

研究报告

仙山湖国家湿地公园湿地与旱地土壤细菌群落结构特征比较

曾慧慧¹, 蒋敏^{*2}, 赵明星¹, 张宪翠¹, 朱力力², 毛伟华³, 吴酬飞^{*1,4}, 张立钦^{1,4}¹ 湖州师范学院生命科学学院, 浙江 湖州 313000² 长兴县自然资源和规划局, 浙江 湖州 313000³ 浙江大学农生环测试中心生物大分子分析室, 浙江 杭州 310000⁴ 湖州师范学院 浙江省媒介生物学与病原控制重点实验室, 浙江 湖州 313000

曾慧慧, 蒋敏, 赵明星, 张宪翠, 朱力力, 毛伟华, 吴酬飞, 张立钦. 仙山湖国家湿地公园湿地与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 微生物学通报, 2024, 51(6): 1983-1994.

ZENG Huihui, JIANG Min, ZHAO Mingxing, ZHANG Xiancui, ZHU Lili, MAO Weihua, WU Choufei, ZHANG Liqin. Comparison of bacterial community structure between wetland and dryland in Xianshan Lake National Wetland Park[J]. Microbiology China, 2024, 51(6): 1983-1994.

摘要: 【背景】湿地土壤微生物群落结构会因环境的变化自我调整, 因而不同湿地环境会形成不同土壤菌群结构和分布特征。【目的】研究旱地与湿地土壤不同利用方式对土壤细菌的影响, 以仙山湖国家湿地公园湿地和旱地两种土地利用方式(0–20 cm)作为研究对象。【方法】利用高通量测序技术对土壤细菌群落的物种组成、 α 多样性和丰度等进行分析, 并结合土壤理化因子分析影响菌群结构的环境因子。【结果】仙山湖湿地系统土壤中存在的细菌隶属于 49 个门 147 个纲。在仙山湖湿地土壤的优势菌门(OTU>1%)中, 旱地的优势菌门为酸杆菌门(*Acidobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、泉古菌门(*Crenarchaeota*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、蓝藻门(*Cyanobacteria*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*); 湿地的优势菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)、蓝藻门(*Cyanobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)和硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)。在优势菌属(OTU>0.3%)中, 旱地的优势菌属为 *Candidatus Solibacter*、柯里氏念珠菌属(*Candidatus Koribacter*)、红游动菌属(*Rhodoplanes*)、伯克霍尔德菌属(*Burkholderia*)和分枝杆菌属(*Mycobacterium*), 湿地的优势菌属为地杆菌属(*Geobacter*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)、慢生型根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、Dok59、神奇甲基菌属(*Candidatus Methylophilus*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)。湿地土壤与旱地土壤优势 OTU 均与有机质含量呈正相关, 与含水量、pH 呈负相关。此外, 线性判别分析(linear discriminant analysis effect size,

资助项目: 长兴县自然资源和规划局科学研究项目(ZJXRXC-2022-012); 浙江大学实验技术研究项目(SYB202137)

This work was supported by the Scientific Research Project of Changxing Country Natural Resources and Planning Bureau (ZJXRXC-2022-012), and the Experimental Technology Research Program of Zhejiang University (SYB202137).

*Corresponding authors. E-mail: JIANG Min, 15968206616@163.com; WU Choufei, wcf@zjhu.edu.cn

Received: 2023-10-04; Accepted: 2024-01-05; Published online: 2024-02-26

LEfSe)显示了旱地与湿地的土壤生物标记物与土壤理化性质的关系。【结论】土地利用方式变化能显著改变仙山湖国家湿地公园湿地土壤的细菌菌群结构,可为湿地土壤的保护提供理论依据。

关键词: 湿地; 旱地; 16S rRNA 基因; 高通量测序

Comparison of bacterial community structure between wetland and dryland in Xianshan Lake National Wetland Park

ZENG Huihui¹, JIANG Min^{*2}, ZHAO Mingxing¹, ZHANG Xiancui¹, ZHU Lili², MAO Weihua³, WU Choufei^{*1,4}, ZHANG Liqin^{1,4}

1 College of Life Sciences, Huzhou University, Huzhou 313000, Zhejiang, China

2 Changxing County Bureau of Natural Resources and Planning, Huzhou 313000, Zhejiang, China

3 Analysis Center of Agrobiological and Environmental Sciences of Biomolecular Analysis Room, Zhejiang University, Hangzhou 310000, Zhejiang, China

4 Laboratory of Vector Biology and Pathogen Control of Zhejiang Province, Huzhou University, Huzhou 313000, Zhejiang, China

Abstract: [Background] The microbial community structure of wetland soil will adjust itself according to the environmental changes. Therefore, different wetland environments will shape soil microbial communities with different structures and distribution characteristics. **[Objective]** To investigate the impacts of land use changes on soil bacteria in dryland and wetland, we collected soil samples of two land use patterns (0–20 cm) from the wetland and dryland of Xianshan Lake National Wetland Park for analysis. **[Methods]** High-throughput sequencing was employed to study the composition, α -diversity, and abundance of soil bacterial communities, and the soil physical and chemical factors affecting bacterial community structure were analyzed. **[Results]** The bacteria in the soil of Xianshan Lake Wetland Park belonged to 147 classes of 49 phyla. The dominant phyla (OTUs>1%) in the dryland soil were *Acidobacteria*, *Proteobacteria*, *Chloroflexi*, *Crenarchaeota*, *Actinobacteria*, *Cyanobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, and *Bacteroidetes*, and those in the wetland soil were *Proteobacteria*, *Cyanobacteria*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi*, *Acidobacteria*, *Firmicutes*, and *Nitrospirae*. The dominant genus (OTUs>0.3%) were *Candidatus Solibacter*, *Candidatus Koribacter*, *Rhodoplanes*, *Burkholderia*, and *Mycobacterium* in the dryland and *Geobacter*, *Bacteroides*, *Bradyrhizobium*, *Dok59*, *Candidatus Methyloiridis*, and *Flavobacterium* in the wetland. The dominant OTUs of wetland soil and dryland soil were positively correlated with soil carbon content and negatively correlated with soil water content and pH. The LEfSe results revealed the relationship between soil biomarkers and soil physical and chemical properties in the dryland and wetland. **[Conclusion]** Land use changes could vitally alter the bacterial community structure in the wetland soil of Xianshan Lake Wetland Park, it can provide theoretical basis for wetland soil protection.

