α 多样性差异较小, 窄分布型类群数量均较多。 (3) 不同生境间, 随机分布类群的组成和群落结构基本一致, 而广分布型和窄分布型类群的组成与结构存在较大差异。总体上, 随机过程主导淤泥质光滩和互花米草群落土壤细菌群落的构建, 在盐地碱蓬与芦苇群落中, 随机过程的作用相对较小; 土壤细菌群落结构差异主要体现在广分布型类群和窄分布型类群的群落组成与结构特征上。

关键词: 土壤细菌; 滨海湿地; 中性群落模型; 群落构建; 随机过程

The role of stochastic processes in shaping soil bacterial community assembly in Yancheng coastal wetlands

SHI Ziju, WANG Xiaoyao, CHENG Xuefei, ZHANG Qingqing, XU Chi, LIU Maosong*

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

Abstract: The community composition and structural characteristics of soil bacteria are primarily shaped by deterministic processes based on niche theory and stochastic processes based on neutral theory. This study analyzed the contribution of stochastic processes for bacteria community assembly among four typical habitats in Yancheng coastal wetland using 16S rRNA gene high-throughput sequencing data and neutral community model. The results showed that: (1) Soil bacteria could be divided into neutral taxa, above-neutral taxa, and below-neutral taxa based on the NCM. The above taxa were primarily composed of Campylobacterota and Proteobacteria. The dominant phyla of the below taxa included Proteobacteria and Bacteroidota, while the neutral taxa was dominantly consisted of Proteobacteria, Desulfobacterota, and Chloroflexota. There existed some differences in soil bacterial composition among these three taxa. (2) Among the typical habitats studied, the composition and structural characteristics of soil bacterial communities were relatively similar in the surface and middle soil layers, but differed from those in the deep soil layer. The α diversity of soil bacteria was lowest in mudflat while it was

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2022YFF1301000)

收稿日期: 2024-09-07; 网络出版日期: 2025-00-00

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

highest in *Spartina alterniflora* community, both above taxa and neutral taxa were high in these two habitats. Instead, the soil bacterial diversity in the *Suaeda salsa* and *Phragmites australis* communities showed minor differences, with a higher prevalence of below taxa. (3) The neutral taxa showed consistent composition and community structure in different habitats, while the above- and below-neutral taxa varied significantly. Overall, stochastic processes predominantly influenced the assembly of soil bacterial communities in the mudflat and *Spartina alterniflora* communities, whereas the influence was relatively minor in the *Suaeda salsa* and *Phragmites australis* communities. The differences in soil bacterial communities were mainly reflected in the composition and structural characteristics of the above- and below-neutral taxa.

Key Words: soil bacteria; coastal wetlands; neutral community model; community assembly; stochastic process

细菌作为土壤微生物中数量最多、丰度最高的类群^[1],是滨海湿地生态系统的重要组成部分,参与有机质降解、碳氮循环等生态过程^[2],对维持湿地生态功能具有重要意义。土壤细菌对环境变化敏感,其组成结构及空间分布特征易受植物种类^[3]、水文条件、土壤理化性质^[4]等自然因子的影响。植物通过凋落物及根系分泌物影响土壤的养分有效性,不同种类的植物,其凋落物和根系分泌物分解释放的物质存在较大差异,影响微生物群落组成结构及多样性^[5-6]。

研究群落构建机制有利于揭示不同生境中土壤细菌群落结构及生物多样性特征。一般认为,微生物群落的构建主要受基于生态位理论的确定性过程和基于中性理论的随机过程的共同作用^[7]。确定性过程主要由于环境的过滤作用和生物的互作效应,形成与生物的栖息地偏好和适应能力有关的群落组成特征^[8-9];同时,由于生物个体的出生、死亡、迁移扩散等过程的随机性^[10-11],随机过程对群落构建也有重要影响。微生物群落构建机制可通过方差分解分析^[7]、零模型^[6]、Sloan 中性群落模型(Neutral community model, NCM)^[12-13]等方法分析随机过程和确定性过程对群落构建的相对贡献率。有研究通过方差分解分析和零模型等方法发现,在中国东部不同纬度地区玉米田和稻田土壤中,环境效应在微生物群落构建过程中的作用大于扩散限制作用^[14]。Chen 等^[6]通过中性模型等方法在红树林湿地生态系统中研究发现随机过程主导土壤细菌和古菌的群落构建。另有研究利用中性模型研究河流真核微生物群落构建机制,发现旱、雨两季的微生物群落构建均由随机过程主导^[7]。

盐城滨海湿地是我国最大的淤泥质潮滩湿地,分布有互花米草(*Spartina alterniflora*)群落、芦苇(*Phragmites australis*)群落和盐地碱蓬(*Suaeda salsa*)群落等典型滩涂植被^[15],彼此间土壤微生物组成与结构^[1]、土壤细菌的丰富度及多样性^[16]存在较大差异。研究不同植物群落间土壤细菌群落组成及结构特征差异的成因机制对滨海湿地生态修复与保护等具有重要意义。本研究以江苏盐城滨海滩涂湿地典型生境为研究对象,通过 16S rRNA 基因高通量测序技术,结合中性群落模型分析,比较随机过程对不同类型群落与土壤层次细菌群落构建的作用与差异,以期探究盐城滨海湿地典型生境中不同分布型土壤细菌的组成特征,分析不同分布型类群对土壤细菌群落差异性的指示作用。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与采样设计

