

互花米草入侵对广西北部湾盐沼湿地土壤微生物的影响

徐惠民^{1,2,3}, 陈振华^{1,2}, 王俊健^{1,2}, 谭沉艳^{1,2}, 蒙泓吉¹,
戴梦菁¹, 张 燕¹, 丛丕福⁴

(1.北部湾大学 海洋学院, 广西 钦州 535011; 2.广西北部湾海洋环境变化与灾害研究重点实验室, 广西 钦州 535011; 3.北部湾海洋生态环境广西野外科学观测研究站, 广西 钦州 535011; 4.国家海洋环境监测中心, 辽宁 大连 116023)

摘 要:为探究互花米草入侵后土壤微生物群落结构的变化机制,在广西北部湾盐沼湿地选择 4 组互花米草盐沼湿地土壤和光滩盐沼湿地土壤对照站位,采集土样进行 16S rDNA 测序,分析土壤微生物群落组成和多样性差异,利用典范对应分析方法(CCA)研究微生物与理化因子间的关系。结果表明,互花米草入侵广西北部湾盐沼湿地后,土壤微生物群落优势种发生改变,丰度(门水平)居前 5 位的微生物为 Proteobacteria > Acidobacteria > Chloroflexi > Actinobacteria > Bacteroidetes。其中,互花米草的指示性物种(Chloroflexi)由第 4 位上升至第 3 位;土壤微生物多样性波动明显;CCA 分析表明,土壤盐度和土壤湿度是互花米草入侵后土壤微生物群落变化的主要因素($P < 0.05$)。

关键词:互花米草;土壤微生物;盐沼湿地;环境效应;土壤理化因子;北部湾

中图分类号:X171

文献标识码:A

文章编号:1007-6336(2025)01-0001-09

Effects of *Spartina alterniflora* invasion on soil microbial community structure in salt marsh wetland in Beibu Gulf, Guangxi

XU Huimin^{1,2,3}, CHEN Zhenhua^{1,2}, WANG Junjian^{1,2}, TAN Chenyan^{1,2},
MENG Hongji¹, DAI Mengjing¹, ZHANG Yan¹, CONG Peifu⁴

(1.College of Marine Sciences, Beibu Gulf University, Qinzhou 535011, China; 2.Guangxi Key Laboratory of Marine Environmental Change and Disaster in Beibu Gulf, Qinzhou 535011, China; 3.Beibu Gulf Marine Ecological Environment Field Observation and Research Station of Guangxi, Qinzhou 535011, China; 4.National Marine Environmental Monitoring Center, Dalian 116023, China)

Abstract: To explore the regime shift of soil microbial community structure after *Spartina alterniflora* invasion, four soil samples were collected from mudflats with and without *S. alterniflora* in Beibu Gulf, Guangxi. 16S rDNA was used to analyze the differences in soil microbial community composition and diversity. Canonical correspondence analysis was used to study the correlation between soil microorganisms and soil physio-chemical characteristics. The results showed that the rank of dominant species of soil microbial community changed after *S. alterniflora* invasion in the mudflat of Beibu Gulf, Guangxi. The top five phylum

收稿日期:2023-12-28, 修订日期:2024-03-21

基金项目:广西自然科学基金(2024JJH130005);广西自然科学基金(2020JJA150012);广西重点研发计划(AB21076016);广西北部湾海洋环境变化与灾害研究重点实验室自主课题(2022ZD05);北部湾海洋生态环境广西野外科学观测研究站(科研能力建设)(桂科 23-026-271)

作者简介:徐惠民(1971—),男,辽宁朝阳人,副教授,主要从事生态系统动力学研究, E-mail: 13941164513@163.com

通信作者:张 燕(1971—),女,辽宁大连人,助理工程师,主要从事生物技术研究, E-mail: 124815129@qq.com

丛丕福, E-mail: congpeifu@163.com

in abundance were Proteobacteria > Acidobacteria > Chloroflexi > Acinobacteria > Bacteroidetes. Among them, the indicator species of *S. alterniflora*, i.e., Chloroflexi increased from the top fourth to the third. Soil microbial diversity fluctuated significantly. CCA analysis showed that soil salinity and humidity were the main factors affecting the regime shift of microbial community after *S. alterniflora* invasion ($P < 0.05$).