Keywords: wetland; dryland; 16S rRNA gene; high-throughput sequencing

湿地是介于水体和陆地之间的生态类型, 为人类提供了丰富的自然资源和多种生态服务, 被誉为天然蓄水库和“自然之肾”^[1]。湿地是由水体和陆地生态系统相互作用形成的自然综合体, 也是生态系统中碳的重要储存库^[2]。湿地生态系统通过抵消二氧化碳的释放, 在缓解温室效应方面发挥着重要作用^[3], 有助于维护全球生态平衡。在湿地生态系统中, 土壤、植物、河水和沉积物中充满了多种微生物^[4]。土壤微生物是湿地生态系统的重要组成部分, 可调控湿地物质循环, 促进生态净化^[5]。同时, 微生物中重要种群为细菌, 其群落结构与土壤的理化环境因子密切相关^[6]。不同土地利用方式可以通过不同植被种类来影响微生物丰度改变土壤养分, 从而影响土壤肥力和土壤结构稳定性, 对土壤有机质含量、渗透性、酸碱度等均有影响。随着土地利用方式的改变, 土壤碳库受到扰动, 土壤微生物群落结构和功能也可能发生相应的变化^[7]。随着高通量测序技术的高速发展, 研究湿地土壤微生物的群落组成方式有了更进一步的提升。

长三角地区自然湿地与人工湖泊湿地的典型代表当属长兴仙山湖国家湿地公园, 同时也是华东地区最具生物多样性和生态原始性的湿地生态系统之一^[8], 具有丰富的生物多样性^[9]。然而, 关于湿地土壤不同土地利用方式导致其菌群结构发生变化的研究报道较少。

本研究将仙山湖国家湿地公园内的天然湿地和旱地的表层土壤作为研究对象, 通过 16S rRNA 基因高通量测序对该湿地和旱地的土壤细菌群落进行分析比较, 旨在探究湿地和旱地土壤类型的菌群结构与该土壤理化因子的关系, 为仙山湖湿地生态系统资源的可持续利用提供参考, 并为湿地资源的保护提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

仙山湖国家湿地公园(30°52'08"—30°55'25"N, 119°33'51"—119°38'38"E)位于江苏、浙江、安徽三省交界处^[10], 属太湖水系, 土地总面积约 2 269.3 hm², 其中湿地面积约为 1 395.4 hm², 约占土地面积的 61.6%^[11]。仙山湖湿地位于长兴县泗安镇, 距离长兴县城仅 25 km^[12]。该地气候为亚热带季风气候, 温暖湿润, 四季分明, 平均年降水量 1 309 mm, 年平均气温 13.9 °C^[13]。

1.2 样品采集与前处理

选取仙山湖国家湿地公园具有代表性的 6 个区域, 分别为香樟(T1)、紫薇(T2)、竹林(T3)、莎草沼泽(T4)、芦苇沼泽(T5)和芦苇柳树(T6), 采集距土壤表层 0–20 cm 的土壤。本研究设置旱地与湿地两种不同土地利用方式。初步按照土壤含水量的不同, 将 T1、T2、T3 区域土壤归类为旱地, T4、T5、T6 区域土壤归类为湿地, 每个采样区内采用五点取样法取样后混合为一个样, 除去土壤中的碎石等杂物, 用干冰保存带回实验室。将保存的样本分为两部分, 将其中一份置于–80 °C保存, 用于土壤菌群结构测定分析; 测定另一份含水量, 并自然风干且研磨, 用于测定土壤理化性质。土壤采样时间为 2022 年 7 月 16 号。

1.3 主要试剂和仪器

重铬酸钾, 苏州福得科技有限公司; 2×Taq Master Mix, 南京诺唯赞生物科技股份有限公司; FastDNA SPIN Kit for Soil, 安诺伦(北京)生物科技股份有限公司。电子天平, 梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司; pH 计, 赛多利斯科学仪器(北京)有限公司; Ion GeneStudio S5, 赛默飞世尔科技(中国)有限公司。

1.4 湿地土壤理化性质的测定

土壤理化性质的分析方法参照文献[14]进行。其中,土壤含水量的测定采用 105 °C 烘干恒重法;土壤 pH 的测定采用离子选择电极法测定;土壤有机质的含量使用重铬酸钾氧化-分光光度法测定。

1.5 DNA 提取及高通量测序

采用 FastDNA SPIN Kit for Soil 提取土壤样品的总基因组 DNA,采用细菌通用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')和 907R (5'-CCGTCAATTCMT TTAGTTT-3')扩增 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区^[15],每个样本进行 3 个重复,PCR 产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测。PCR 反应条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 56 °C 30 s, 72 °C 1 min, 40 个循环; 72 °C 8 min。PCR 反应体系: 正、反向引物(10 μmol/L)各 1.5 μL, 2×Taq Master Mix (Dye Plus) 25 μL, DNA 模板 1.5 μL (T1-T6 的 DNA 模板初始浓度分别为 7.8、12.9、11.6、3.7、4.1、5.1 ng/μL), ddH₂O 补至 50 μL。采用 Ion GeneStudio S5 进行测序。

1.6 数据分析

使用 QIIME 分析工具^[16]进行主成分分析和差异显著性分析。以 97% 的相似性将所有样本的有效序列聚类成为 OTU,数量大于 0.3% 的总 OTU 界定为优势 OTU。运用 Visual

Genomics-AS 软件进行 α 多样性分析、β 多样性分析、线性判别分析(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)和冗余分析(redundancy analysis, RDA)等。使用 Prism6 绘制微生物群落的丰度图,并利用 Canoco5 绘制冗余分析图。 $P < 0.05$ 为差异显著。通过 LEfSe 分析鉴定不同处理间差异的生物标记物^[17]。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用方式下土壤理化性质

通过比较不同土地利用方式下土壤的含水量、有机质含量和 pH 差异,分析不同土壤理化性质的差异。结果显示湿地和旱地的土壤均呈现酸性(pH 4.40–6.10) (表 1)。与湿地相比,旱地土壤的含水量显著低于湿地土壤($P < 0.05$)。此外,旱地土壤的有机质含量显著高于湿地土壤($P < 0.05$),特别是竹林的有机质含量最高。然而,并未发现湿地与旱地土壤的 pH 值之间存在显著差异。

2.2 不同土地利用方式下土壤微生物多样性

通过 16S rRNA 基因高通量测序共获得 207 537 条基因序列。这些序列涵盖 26 150 个 OTU。它们分属于细菌的 49 个门 147 个纲 3 709 个目 5 097 个科 8 217 个属。通过微生物多样性分析进一步探究样品间物种丰度分布差异程度。其