盐城滨海湿地,是典型的潮滩湿地生态系统,位于江苏省沿海地区,湿地气候由亚热带向暖温带过渡,年均温 13.8 °C,年均降水量 1023.8 mm,滩涂湿地面积约 4533 km²。本研究采样地包括江苏盐城湿地珍禽国家级自然保护区核心区(以下简称盐城保护区核心区)、大丰麋鹿国家级自然保护区(以下简称大丰保护区)和东台条子泥围堰区。盐城保护区核心区(119°53'E—121°18'E, 32°48'N—34°29'N)北至新洋港河,南至斗龙港河,西至海堤公路,该地以丹顶鹤为主要保护物种,面积约为 22596 hm²,植被在由海向陆的梯度上具有明显的分异特征;大丰保护区(120°42'—120°51'E, 32°56'—33°36'N)位于江苏省东南部,该地以麋鹿为主要保护物种,面积约为 2667 hm²,土壤为粉砂质,偏碱性;条子泥围堰区(32°43'N—32°53'N, 120°52'E—120°58'E)

位于东台市琼港镇,面积约为 6096 hm^2 ,土壤组成以粉砂和极细砂为主。研究地均分布有芦苇群落、盐地碱蓬群落、互花米草群落的典型植物群落,以及位于低潮带的淤泥质光滩。

2020 年 11 月,分别在 3 地各设置芦苇群落、盐地碱蓬群落、互花米草群落和淤泥质光滩 4 种典型生境的采样点,在各样点 1 m $\times$ 1 m 的样方内分层采集 0—10 cm、10—30 cm、30—60 cm 三个土壤层次的土壤样品,每个样点重复 4 次,共计 144 份土样。将采集的土样保存于装有干冰的保温箱,送回实验室进行样品总 DNA 提取等后续操作与测序数据分析。

1.2 16S rRNA 基因扩增子测序

提取土壤样品的总 DNA,采用通用引物 341F (CCTAYGGGRBGCASCAG) 和 806R (GGACTACNNGGG TATCTAAT) 扩增 16S rRNA 基因的 V3—V4 区域,通过 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 扩增产物,回收目标条

带,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 Q-PCR 定量,待检测合格后,通过 NovaSeq 6000 上机测序。根据 Barcode 序列和 PCR 扩增引物序列从下机数据中拆分出各样本数据,截去 Barcode 和引物序列后,使用 FLASH 对每个样本的 reads 进行拼接,使用 Qiime1 对拼接后的原始数据进行过滤、去除嵌合体序列等操作,得到最终的有效数据。利用 Uparse 软件以 97% 的序列相似性阈值进行 OTUs 聚类分析,然后采用 Mothur 方法基于 Silva 数据库进行分类学注释,剔除注释结果为古菌的 OTUs,仅保留细菌 OTUs 进行后续分析。

1.3 数据分析

通过 R 语言的 vegan 程序包进行 α 多样性分析,计算物种丰富度、Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数,并通过单因素方差分析比较各指数在不同群落和不同土壤层次中的差异。

参考 Chen 等^[7],通过 R 语言的 Hmisc、stats4 等程序包,采用非线性最小二乘法将土壤细菌 OTU 丰度数据拟合到 Sloan 等^[12]的中性群落模型(NCM)中。NCM 通过预测 OTU 在集合群落中的出现频率与其相对丰度的关系来确定随机过程对群落构建的作用^[6],模型的整体拟合优度以 R^2 表示, R^2 越高表明越接近中性模型,即群落的构建受随机过程的影响越大,受确定性过程的影响越小; m 值表示群落层面的迁移率, m 值越小说明整个群落中物种扩散越受限制,反之 m 值越高则表明物种受到扩散限制越低。根据模型拟合结果可将细菌分为三类,处于模型 95% 置信区间内的 OTU 为随机分布类群(Neutral taxa),高于置信区间的为广分布类群(Above taxa),低于置信区间的为窄分布类群(Below taxa)^[17]。

为比较细菌群落结构的相似性和差异性,通过 R 语言的 GUniFrac、phyloseq、vegan 等程序包,计算非加权 and 加权两种 Unifrac 距离,进行非度量多维排列(Non-metric multidimensional scaling, NMDS)分析。非加权 Unifrac 在类群间进化关系的基础上,只考虑类群在群落中的有无,而加权 Unifrac 距离同时考虑类群的有无和丰度的变化,NMDS 分析图中点的距离越近,则表示群落间细菌群落结构越相似。

2 结果与分析

2.1 土壤细菌群落的生物多样性与分布型构成特征

16S rRNA 基因高通量测序共检测到 5044752 条细菌序列,按照 97% 的相似度聚类共获得 31106 个细菌 OTU,根据细菌序列数量最少的样本进行抽平,抽平后每个样本中 OTU 序列数为 35033。基于测序结果,分别