Key words: *Spartina alterniflora*; soil microorganisms; salt marsh; environmental effects; soil properties; Beibu Gulf

微生物在元素的生物地球化学循环中具有重要地位,可影响生态系统的许多重要过程^[1]。外来物种成功入侵后会改变土壤条件,进一步影响土壤微生物群落^[2],即微生物可以对外来植物入侵做出快速反应^[3]。互花米草原产于美洲西海岸,自1979年被引入我国后,虽在促淤、护滩和保堤方面发挥了重要作用,但因适应性广、繁殖能力强,其迅速扩散并侵占了本地物种生境,成为中国滨海湿地生态系统中最典型的入侵植物之一^[4]。互花米草入侵一方面改善土壤理化性质,另一方面改变土壤微生物群落结构^[5],由此可根据土壤微生物群落结构判断土壤质量变化^[6],为深入分析土壤微生物群落对互花米草入侵的响应机制提供基础。

互花米草根际土壤微生物研究目前主要有三个方向。第一,微生物群落结构对互花米草入侵的响应,如与光滩相比,江苏沿海互花米草使土壤微生物量增加^[5],且细菌>放线菌>真菌^[7];而闽江河口则是细菌>真菌>放线菌^[8];上海崇明东滩中潮带互花米草根际细菌的丰富度和多样性均显著高于本土植物^[9]。第二,互花米草入侵导致土壤中功能菌的变化,如福建沿海互花米草入侵导致红树植物土壤中微生物组成变化,铁还原菌的丰度发生改变^[10]。第三,互花米草入侵(包括入侵后原生植被的恢复等)后景观的变化导致土壤微生物机制改变,如景观改变后,N成为土壤微生物群落结构变化的主导因子^[11]。

广西北部湾西场镇潮间带盐沼湿地在2011年出现互花米草,随着时间的推移,从最初零散分布的小斑块聚集成连续片状的整体,近年呈持续扩张态势,但有关其土壤微生物的群落组成的研究尚未见相关报道。鉴于此,本文分析了广西北部湾西场镇潮间带互花米草盐沼湿地与光滩盐沼湿地土壤微生物群落间的结构差异,揭

示了盐沼湿地土壤微生物群落对互花米草入侵的响应机制。本文分析基于如下基础:(1)植物决定了土壤微生物的群落结构,且植物根系对根际微生物群落结构的影响程度高于土壤类型以及采样位点^[2];(2)在较小的空间尺度上,微生物分布受盐度梯度、水周期梯度控制^[12-13],即假定潮间带的微生物分布沿海岸线呈带状分布;(3)在很小的空间(<50 m)、均质环境下(基质相同、植被相同),微生物的群落结构保持稳定。

1 材料与方法

1.1 研究区

研究区为中国广西壮族自治区北海市合浦县西场镇滩涂潮间带(21°36'00"N—21°36'55"N, 108°54'40"E—108°56'50"E)。研究区年平均气温约为23℃,年降水量约1660 mm,约78%集中在5—9月。研究区潮滩为粉砂淤泥质,潮汐为正规全日潮,潮流基本为往复流^[14]。

研究区在2010年以前为光滩,2011年以后有零星互花米草出现,2013年、2016年、2021年互花米草呈暴发式扩张^[15]。

1.2 样品采集

在西场镇滩涂潮间带沿海岸设置2条垂直断面,每个断面自岸边向离岸方向设4个采样站位,其中,互花米草盐沼湿地站位和对照的光滩湿地站位各2个,组成2组,每组互花米草盐沼湿地和光滩湿地采样站位距离<50 m(图1)。

2019年10月,在互花米草盐沼湿地土壤和光滩湿地土壤,1 m×1 m样方内,采用多点取样法,取0~20 cm表层土样,装入写有编号的聚乙烯密封袋中带回实验室。

1.3 理化性质分析

土壤盐度、电导率、湿度采用TR-6D土壤盐度计测定;总氮(TN)、总磷(TP)采用流动分析法

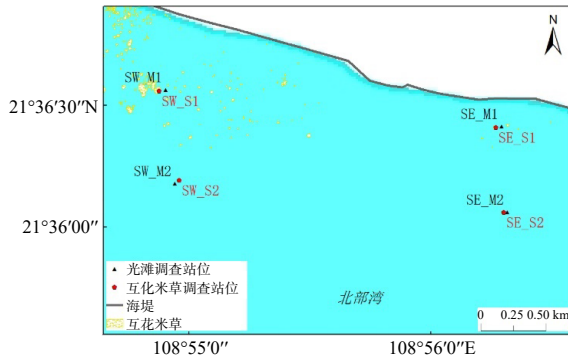


图 1 广西壮族自治区北部湾盐沼湿地采样站点

Fig. 1 Spatial distribution of Sampling points in salt marsh in Beibu Gulf, Guangxi Zhuang Autonomous Region, China