表 1 湿地土壤与旱地土壤的理化因子

Table 1 Physical and chemical factors of wetland soil and dryland soil

| The way of land use | Samples | Water content (%) | SOC (g/kg) | pH |
|---------------------|---|-------------------|-------------|------|
| Dryland (DL) | T1 香樟 <i>Cinnamomum camphora</i> (Linn) Presl | 15.53±0.03b | 18.70±0.18a | 4.40 |
| | T2 紫薇 <i>Lagerstroemia indica</i> L. | 15.12±0.44b | 16.50±2.38a | 5.70 |
| | T3 竹林 Bamboo | 16.02±0.46b | 21.45±2.57a | 4.70 |
| Nature wetland (NW) | T4 莎草沼泽 Sedges swamp | 29.34±1.12a | 12.95±0.57b | 5.50 |
| | T5 芦苇沼泽 Reed swamp | 31.87±1.41a | 12.70±0.82b | 6.10 |
| | T6 芦苇柳树 Reeds and willows | 30.16±0.3ba | 14.90±1.38b | 5.60 |

不同小写字母表示差异显著

The different lowercase letters represent the significant difference at the level of 0.05.

中 β 多样性分析结果如图 1 所示, 从图 1 中可以清晰地看出, 仙山湖湿地内的香樟(T1)、紫薇(T2)、竹林(T3)、莎草沼泽(T4)、芦苇沼泽(T5)和芦苇柳树(T6)区域土壤样品被划分为两个主要类别, 前 3 个样品归为旱地(DL), 而后 3 个样品属于湿地(NW)。这种分类结果与 1.2 所述的分类方法相吻合。此外, 应用 Shannon 指数来评估各样品中细菌群落的多样性水平。图 2 展示

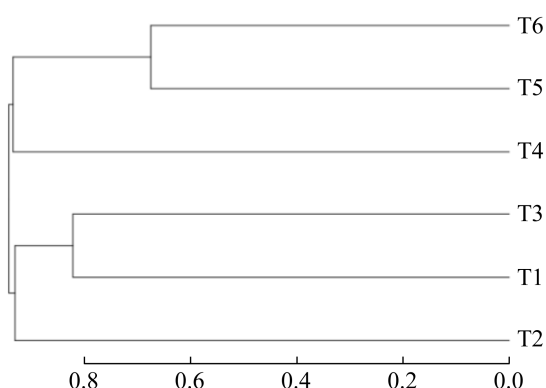


图 1 不同土地利用方式下土壤的层次聚类树
该层次聚类可使用任何有效的距离度量

Figure 1 Hierarchical clustering tree of soil under different land use patterns. This hierarchical clustering can use any valid distance metric.

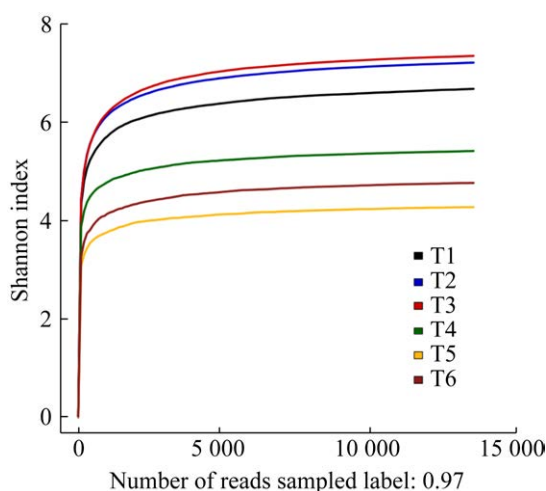


图 2 不同土地利用方式下土壤的 Shannon 指数
Figure 2 Shannon index of different ways of land use.

了旱地和湿地土壤的 Shannon 指数。可以清楚地观察到, 仙山湖湿地旱地土壤样品的 Shannon 指数明显高于湿地土壤样品, 这表明旱地土壤的细菌群落具有更高的多样性。

2.3 不同土地利用方式下细菌群落的物种组成分析

图 3A 表示不同土地利用方式下土壤微生物在门水平上相对丰度均大于 1.0% 的微生物。在旱地样品中, 主要的微生物门包括酸杆菌门 (*Acidobacteria*, 34.41%–63.54%)、变形菌门 (*Proteobacteria*, 9.45%–20.66%)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*, 4.09%–13.03%)、泉古菌门 (*Crenarchaeota*, 3.97%–6.21%)、放线菌门 (*Actinobacteria*, 2.11%–8.18%)、蓝藻门 (*Cyanobacteria*, 1.78%–14.81%)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*, 1.21%–2.94%)、浮霉菌门 (*Planctomycetes*, 1.21%–2.95%) 和拟杆菌门 (*Bacteroidetes*, 1.12%–6%)。这些门的细菌序列占据 87.9%–90.5% 的测序数据。在湿地样品中, 优势菌门为变形菌门 (*Proteobacteria*, 25.48%–56.39%)、蓝藻门 (*Cyanobacteria*, 4.72%–51.56%)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*, 8%–17.42%)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*, 2.77%–5.93%)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*, 1.5%–8.25%)、厚壁菌门 (*Firmicutes*, 1.37%–3.32%) 和硝化螺旋菌门 (*Nitrospirae*, 1.02%–1.2%)。这些门类构成总序列的 86.7%–88.8%。由上述数据可得知, 旱地样品与湿地样品中均存在酸杆菌门和变形菌门, 酸杆菌门是仙山湖旱地土壤的优势类群, 变形菌门是仙山湖湿地土壤的优势类群。

在属水平上(图 3B), 旱地土壤中有 16 个优势 OTU, 湿地土壤中有 18 个优势 OTU。旱地的主要优势菌属为 *Candidatus Solibacter*、*Rhodoplanes*、*Burkholderia*、*Mycobacterium* 和