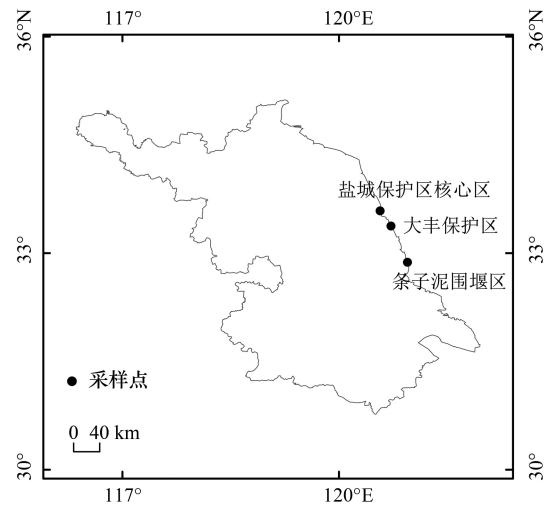


图 1 研究区采样示意图

Fig.1 Sampling sites of study area

计算 4 种生境类型 3 个土壤层次总计 12 类微生物类型的 α 多样性指数(表 1), 以及基于 NCM 模型的分布型组成特征(图 2)。

表 1 土壤细菌 α 多样性指数
Table 1 Soil bacterial alpha diversity index

群落 Community	深度 Depth/cm	观测 OTUs 指数 Observed OTUs	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
MF	0—10	3178±912Ba	4855±1178Ba	5.18±1.08Ba	0.9339±0.0591Ba
	10—30	3078±500Ba	4599±737Ba	5.30±0.84Ba	0.9451±0.0530Ba
	30—60	2842±673Ba	4431±1041Ba	5.09±0.62Ba	0.9525±0.0231Ba
SA	0—10	4226±445Ab	6094±781Aa	6.78±0.24Ab	0.9947±0.0028Ab
	10—30	3922±364Aab	5770±591Aa	6.41±0.33Aa	0.9885±0.0073Aab
	30—60	3772±415Aa	5509±617Aa	6.21±0.46Aa	0.9836±0.0477Aa
SS	0—10	3587±680ABa	5042±941Ba	6.51±0.34Aa	0.9927±0.0041Aa
	10—30	3285±840ABa	4642±1164Ba	6.09±0.67Aa	0.9803±0.0158Aa
	30—60	3195±477ABa	4570±717Ba	5.99±0.60Aa	0.9759±0.0276ABa
PA	0—10	3526±575ABa	4855±836Ba	6.52±0.43Ab	0.9899±0.0123Aa
	10—30	3468±640ABa	4855±917ABa	6.46±0.26Ab	0.9933±0.0021Aa
	30—60	3027±573Ba	4338±867Ba	5.86±0.62Aa	0.9757±0.0355ABa

在同一深度不同植被类型群落间以不同大写字母表示差异显著($P<0.05$); 在同一植被类型群落不同深度间以不同小写字母表示差异显著($P<0.05$); MF: 淤泥质光滩 Mudflat; SA: 互花米草 *Spartina alterniflora*; SS: 盐地碱蓬 *Suaeda salsa*; PA: 芦苇 *Phragmites australis*

比较发现, 不同层次间, 各群落中土壤细菌的丰富度、Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数随土壤深度的增加而降低, 但层次间差异较小(表 1)。不同生境类型间, 互花米草群落细菌 α 多样性指数显著高于其他类型群落, 淤泥质光滩的 α 多样性指数显著低于其他群落; 盐地碱蓬群落和芦苇群落中土壤细菌 α 多样性指数差异较小。此外, 基于 NCM 模型的三种分布型细菌类群的比例在不同群落间存在较大差异(图 3), 随机分布类群和广分布型类群在互花米草群落和淤泥质光滩中高于盐地碱蓬和芦苇群落, 窄分布型类群在淤泥质光滩、互花米草群落、盐地碱蓬群落和芦苇群落中依次增多。

比较各分析单元 NCM 模型的拟合程度 R^2 值和群落层面的迁移率 m 值(图 2), 发现随机过程对细菌群落构建的解释率在不同微生物中存在较大差异, 其中随机过程在淤泥质光滩($R^2=0.71$) 和互花米草群落($R^2=0.70$) 中的解释率较高, 在盐地碱蓬群落($R^2=0.50$) 和芦苇群落($R^2=0.25$) 中的解释率较低。此外, 细菌类群在淤泥质光滩中的迁移率最高($m=0.54$), 其次在互花米草群落中较高($m=0.43$), 盐地碱蓬($m=0.17$) 和芦苇($m=0.12$) 群落的细菌迁移率较低。同一群落不同土壤层次比较, 随机过程的解释率和细菌群落扩散率在淤泥质光滩与互花米草群落中的层次间差异较小, 而在盐地碱蓬群落与芦苇群落表层土壤中大于中、深层土壤。

2.2 不同分布型类型的物种组成及群落间的差异分析

比较细菌门水平的类群组成发现(图 4), 不同分布型细菌类群的组成特征存在一定差异。广分布型类群大部分为变形菌门(Proteobacteria) 和弯曲杆菌(Campilobacterota), 特有的优势菌门为硝化菌门(Nitrospirata) 和蓝细菌门(Cyanobacteria); 窄分布型类群中变形菌门和拟杆菌门(Bacteroidota) 占比较高, 特有的优势菌门为厚壁菌门(Firmicutes) 和芽单胞菌门(Gemmatimonadota); 随机分布型类群相对丰度较高的为变形菌门和脱硫菌门(Desulfobacterota), 其绿弯菌门(Chloroflexi) 相对丰度也高于另外两种类群, 特有优势菌门为粘菌门(Myxococcota)。

不同生境类型比较, 广分布型类群的组成差异最大, 其次为窄分布型类群, 随机类群的组成差异最小。在广分布型类群中, 不同生境类型的土壤细菌类群组成差异较大, 同一植被类型群落的土壤微生物在土壤表层和深层组成较相似, 与土壤深层差异较大; 淤泥质光滩相对丰度最高的菌门为弯曲杆菌, 而三种植物群落中相