(HY/T 147.1—2013), 使用 QuAAtro 连续流动分析仪(德国 Seal 公司)测定; 有机碳(SOC)采用重铬酸钾氧化还原容量法(GB17378.5—2007/18)测定。样品测定前用 4 个标准样做平行样, TN 相对误差为 0%~6.4%, TP 相对误差为 0.1%~1.6%, SOC 相对误差为 0.4%~2.5%, 盐度相对误差为 1.2%~3.5%。

1.4 样品 16S rDNA 测序

将样品放入有冰袋的保温箱, 带回实验室进行 16S rDNA 测序。测序在 Illumina MiSeq 平台

(美国 Illumina 公司)上进行, 按照平台说明生成自动集群和 250 个具有双读取的配对端排序。

1.5 数据处理与分析

使用 Excel 对测试数据初步处理, 使用 R 语言和 MySQL 数据库进行数据分析与制图。

2 结果与讨论

2.1 土壤微生物多样性

东侧断面(SE)OTUs 数量为 3289~4527 个, 西侧断面(SW)OTUs 数量为 4183~4634 个, 西侧断面 OTUs 数量相对较多。文库盖率(Coverage)在 95.5%~96.8%(表 1), 表明土壤中微生物基因序列被较好地检出, 能真实地反映研究区土壤微生物情况。Shannon 指数用于估算样本中微生物的多样性, Shannon 指数越大, 说明群落的多样性越高, 研究区的 Shannon 指数, 除 SE_S1 站位外, 其他三个互花米草盐沼湿地站位与光滩湿地站位相比, 均有所增加。Chao1、ACE 指数在生态学中常用来估计物种总数, 可以评估样本中微生物群落的丰富度。近岸处互花米草盐沼湿地与光滩湿地相比, Chao1、ACE 指数较低, 即土壤微生物多样性降低, 离岸处则相反。

表 1 互花米草入侵后湿地土壤微生物多样性指数

Tab.1 Diversity index of soil microbial community in salt marsh soil after the invasion of *Spartina alterniflora*

断面	站位	湿地类型	OTUs	微生物多样性				文库盖率/(%)
				Shannon	Chao1	ACE	Simpson	
SE	SE_M1	光滩盐沼湿地	4240	10.226	5534.515	5614.117	0.997	95.8
	SE_S1	互花米草盐沼湿地	3289	9.467	4370.006	4403.56	0.993	96.8
	SE_M2	光滩盐沼湿地	4482	10.470	5711.265	5865.332	0.998	95.7
	SE_S2	互花米草盐沼湿地	4527	10.521	5984.785	6050.291	0.998	95.5
SW	SW_M1	光滩盐沼湿地	4634	10.458	5908.065	5972.77	0.997	95.7
	SW_S1	互花米草盐沼湿地	4516	10.584	5868.408	5893.441	0.998	95.7
	SW_M2	光滩盐沼湿地	4183	10.325	5373.336	5373.03	0.997	96.1
	SW_S2	互花米草盐沼湿地	4338	10.415	5848.666	5795.827	0.998	95.7

2.2 土壤微生物 OTU 分布

韦恩图可表明土壤微生物样本中共有和特有的 OTU 数目, 更直观地显示互花米草入侵对湿地土壤微生物群落多样性的影响。互花米草入侵后, 湿地土壤微生物群落结构发生改变, 出

现新物种(图 2)。其中, 互花米草盐沼湿地土壤微生物样本中新出现的物种数量, SE 断面近岸站位小于离岸站位, SW 断面近岸站位大于离岸站位, 即 SE_S1 独有的 OTU 数量 1213 小于 SE_S2 独有的 OTU 数量 1358, SW_S1 独有的 OTU 数

量 1629 大于 SW_S2 独有的 OTU 数量 1487; 近岸站位互花米草盐沼湿地独有的 OTU 数量小于光滩湿地独有的 OTU 数量, 而离岸站位相反, 即 SE_S1、SW_S1 独有的 OTU 数量 1213、1629 分别小于 SE_M1、SW_M1 独有的 OTU 数量 2164、1747, SE_S2、SW_S2 独有的 OTU 数量 1358、1487 分别大于 SE_M2、SW_M2 独有的 OTU 数量 1313、1332。