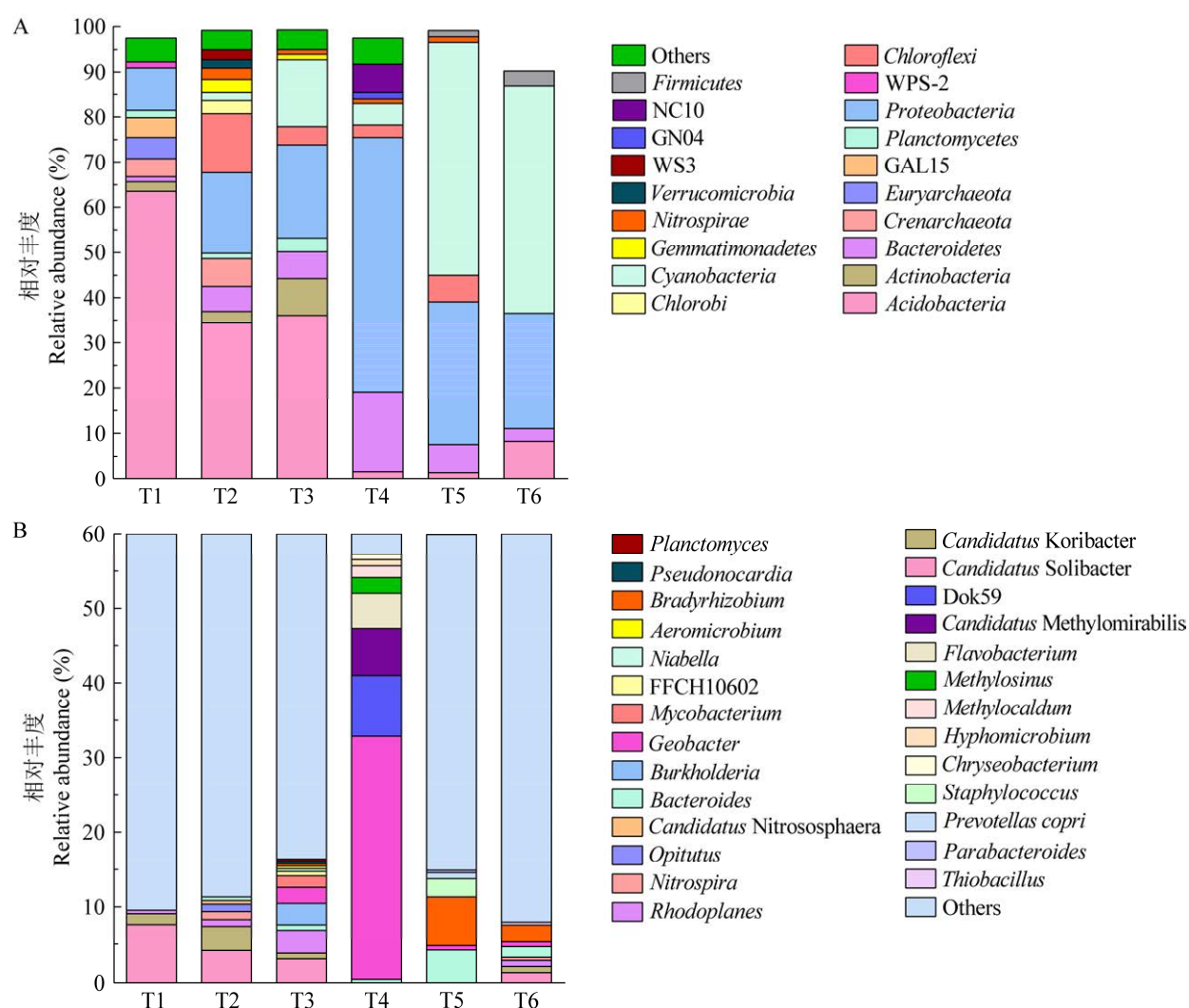


图3 不同土地利用方式下土壤微生物群落组成 A: 门水平. B: 属水平

Figure 3 Soil microbial community composition under different ways of land use. A: Phylum level. B: Genus level.

Candidatus Koribacter, 而湿地的主要优势菌属为 *Geobacter*、*Bacteroides*、*Bradyrhizobium*、*Dok59*、*Candidatus Methyloirabilis* 和 *Flavobacterium*。可见, 在湿地与旱地这两种土地利用方式下, 土壤中的细菌组成在属水平上存在着显著差异。这些结果进一步揭示土地利用方式对土壤微生物群落结构的影响。

2.4 不同土地利用方式下的细菌群落结构

图4 为仙山湖湿地土壤与旱地土壤之间在

门至属水平上微生物丰度的显著差异。在湿地土壤中, 变形菌门的相对丰度显著高于旱地土壤($P<0.05$); 在旱地土壤中酸杆菌门、放线菌门、OD1 门、浮霉菌门、芽单胞菌门、WS3 门、蓝藻门、绿菌门(*Chlorobi*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、装甲菌门(*Armatimonadetes*)的相对丰度显著性高于湿地土壤($P<0.05$)。在属分类学水平上进一步分析, 如图4所示, 在湿地土壤中, 共识别2种微生物相对丰度显著高