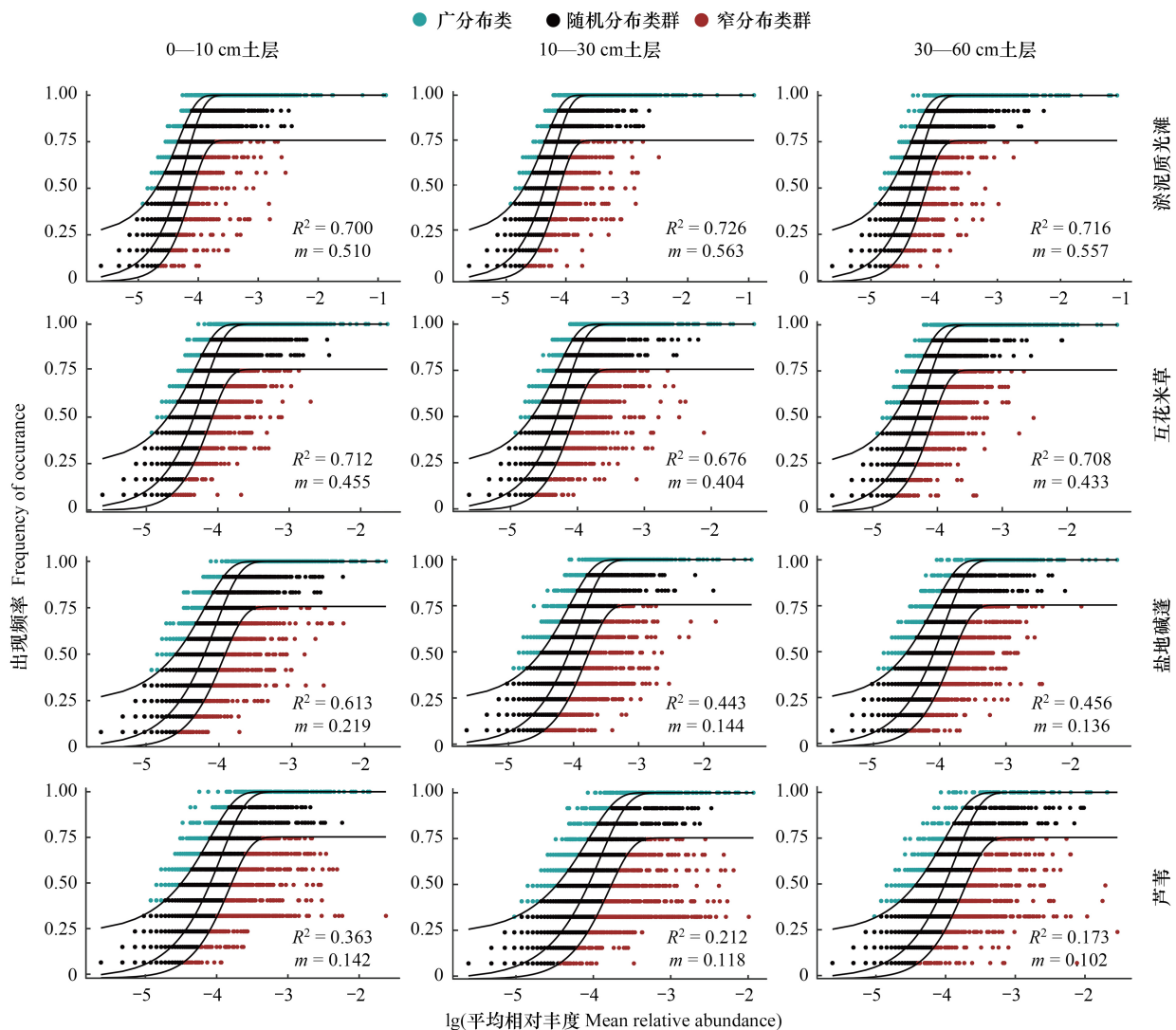


图2 基于中性群落模型 NCM 的分布型构成

Fig.2 Fit to the neutral community model

 m : 迁移率

对丰度最高的菌门为变形菌门;与本土植物群落比较,互花米草群落中相对丰度较高的为脱硫菌门和弯曲杆菌;盐地碱蓬群落与芦苇群落的组成较相似。在窄分布型类群中,三种植物群落的细菌组成更为相似,除变形菌门外,淤泥质光滩中占比较高的为弯曲杆菌,其他群落中占比较多的为拟杆菌门和酸杆菌门 (Acidobacteriota)。在随机分布型类群中,四种生境的细菌组成更为相似,相对丰度较高的主要为变形菌门、脱硫菌门和酸杆菌门。

基于 UniFrac 距离进行 NMDS 分析,结果表明,三种类群的土壤细菌群落结构差异显著 (图 5)。窄分布型类群中各样本点的非加权 UniFrac 距离最远,表明该类群的细菌类群组成差异最大;广分布型类群中各样本点的加权 UniFrac 距离最远,表明其细菌群落数量结构差异最大;而随机类群中样本点的两种 UniFrac 距离均较小,其细菌群落结构差异较小。四种生境间比较,淤泥质光滩与三种植物群落的非加权 UniFrac 距离较远,表明细菌群落间种类组成差异较大;而互花米草群落、本土植物群落与淤泥质光滩的加权 UniFrac 距离彼此间形成三个差异较大的类群。