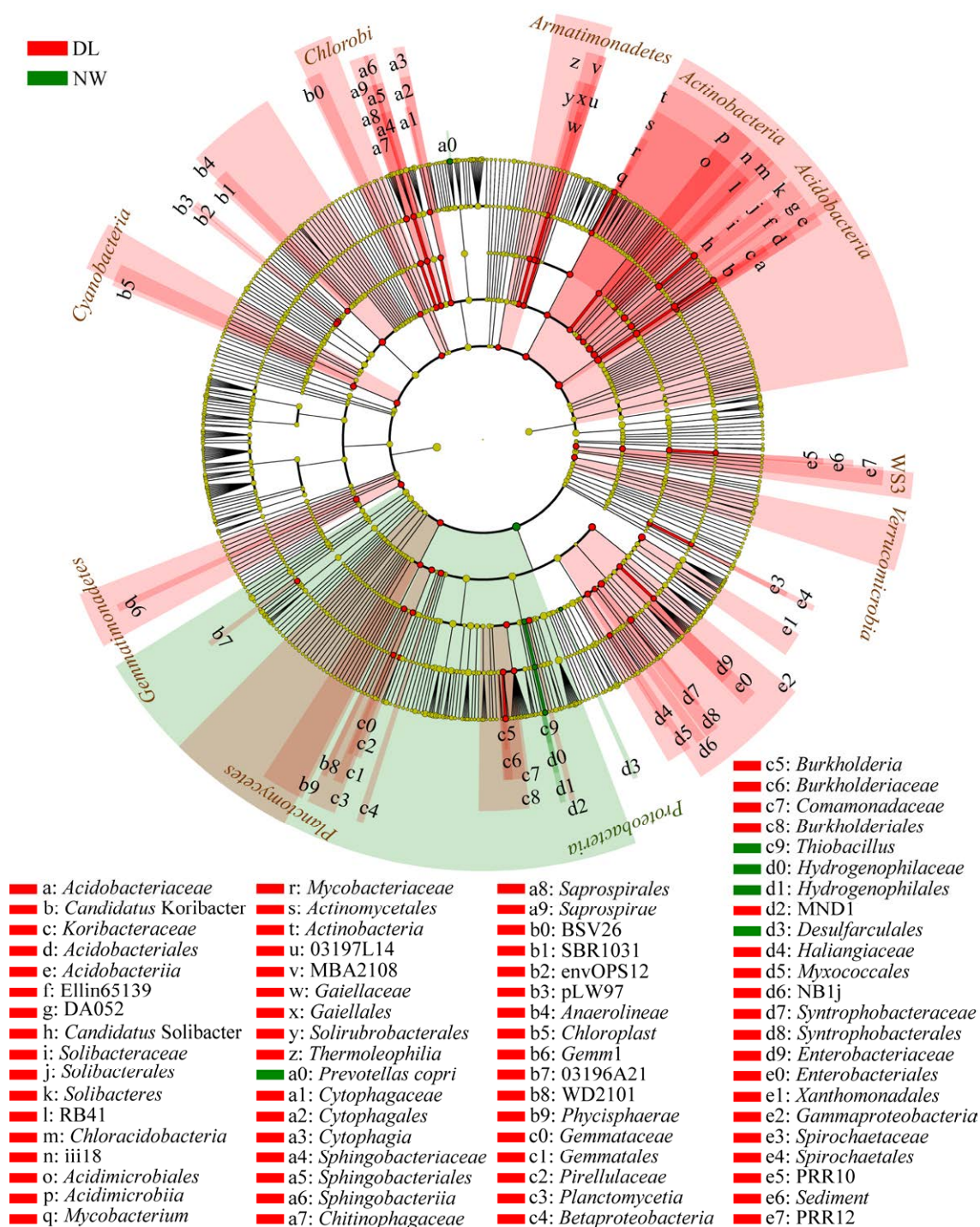


图 4 LEfSe 分析的湿地与旱地土壤微生物的进化分支图 红色：旱地；绿色：天然湿地。相对丰度显著高于其他处理组($P < 0.05$)的微生物用不同颜色表示。不显著和 $LDA < 3.0$ 的微生物种类已被删去，以使图更精简

Figure 4 LEfSe analysis of wetland and dryland soil microbial evolutionary branching map. Red: Drylands; Green: Natural wetlands. The relative abundances of microorganisms were significantly higher than those of other treatments ($P < 0.05$). Nonsignificant and $LDA < 3.0$ microbial species have been removed to make the figure more concise.

于旱地土壤($P<0.05$),分别为变形菌门的硫杆菌属(*Thiobacillus*)和拟杆菌门的普雷沃氏菌(*Prevotellas copri*);在旱地土壤中,共识别4种微生物相对丰度显著高于湿地土壤($P<0.05$),分别为酸杆菌门的 *Candidatus Solibacter*、柯里氏属(*Candidatus Koribacter*),变形菌门的伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia*),以及放线菌门的分枝杆菌属(*Mycobacterium*)。

2.5 不同土地利用方式下微生物群落与环境因子的关系

将测得的理化因子数据作为环境变量,LEfSe分析得到的生物标记物作为微生物变量,使用Canoco5绘制微生物优势OTU与土壤理化因子的冗余分析图(图5),从而深入探究微生物与环境变量因子的关系。在湿地和旱地土壤中,微生物优势OTU的丰度与土壤有机质含量之间表现出显著的正相关,然而与土壤含水量和pH值

之间则呈现负相关。土壤pH值与*Thiobacillus*、*Prevotellas copri*、*Candidatus Koribacter*呈正相关($P<0.05$; $R=0.216$),与*Candidatus Solibacter*、*Mycobacterium*呈负相关($P<0.05$; $R=-0.429$)。土壤含水量与*Prevotellas copri*、*Thiobacillus*呈正相关($P<0.05$; $R=0.248$),与*Candidatus Solibacter*和*Mycobacterium*呈负相关($P<0.05$; $R=-0.437$)。土壤有机质含量与*Burkholderia*、*Mycobacterium*和*Candidatus Solibacter*呈正相关($P<0.05$; $R=0.757$)。

3 讨论

3.1 仙山湖国家湿地公园不同土地利用方式下细菌菌群结构的变化

土壤微生物多样性指数作为衡量生物群落中物种数量的重要标志,其数值大小反映生物多样性的丰富程度。优势指数决定了生物群落内的优势种,生物种群丰度和多样性指数越高,该生态环境越稳定。不同土地利用方式土壤理化指标的差异可能影响微生物组成。该湿地与旱地的含水量差异最为显著(表1),水分保持能力极大地影响孔隙中的氧气含量,从而影响该土壤中微生物的活性。由图5可知,土壤含水量与*Prevotellas copri*、*Thiobacillus*呈正相关,与*Candidatus Solibacter*、*Mycobacterium*呈负相关,研究表明,含水率达到一定值后可能有利于厌氧菌将易降解的蛋白质、脂肪等有机质消化、分解、生长^[18],*Prevotellas copri*和*Thiobacillus*均可在厌氧条件下生长,可能是湿地土壤具有相对低的氧气含量,更适宜它们生长,因此湿地中的*Prevotellas copri*和*Thiobacillus*相对丰度显著高于旱地土壤($P<0.05$) (图4);RDA结果表明,土壤有机质是影响土壤细菌群落结构的主要因子。*Candidatus Solibacter*和*Burkholderia*这些可以利用碳源、分解有机质的细菌与土壤

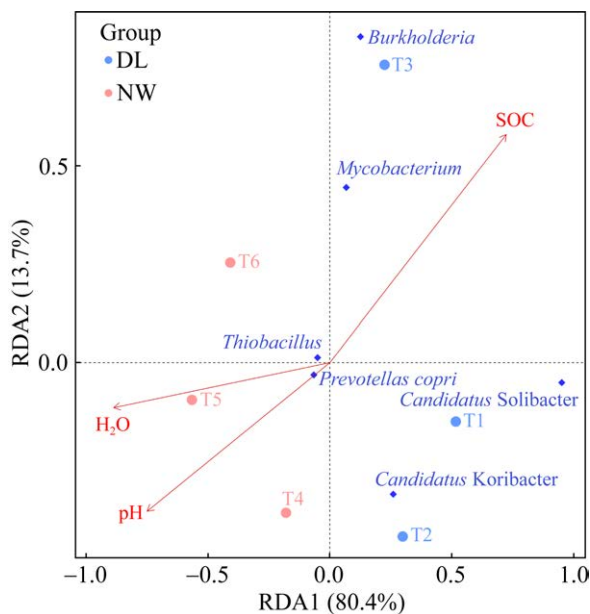


图5 湿地与旱地土壤微生物优势物种的OTU和土壤中理化因子的冗余分析图

Figure 5 Redundancy analysis of microbial dominant OTUs and soil physicochemical factors under wetland and dryland soil.

有机质含量呈现正相关,该旱地中有机质含量均高于该湿地土壤。作为微生物的食用资源,这些碳源不同从而也导致微生物群落结构变化多样。罗晓虹等^[19]发现,植物输入(凋落物和根系)是土壤有机碳的重要来源,且不同土地利用方式下,竹林土壤各粒径团聚体的有机质含量最高。本研究同样发现竹林有机质含量最高,其原因可能是不同土地利用方式中植物群落、残茬落叶和根系分泌物的不同导致微生物群落差异。

在仙山湖国家湿地公园中,旱地土壤中的细菌群落多样性要高于湿地土壤。推测其原因是该湿地土壤样地为沼泽地,长期被水淹没,植物种类相对稀少,因此土壤中有机质含量较低,可能限制了土壤微生物的生长和繁殖,这与贾远航等^[20]的结论一致。在本研究中,旱地的细菌多样性高于湿地,这可能是因为该旱地土壤有机质含量较高,碳源更为丰富,从而为细菌的生长提供了更加适宜的环境。因此,我们可以推测,改变仙山湖国家湿地公园中土地利用方式,极大可能会直接影响土壤的理化性质,进而间接改变该地土壤微生物的群落结构^[21-23]。

3.2 仙山湖国家湿地公园湿地土壤与旱地土壤细菌生物标记物的差异

在仙山湖国家湿地公园中,湿地土壤和旱地土壤之间存在明显的细菌生物标记物差异(图4)。在湿地土壤中,变形菌门中的 *Thiobacillus* 以及拟杆菌门中的 *Prevotellas copri* 呈现相对较高的相对丰度。而在旱地土壤中,酸杆菌门中的 *Candidatus Solibacter* 和 *Candidatus Koribacter*, 变形菌门中的 *Burkholderia*, 以及放线菌门中的 *Mycobacterium* 显示出显著的优势。这些优势菌属在微生物群落平衡中起着重要的调节作用,能够显著影响微生物群落的组成和结构^[24]。

进一步分析发现,旱地土壤里的生物标记物 *Candidatus Koribacter* 与土壤 pH 呈正相关。

值得注意的是, *Candidatus Koribacter* 属于酸杆菌门,其对土壤 pH 的敏感调节与 Jones 等^[25]的发现一致,交换性镁和 pH 与酸杆菌门的丰度存在显著正相关关系,这与本实验中的结论一致。这些结果揭示了土壤环境因子与微生物生态之间复杂的相互关系。

现有研究表明,有机质含量与土壤内的生物标记物密切相关。已有研究表明 *Candidatus Solibacter* 是一类专注于有机质降解和碳源利用的细菌属^[26-28],其存在与土壤有机质含量呈正相关关系^[29],且主要分布于有机质丰富的土壤中^[30-31]。另外,伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia*)作为一类功能多样、广泛分布的细菌,在各种生态位如土壤和植物内占有重要地位^[32]。研究显示,伯克霍尔德氏菌在甘蔗根部表面形成了生物膜,且通过免疫反应在植物根部定殖;为了应对这一氧气限制,甘蔗则扩大根部通气组织,同时为细菌提供光合产物^[33]。本研究的结果显示,旱地土壤的 *Candidatus Koribacter* 和 *Burkholderia* 含量明显高于湿地土壤,这也可能是导致旱地土壤有机质含量较高的因素之一。

4 结论

在仙山湖湿地系统中,湿地与旱地的菌群结构明显不同。旱地的优势菌门为酸杆菌门、变形菌门、绿弯菌门、泉古菌门、放线菌门、蓝藻门、芽单胞菌门、浮霉菌门和拟杆菌门。主要优势菌属为 *Candidatus Solibacter*、*Candidatus Koribacter*、*Rhodoplanes*、*Burkholderia* 和 *Mycobacterium*。生物标记物为 *Candidatus Solibacter*、*Candidatus Koribacter*、*Mycobacterium*、*Burkholderia*。湿地的优势菌门为变形菌门、蓝藻门、拟杆菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、厚壁菌门和硝化螺旋菌门。主要优势菌属为 *Geobacter*、*Bacteroides*、*Bradyrhizobium*、*Dok59*、*Candidatus*

Methylobacterium 和 *Flavobacterium*。 *Thiobacillus* 和 *Prevotellas copri* 则是湿地土壤的显著生物标记物。

与土壤环境因子的关系分析表明, 土壤含水量与 *Prevotellas copri*、*Thiobacillus* 呈正相关, 与 *Candidatus Solibacter*、*Mycobacterium* 呈负相关。土壤 pH 与 *Thiobacillus*、*Prevotellas copri*、*Candidatus Koribacter* 呈正相关, 与 *Candidatus Solibacter*、*Mycobacterium* 呈负相关; 有机质含量与 *Burkholderia*、*Mycobacterium*、*Candidatus Solibacter* 呈正相关。可见土地利用方式变化引起的环境因子的变化, 显著影响了仙山湖国家湿地公园湿地土壤的细菌菌群结构。

在湿地生态系统中, 微生物群落的多样性和相对丰度受到多种环境因子的共同影响, 包括含水量、有机质含量和土壤 pH 值等。在分析环境因素与微生物群落结构的相关性时, 很难归咎于单一环境因子, 原因是微生物群落变化与多种环境因子耦合相关^[34]。有研究认为, 不同的土地耕作形式会形成不同的土壤微生物的多样性^[35]。此外, 土壤理化因子如土壤 pH 值、土壤温度、土壤质地及土壤含水量都会影响土壤微生物群落的结构与类型^[36]。因此, 深入研究不同土地利用方式下土壤细菌群落与土壤理化因子之间的关系, 不仅有助于更好地理解微生物群落的变化机制, 还可为仙山湖湿地生态系统的健康评价与修复提供有力的数据支持, 同时也为湿地资源的保护提供理论依据, 有助于制定更有效的保护策略, 促进湿地生态系统的可持续发展。