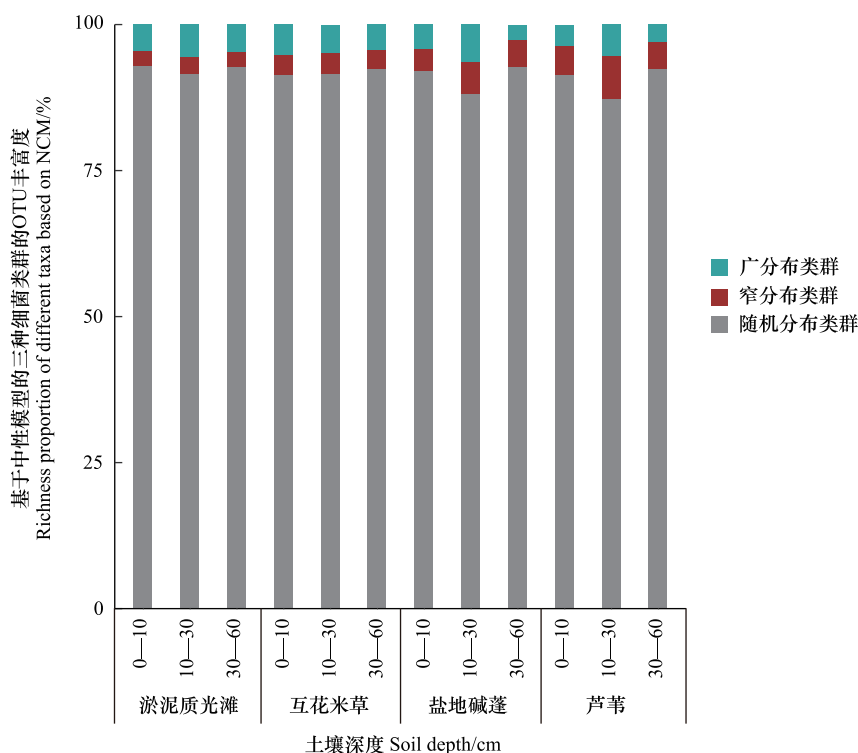


图3 不同植被类型下三种细菌类群的丰富度

Fig.3 Richness of three taxa based on NCM in different community

3 讨论

3.1 生境类型对土壤细菌群落组成特征及多样性的影响

植物与土壤细菌间存在复杂的互作关系,可通过凋落物和根系分泌物的输入影响土壤细菌群落多样性及群落组成^[18]。大量研究表明,不同生境条件下土壤细菌群落多样性及组成特征存在差异。在黄河三角洲滨海湿地的研究发现芦苇与柽柳群落的微生物丰度高于滩涂裸地、碱蓬群落和棉田群落^[4]。有研究发现,本地植物海三棱藨草的基因型多样性增加后,会促进土壤微生物生物量和真菌多样性的增加,抑制外来植物互花米草的生长^[19]。本地植物可能通过增加对外来种有害的特定微生物菌群提高土壤的抗入侵性^[20],然而,郑洁等的研究表明互花米草可能改变原生湿地中部分有利于自身生长的微生物类群含量^[21]。相关研究发现,土壤深度也会影响土壤细菌群落多样性及组成结构。在条子泥围堰区的研究发现土壤微生物优势物种主要为变形菌门、拟杆菌门、脱硫菌门等,其中表层土壤中不同生境的土壤微生物群落多样性与组成相似,中深层土壤中差异较大^[22]。

本研究中,不同植被类型群落间的土壤细菌多样性及群落组成结构特征差异大于土壤层次间的差异。不同分布型细菌类群的组成特征在土壤表层和深层较相似,与土壤深层差异较大。淤泥质光滩土壤细菌 α 多样性最低,与植物群落土壤细菌群落种类组成和数量结构的差异较大。互花米草群落土壤细菌的 α 多样性最高,该群落中土壤细菌组成与盐地碱蓬和芦苇群落存在一定差异,主要体现在细菌广分布型类群的组成差异和群落数量结构的差异。在本研究区内,本土植物芦苇和盐地碱蓬土壤细菌多样性及组成特征较相似,其窄分布型细菌类群的丰富度高于互花米草群落及淤泥质光滩,显示较强迁移能力的广分布型细菌类群在入侵植物群落与无植被发育的淤泥质光滩中占比相对较高。

不同分布型细菌类群的优势类群存在一定差异。变形菌门广泛参与滨海湿地的氮、硫循环过程^[23],在三个各分布型中的相对丰度均最高;弯曲杆菌门多为动物病原菌^[22],在广分布型类群中占比相对较高,其与鸟