REFERENCES

- [1] 陈宜瑜, 吕宪国. 湿地功能与湿地科学的研究方向[J]. 湿地科学, 2003, 1(1): 7-11.
CHEN YY, LÜ XG. The wetland function and research tendency of wetland science[J]. Wetland Science, 2003, 1(1): 7-11 (in Chinese).
- [2] 王勇辉, 焦黎. 艾比湖湿地土壤有机碳及储量空间分布特征[J]. 生态学报, 2016, 36(18): 5893-5901.
WANG YH, JIAO L. The characteristics and storage of soil organic carbon in the Ebinur Lake wetland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(18): 5893-5901 (in Chinese).
- [3] 李海涛, 沈文清, 刘琪璟, 于贵瑞. 湿地生态系统的碳循环研究进展[J]. 江西科学, 2003, 21(3): 160-167.
LI HT, SHEN WQ, LIU QJ, YU GR. On the study of carbon cycle in wetland ecosystems[J]. Jiangxi Science, 2003, 21(3): 160-167 (in Chinese).
- [4] XU ZW, YU GR, ZHANG XY, GE JP, HE NP, WANG QF, WANG D. The variations in soil microbial communities, enzyme activities and their relationships with soil organic matter decomposition along the northern slope of Changbai Mountain[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 86: 19-29.
- [5] WU HL, WANG XZ, HE XJ, ZHANG SB, LIANG RB, SHEN J. Effects of root exudates on denitrifier gene abundance, community structure and activity in a micro-polluted constructed wetland[J]. Science of the Total Environment, 2017, 598: 697-703.
- [6] 刘洋, 黄懿梅, 曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J]. 环境科学, 2016, 37(10): 3931-3938.
LIU Y, HUANG YM, ZENG QC. Soil bacterial communities under different vegetation types in the Loess Plateau[J]. Environmental Science, 2016, 37(10): 3931-3938 (in Chinese).
- [7] BOSSUYT H, DENEK K, SIX J, FREY SD, MERCKX R, PAUSTIAN K. Influence of microbial populations and residue quality on aggregate stability[J]. Applied Soil Ecology, 2001, 16(3): 195-208.
- [8] 张华, 李贺鹏, 岳春雷, 刘彬, 潘国良. 仙山湖国家湿地公园生态系统服务功能价值评估[J]. 广东林业科技, 2015, 31(5): 41-46.
ZHANG H, LI HP, YUE CL, LIU B, PAN GL. Evaluation on the ecosystem services of Xianshan Lake national wetland park[J]. Guangdong Forestry Science and Technology, 2015, 31(5): 41-46 (in Chinese).
- [9] 张华, 傅宇, 朱培, 毛慧. 长兴仙山湖国家湿地公园湿地资源及其保护研究[J]. 华东森林经理, 2014, 28(4): 44-47.
ZHANG H, FU Y, ZHU P, MAO H. Study on wetland resources and protection in Changxing Xianshanhu national wetland park[J]. East China Forest Management, 2014, 28(4): 44-47 (in Chinese).
- [10] 姚贤林, 严小宝. 浙江长兴仙山湖湿地公园现状分

- 析、景点规划与形象策划[J]. 华东森林经理, 2009, 23(3): 57-60.
- YAO XL, YAN XB. Present situation analysis, scenic spot planning and image planning of Xianshanhu wetland park in Changxing, Zhejiang Province[J]. East China Forest Management, 2009, 23(3): 57-60 (in Chinese).
- [11] 蒋敏, 朱培, 孙勇, 沈杨. 仙山湖国家湿地公园湿地类型分析及生态系统研究[J]. 华东森林经理, 2017, 31(3): 42-45.
- JIANG M, ZHU P, SUN Y, SHEN Y. Wetland type analysis and ecosystem research of Xianshan Lake National Wetland Park[J]. East China Forest Management, 2017, 31(3): 42-45 (in Chinese).
- [12] 唐盛. 湿地公园景观规划研究: 以仙山湖湿地公园为例[D]. 杭州: 浙江农林大学硕士学位论文, 2017.
- TANG S. The study on landscape planning and design of wetland park: A case study on XianShan Lake Wetland Park[D]. Hangzhou: Master's Thesis of Zhejiang A&F University, 2017 (in Chinese).
- [13] 胡孙田, 沈晓飞, 方黎明, 孔立方, 黄文荧. 浙江长兴仙山湖国家湿地公园森林风景资源调查与评价[J]. 吉林林业科技, 2020, 49(2): 32-34, 40.
- HU ST, SHEN XF, FANG LM, KONG LF, HUANG WY. Investigation and evaluation of forest landscape resources in Changxing Xianshan Lake national wetland park of Zhejiang Province[J]. Journal of Jilin Forestry Science and Technology, 2020, 49(2): 32-34, 40 (in Chinese).
- [14] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- LU RK. Methods of Soil Agrochemical Analysis[M]. Beijing: China Agriculture Sciencetech Press, 2000 (in Chinese).
- [15] CUI EP, WU Y, ZUO YR, CHEN H. Effect of different biochars on antibiotic resistance genes and bacterial community during chicken manure composting[J]. Bioresource Technology, 2016, 203: 11-17.
- [16] HUANG LP, WANG Q, JIANG LJ, ZHOU P, QUAN X, LOGAN BE. Adaptively evolving bacterial communities for complete and selective reduction of Cr(VI), Cu(II), and Cd(II) in biocathode bioelectrochemical systems[J]. Environmental Science & Technology, 2015, 49(16): 9914-9924.
- [17] 金字. 生物肥影响下的镉活性和稻米镉富集机理[D]. 杭州: 浙江大学硕士学位论文, 2021.
- JIN Y. Mechanisms of cadmium activity and its accumulation in rice grain under biofertilizer application[D]. Hangzhou: Master's Thesis of Zhejiang University, 2021 (in Chinese).
- [18] 陈德强. 市政脱水污泥厌氧消化过程中产气规律研究[D]. 成都: 西南石油大学硕士学位论文, 2015.
- CHEN DQ. Study on the law of gas production during anaerobic digestion of municipal dehydrated sludge[D]. Chengdu: Master's Thesis of Southwest Petroleum University, 2015 (in Chinese).
- [19] 罗晓虹, 王子芳, 陆畅, 黄容, 王富华, 高明. 土地利用方式对土壤团聚体稳定性和有机碳含量的影响[J]. 环境科学, 2019, 40(8): 3816-3824.
- LUO XH, WANG ZF, LU C, HUANG R, WANG FH, GAO M. Effects of land use type on the content and stability of organic carbon in soil aggregates[J]. Environmental Science, 2019, 40(8): 3816-3824 (in Chinese).
- [20] 贾远航, 靳振江, 袁武, 程跃扬, 邱江梅, 梁锦桃, 潘复静, 刘德深. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, 40(7): 3313-3323.
- JIA YH, JIN ZJ, YUAN W, CHENG YY, QIU JM, LIANG JT, PAN FJ, LIU DS. Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst wetland, China[J]. Environmental Science, 2019, 40(7): 3313-3323 (in Chinese).
- [21] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 倪银霞. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, 39(4): 1824-1832.
- CHEN ML, ZENG QC, HUANG YM, NI YX. Effects of the farmland-to-forest/grassland conversion program on the soil bacterial community in the Loess Hilly Region[J]. Environmental Science, 2018, 39(4): 1824-1832 (in Chinese).
- [22] 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[J]. 生态学报, 2015, 35(4): 965-971.
- ZHANG J, HU W, LIU YZ, GE G, WU L. Response of soil microbial functional diversity to different land-use types in wetland of Poyang Lake, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(4): 965-971 (in Chinese).
- [23] 林黎, 崔军, 陈学萍, 方长明. 滩涂围垦和土地利用对土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报, 2014, 34(4): 899-906.
- LIN L, CUI J, CHEN XP, FANG CM. Effects of reclamation on tidal flat and land use on soil microbial community[J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(4): 899-906 (in Chinese).

- [24] 罗鑫, 张海燕, 刘明元, 邵彪. 稻田土壤微生物群落多样性研究进展[J]. 安徽农业科学, 2018, 46(21): 42-43, 47.
LUO X, ZHANG HY, LIU MY, SHAO B. Study review on microbial community diversity in paddy soils[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2018, 46(21): 42-43, 47 (in Chinese).
- [25] JONES RT, ROBESON MS, LAUBER CL, HAMADY M, KNIGHT R, FIERER N. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses[J]. The ISME Journal, 2009, 3(4): 442-453.
- [26] 张福特, 黄惠琴, 崔莹, 孙前光, 朱军, 刘敏, 鲍时翔. 佳西热带雨林土壤芽胞杆菌分离与多样性分析[J]. 微生物学杂志, 2014, 34(4): 42-46.
ZHANG FT, HUANG HQ, CUI Y, SUN QG, ZHU J, LIU M, BAO SX. Isolation and diversity of *Bacillus* species from Jiayi tropical rain forest soil[J]. Journal of Microbiology, 2014, 34(4): 42-46 (in Chinese).
- [27] RIME T, HARTMANN M, BRUNNER I, WIDMER F, ZEYER J, FREY B. Vertical distribution of the soil microbiota along a successional gradient in a glacier forefield[J]. Molecular Ecology, 2015, 24(5): 1091-1108.
- [28] YU ZH, LI YS, WANG GH, LIU JJ, LIU JD, LIU XB, HERBERT SJ, JIN J. Effectiveness of elevated CO₂ mediating bacterial communities in the soybean rhizosphere depends on genotypes[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2016, 231: 229-232.
- [29] 杜思瑶, 于淼, 刘芳华, 肖雷雷, 张洪霞, 陶军, 顾卫, 顾京晏, 陈茜. 设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(11): 1615-1625.
DU SY, YU M, LIU FH, XIAO LL, ZHANG HX, TAO J, GU W, GU JY, CHEN X. Effect of facility management regimes on soil bacterial diversity and community structure[J]. Chinese Journal of Eco-agriculture, 2017, 25(11): 1615-1625 (in Chinese).
- [30] 赵贵明, 赵勇胜, 杨海荣, 陈颖. 环状脂肪酸芽胞杆菌的检测与控制研究进展[J]. 检验检疫学刊, 2011, 21(3): 8-12.
ZHAO GM, ZHAO YS, YANG HR, CHEN Y. Review on the detection and control of *Alicyclobacillus* spp.[J]. Journal of Inspection and Quarantine, 2011, 21(3): 8-12 (in Chinese).
- [31] 张栋, 张晓瑜, 汤辉, 张秀敏, 张利平. 河北平泉农田土壤放线菌物种多样性筛查[J]. 食品工业科技, 2014, 35(8): 197-201.
ZHANG D, ZHANG XY, TANG H, ZHANG XM, ZHANG LP. Screening of species diversity of farmland soil *Actinomyces* in Pingquan, Hebei Province[J]. Science and Technology of Food Industry, 2014, 35(8): 197-201 (in Chinese).
- [32] COENYE T, VANDAMME P. Diversity and significance of *Burkholderia* species occupying diverse ecological niches[J]. Environmental Microbiology, 2003, 5(9): 719-729.
- [33] 张珂飞, 钟永嘉, 孙丽莉, 廖红. 植物有益伯克霍尔德氏菌的研究进展及其在农业中的应用[J]. 微生物学报, 2021, 61(8): 2205-2218.
ZHANG KF, ZHONG YJ, SUN LL, LIAO H. Plant-associated beneficial *Burkholderia*[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(8): 2205-2218 (in Chinese).
- [34] 吴燕锋, 章光新. 湿地生态水文模型研究综述[J]. 生态学报, 2018, 38(7): 2588-2598.
WU YF, ZHANG GX. Review of development, frontiers and prospects of wetlands eco-hydrological models[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(7): 2588-2598 (in Chinese).
- [35] 高鹤. 植物根际微生物研究进展[J]. 农业科技与装备, 2021(1): 24-26.
GAO H. Research process on plant rhizosphere microorganisms[J]. Agricultural Science & Technology and Equipment, 2021(1): 24-26 (in Chinese).
- [36] 邱远金, 赵亚琴, 张际昭, 樊丛照, 阿依别克·热合木都拉, 王果平, 朱军. 基于高通量测序研究番红花不同生长期根际土壤中真菌群落结构及多样性[J]. 中国现代中药, 2023, 25(3): 574-581.
QIU YJ, ZHAO YQ, ZHANG JZ, FAN CZ, Aybek-Rehmetulla, WANG GP, ZHU J. Fungal community structures and diversities in rhizosphere soils of *Crocus sativus* L. in different growth stages based on high-throughput sequencing[J]. Modern Chinese Medicine, 2023, 25(3): 574-581 (in Chinese).