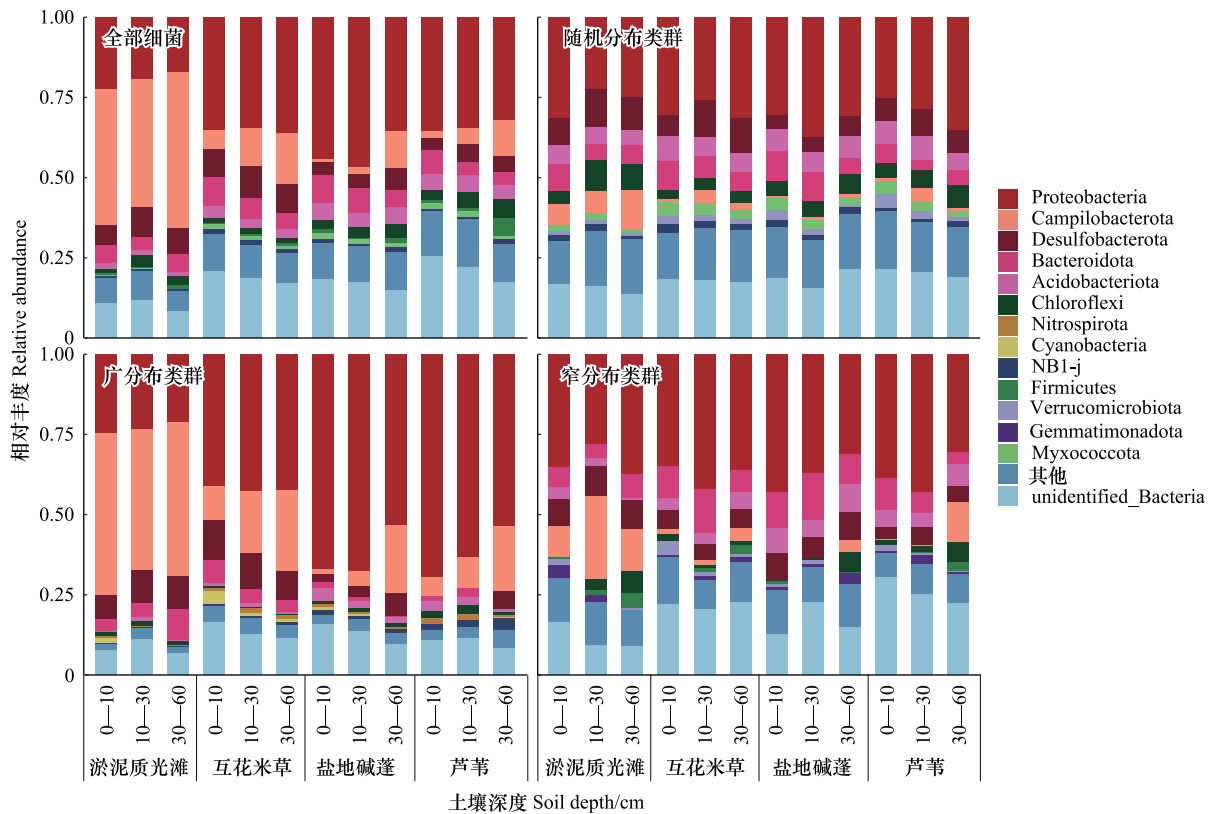


图4 土壤细菌不同分布型类群门水平组成

Fig.4 Composition of different soil bacterial partition

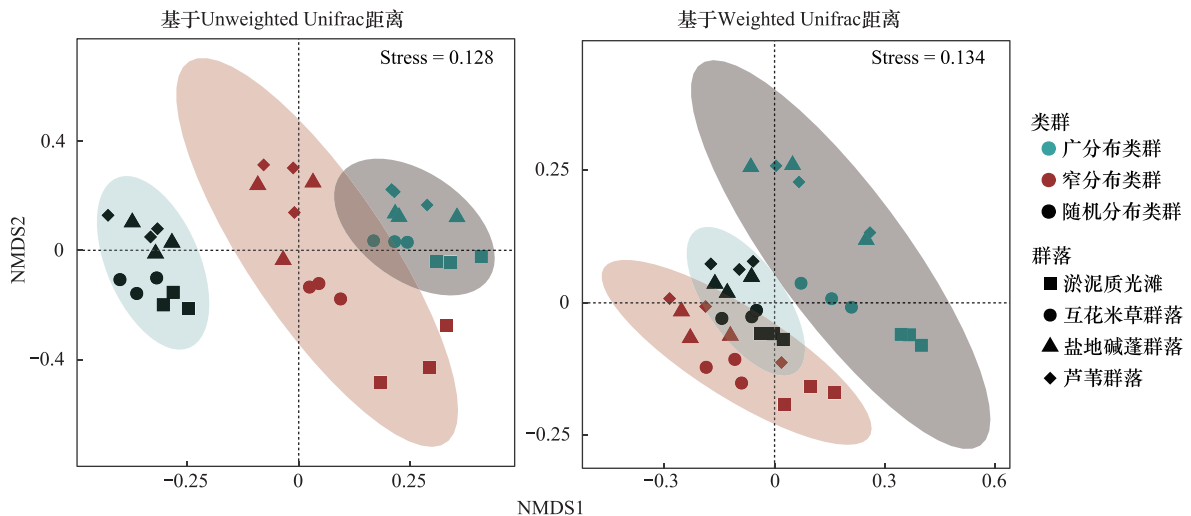


图5 不同生境类型土壤细菌分布型构成特征的 NMDS 分析

Fig.5 NMDS analysis of different soil bacterial partition

类活动密切相关;拟杆菌门主要影响土壤产甲烷过程^[23],厚壁菌门属于厌氧型菌群,芽单胞菌门属好氧菌^[24],该3个菌门在窄分布型中相对丰度较高。不同分布型细菌类群组成的差异性与土壤微生物的生态功能密切相关。

3.2 随机过程在微生物群落构建中的作用

大量研究表明,随机过程在多种生态系统中主导了微生物群落的构建^[7,11,25],但是其相对重要性会随生境的变化而改变。文婧荣等人研究发现,在荒原草原盐沼湿地中,随机过程对土壤细菌群落结构的主导作用随着生境从近湖向远湖的延伸而增强^[26]。在闽江口鳊鱼滩湿地,互花米草入侵后,随机过程对细菌群落构建的相对重要性增加,而芦苇引入后无显著变化^[27]。此外,土壤深度增加,随机过程相对重要性会随之降低^[28-29];对中国 12 个省的农田生态系统研究发现,在生境异质性较低的土壤中,随机过程在细菌群落构建中的作用较强^[30]。对黑龙江与江西两地的黑土与红壤的研究发现,细菌群落多样性较高时,随机过程占优势,而当多样性较低时,确定性过程占优势^[31]。植物可通过分泌化学物质影响根际土壤微环境,相关研究表明,与根际土壤相比,随机过程在大豆非根际土壤中发挥更重要的作用^[32]。

本研究发现,随机过程对土壤细菌群落构建的贡献在不同生境中存在差异。在光滩群落和互花米草群落中,随机过程主导了土壤细菌群落的构建,而在芦苇群落和盐地碱蓬群落中,随机过程的作用相对较小。在低细菌多样性的淤泥质光滩中,随机过程对群落构建的解释率也较高,细菌群落层面的迁移率在由海向陆的空间梯度上逐渐降低,可能因为光滩土壤缺少根际微生境异质性、潮水规律性扰动显著影响细菌群落的扩散,影响随机过程的相对作用。由于微生物不同类群的扩散能力存在差异^[7],群落组成变化可能导致随机过程在群落构建中的相对贡献发生变化。芦苇与盐地碱蓬群落中随机过程的相对作用随土壤深度增加略有下降,可能因为上层土壤易受环境扰动,土壤异质性较低,细菌群落构建的随机过程作用较强,类似结果在 Li 等^[28]的研究中也有报道。

综合比较,本研究地中土壤微生物群落构建过程主要由随机过程主导,随机过程在互花米草群落和淤泥质光滩的细菌群落构建过程中的作用较强,而在本土植物群落中其作用相对较小。NCM 方法在微生物群落构建机制的研究方面应用广泛^[6-7,11],较好地定量了土壤细菌群落构建随机过程的相对重要性;但也有研究认为 NCM 方法对确定性过程的定量较局限^[25],特别是当模型的参数 R^2 的值相对较低时,较难确定群落构建中确定性过程的相对作用。

3.3 不同分布型类型物种组成对土壤细菌群落差异性的指示作用

NCM 无法完全解释土壤细菌群落的变异,表明除随机过程外还存在其它群落构建机制影响细菌群落的结构。相关研究表明 NCM 区分的三种细菌类群具有不同的生态学特征,广分布型类群具有较强的迁移能力,而窄分布型类群迁移能力较弱^[25]。Burns 等^[33]在斑马鱼肠道微生物群落组装机制的研究中发现 NCM 拟合度和群落层面的迁移率随宿主发育时间而下降,并且集合群落中三种分布型的类群在系统发育距离上形成了三个不同的类别,其中广分布型和窄分布型类群的系统发育距离随宿主发育时间变化较小。对人体皮肤真菌群落构建机制的研究发现随机过程起主导作用,并且在不同季节中不同分布型的细菌类群的群落结构彼此间形成 3 个截然不同的聚类,这些类群间的差异是由少数具有不同生理功能的类群所驱动的^[34]。Chen 等的研究发现不同分布型的类群的群落组成及多样性等存在差异,不同类群迁移扩散能力的差异是导致微生物分布方式差异的关键因素^[7]。

本研究中,不同分布型特征的细菌类群在群落间的结构存在差异,在由海向陆的空间梯度上,随机分布型类群的物种组成和群落结构特征基本一致,但广分布型与窄分布型类群的细菌群落组成和结构特征与植物群落的空间分布序列有一定对应关系。不考虑细菌类群的丰度时,四种典型生境的窄分布型类群的细菌群落组成差异最大,反映了在局部环境条件下,生境间异质性高,不同群落的微生物类群差异较大。考虑类群丰度时,广分布型类群的细菌群落数量结构差异最大,窄分布型类群次之,随机分布型类群组成较相似,表明在较大空间尺度上,广分布型类群更能体现土壤微生物群落间的差异。

综合比较发现,不同生境的土壤细菌群落组成结构的差异主要体现在广分布型类群和窄分布型类群的差异上。

4 结论

本研究比较分析了盐城滨海滩涂湿地不同生境和土壤层次下细菌群落多样性、组成特征及群落构建过程的差异,研究发现:

NCM 模型所区分的三种细菌类群的优势菌门不同。广分布型类群中变形菌门与弯曲杆菌门占比较高,窄分布型类群中变形菌门和拟杆菌门相对较多,而随机分布型类群中变形菌门、脱硫菌门、绿弯菌门等的相对丰度较高。

随机过程主导盐城滨海滩涂湿地四种典型生境的土壤细菌群落的构建。不同生境中,随机过程的作用存在差异,在互花米草群落和淤泥质光滩中随机过程作用较强,而在芦苇群落和盐地碱蓬群落中,随机过程作用相对较小。四种典型群落中,土壤微生物的组成特征在土壤表层和中层较相似,与深层差异较大;互花米草群落土壤细菌 α 多样性最高,淤泥质光滩 α 多样性最低,广分布型类群和随机分布类群均较多;盐地碱蓬与芦苇群落细菌 α 多样性及类群组成较相似,窄分布型类群较多。

土壤细菌群落间的差异主要体现在广分布型类群和窄分布型类群的差异上。在细菌群落组成上,不同生境中广分布型类群的细菌组成差异最大,其次为窄分布类群,随机分布类群的组成基本一致。在细菌群落结构上,广分布型类群的数量结构特征差异最大,窄分布型类群的种类组成特征差异最大。

参考文献(References):

- [1] Fang J, Deng Y C, Che R X, Han C, Zhong W H. Bacterial community composition in soils covered by different vegetation types in the Yancheng tidal marsh. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2020, 27(17): 21517-21532.
- [2] Yang W, Jeelani N, Zhu Z H, Luo Y Q, Cheng X L, An S Q. Alterations in soil bacterial community in relation to *Spartina alterniflora* Loisel. invasion chronosequence in the eastern Chinese coastal wetlands. *Applied Soil Ecology*, 2019, 135: 38-43.
- [3] 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.
- [4] 李金业,陈庆锋,李青,赵长盛,冯优,李磊. 黄河三角洲滨海湿地微生物多样性及其驱动因子. *生态学报*, 2021, 41(15): 6103-6114.
- [5] 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.
- [6] Chen W D, Wen D H. Archaeal and bacterial communities assembly and co-occurrence networks in subtropical mangrove sediments under *Spartina alterniflora* invasion. *Environmental Microbiome*, 2021, 16(1): 10.
- [7] Chen W D, Ren K X, Isabwe A, Chen H H, Liu M, Yang J. Stochastic processes shape microeukaryotic community assembly in a subtropical river across wet and dry seasons. *Microbiome*, 2019, 7(1): 138.
- [8] 焦聪聪,赵大勇,曾巾. 湖泊细菌群落构建机制及其对富营养化的响应. *生态学报*, 2024, 44(14): 5925-5944.
- [9] 贺纪正,王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征. *生态学报*, 2015, 35(20): 6575-6583.
- [10] Chase J M, Myers J A. Disentangling the importance of ecological niches from stochastic processes across scales. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*, 2011, 366(1576): 2351-2363.
- [11] Stegen J C, Lin X J, Konopka A E, Fredrickson J K. Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities. *The ISME Journal*, 2012, 6(9): 1653-1664.
- [12] Sloan W T, Lunn M, Woodcock S, Head I M, Nee S, Curtis T P. Quantifying the roles of immigration and chance in shaping prokaryote community structure. *Environmental Microbiology*, 2006, 8(4): 732-740.
- [13] 罗楠,卢贵盟,高繁,陈琛,张德民,郭海朋. 凡纳滨对虾生物絮团养殖系统中不同生境细菌群落特征. *微生物学报*, 2024, 64(5): 1455-1468.
- [14] Jiao S, Yang Y F, Xu Y Q, Zhang J, Lu Y H. Balance between community assembly processes mediates species coexistence in agricultural soil microbiomes across Eastern China. *The ISME Journal*, 2020, 14(1): 202-216.
- [15] 韩爽,张华兵,刘玉卿,蔡青,王娟,王成. 盐城滨海湿地芦苇群落和互花米草群落对碱蓬群落挤压的时空变化特征. *生态学报*, 2024, 44(22): 10309-10321.
- [16] Yang W, Cai A D, Wang J S, Luo Y Q, Cheng X L, An S Q. Exotic *Spartina alterniflora* Loisel. Invasion significantly shifts soil bacterial communities with the successional gradient of saltmarsh in Eastern China. *Plant and Soil*, 2020, 449(1): 97-115.
- [17] Zac Stephens W, Burns A R, Stagaman K, Wong S, Rawls J F, Guillemin K, Bohannan B J M. The composition of the zebrafish intestinal

- microbial community varies across development. *The ISME Journal*, 2016, 10(3): 644-654.
- [18] Zhalnina K, Louie K B, Hao Z, Mansoori N, da Rocha U N, Shi S J, Cho H, Karaoz U, Loqué D, Bowen B P, Firestone M K, Northen T R, Brodie E L. Dynamic root exudate chemistry and microbial substrate preferences drive patterns in rhizosphere microbial community assembly. *Nature Microbiology*, 2018, 3: 470-480.
- [19] Cheng C, Liu Z K, Zhang Q, Tian X, Ju R T, Li B, van Kleunen M, Chase J M, Wu J H. Genotype diversity enhances invasion resistance of native plants *via* soil biotic feedbacks. *Ecology Letters*, 2024, 27(3): e14384.
- [20] Zhang Z J, Liu Y J, Brunel C, van Kleunen M. Evidence for Elton's diversity-invasibility hypothesis from belowground. *Ecology*, 2020, 101(12): e03187.
- [21] 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.
- [22] 任玉蓉, 王钰祺, 张晴晴, 杨雪姣, 刘茂松. 条子泥围堰区土壤微生物多样性特征. *浙江农业科学*, 2023, 64(5): 1283-1291.
- [23] 王焱屹, 王瑞菲, 钟玮, 孔强, 马启龙, 宗可金, 赵聪聪, 王倩. 黄河三角洲湿地土壤中功能微生物群落的结构特征和影响因素研究进展. *湿地科学*, 2022, 20(1): 111-118.
- [24] 赵定蓉, 陆梅, 赵旭燕, 闪昇阳, 孙官发, 孙煜佳, 刘国庆, 郭础鸟, 陈志明. 土壤细菌群落对纳帕海高原湿地退化的响应. *浙江农林大学学报*, 2024, 41(2): 406-418.
- [25] Guo Q, Wen Z M, Ghanizadeh H, Fan Y M, Zheng C, Yang X, Yan X H, Li W. Stochastic processes dominate assembly of soil fungal community in grazing excluded grasslands in northwestern China. *Journal of Soils and Sediments*, 2023, 23(1): 156-171.
- [26] 文婧荣, 潘雅清, 康鹏, 张亚琪, 胡金鹏, 雷茜. 荒漠草原盐沼湿地苦豆子土壤细菌群落构建机制及其影响因素. *微生物学通报*, 2024, 51(1): 111-126.
- [27] 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.
- [28] Li W T, Kuzyakov Y, Zheng Y L, Li P F, Li G L, Liu M, Alharbi H A, Li Z P. Depth effects on bacterial community assembly processes in paddy soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 165: 108517.
- [29] He L B, Sun X Y, Li S Y, Zhou W Z, Yu J T, Zhao G Y, Chen Z, Bai X T, Zhang J S. Depth effects on bacterial community altitudinal patterns and assembly processes in the warm-temperate montane forests of China. *Science of the Total Environment*, 2024, 914: 169905.
- [30] Zhou X G, Rahman M K U, Liu J J, Wu F Z. Soil acidification mediates changes in soil bacterial community assembly processes in response to agricultural intensification. *Environmental Microbiology*, 2021, 23(8): 4741-4755.
- [31] Xun W B, Li W, Xiong W, Ren Y, Liu Y P, Miao Y Z, Xu Z H, Zhang N, Shen Q R, Zhang R F. Diversity-triggered deterministic bacterial assembly constrains community functions. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 3833.
- [32] Mendes L W, Kuramae E E, Navarrete A A, van Veen J A, Tsai S M. Taxonomical and functional microbial community selection in soybean rhizosphere. *The ISME Journal*, 2014, 8(8): 1577-1587.
- [33] Burns A R, Stephens W Z, Stagaman K, Wong S, Rawls J F, Guillemin K, Bohannan B J. Contribution of neutral processes to the assembly of gut microbial communities in the zebrafish over host development. *The ISME Journal*, 2016, 10(3): 655-664.
- [34] Tong X Z, Leung M H Y, Wilkins D, Cheung H H L, Lee P K H. Neutral processes drive seasonal assembly of the skin mycobiome. *mSystems*, 2019, 4(2): e00004-19.