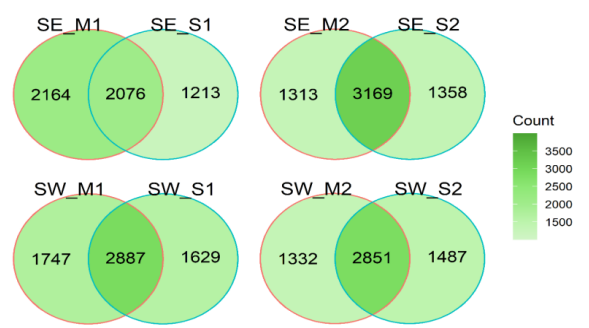


图 2 盐沼湿地土壤微生物 OTUs 分布韦恩图
Fig. 2 Veen of soil microbe OTUs distribution in salt marsh soil after the invasion of *Spartina alterniflora*

2.3 盐沼湿地微生物群落结构

2.3.1 门 (Phylum) 水平的微生物群落结构

根据物种注释结果(表 2), 研究区盐沼湿地土壤微生物共 59 个门。SE_S1 站位门数最少(47 个), SW_S2 站位门数最多(53 个)。其中, SE_S1 站位独有一门 Thermotogae, SW_M1 站位

独有一门 Omnitrophicaeota, SW_S1 站位独有一门 Chlamydiae。

在门水平上, 互花米草入侵后, 盐沼湿地土壤微生物新出现 Kiritimatiellaeota、Thermotogae、Chlamydiae 3 个门, 消失 Atribacteria、PAUC34f、Omnitrophicaeota 3 个门。其中, Kiritimatiellaeota 出现在离岸互花米草盐沼湿地土壤中(SE_S2, 相对丰度 0.0000296%; SW_S2, 相对丰度 0.00593%); Thermotogae 只出现在 SE 断面的近岸互花米草盐沼湿地土壤中(SE_S1, 相对丰度 0.07707%); Chlamydiae 只出现在 SW 断面的近岸互花米草盐沼湿地土壤中(SW_S1, 相对丰度 0.00296%)。Entotheonellaeota 只出现在 SW 断面盐沼湿地土壤中(相对丰度 0.00593%~0.01186%), 未出现在 SE 断面。Halanaerobiaeota, 在 SE 断面的离岸互花米草盐沼湿地中未出现(相对丰度 0.00593%~0.0296%), 而在 SW 断面只出现在近岸互花米草盐沼湿地土壤中(相对丰度 0.00296%)。Atribacteria 只出现在光滩盐沼湿地土壤中(SW_M2 站位未出现)(相对丰度 0.00296%~0.02371%); Omnitrophicaeota 只出现在 SW 断面的近岸光滩盐沼湿地土壤中(SW_M1, 相对丰度 0.00593%); PAUC34f 只出现在 SW 断面的光滩盐沼湿地土壤中(相对丰度 0.00296%)。

表 2 各站位土壤微生物物种种类数量

Tab.2 Number of soil microbial species of sampling sites

物种水平及数量	SE_M1	SE_S1	SE_M2	SE_S2	SW_M1	SW_S1	SW_M2	SW_S2	物种总数
Phylum	49	47	49	49	50	51	51	53	63
独有数量	0	1	0	0	1	1	0	0	3
Genus	329	252	291	311	283	322	261	308	493
独有数量	18	7	10	12	11	15	5	13	91

选择每个站位在门水平上最大相对丰度前 10 名的物种(物种的相对丰度和在 90.630%~95.294%)表征物种分布的主要特征, 分别为 Proteobacteria、Acidobacteria、Chloroflexi、Actinobacteria、Bacteroidetes、Gemmatimonadetes、Epsilonbacteraeota、Nitrospirae、Cyanobacteria、Latescibacteria、Zixibacteria、Spirochaetes、Calditrichaeota。除 SE_M1 和 SE_S1 外, 其他 3

组站位土壤微生物相对丰度前五位的微生物物种相同, 为上述物种的前五位(图 3), 但各站位土壤微生物物种的相对丰度排序不同。土壤微生物物种按相对丰度排序, 排名第一的均为 Proteobacteria, 各站位相对丰度为 43.530%~55.773%; 5 个站位(SE_M2、SE_S2、SW_M1、SW_S1、SW_M2)排名第二的土壤微生物物种为 Acidobacteria, 相对丰度为 9.249%~11.236%;

4 个站位(SE_M2、SW_M1、SW_S1、SW_M2)排名第三的土壤微生物物种为 Chloroflexi, 相对丰度为 7.138%~8.149%; 4 个站位(SE_M2、SW_M1、SW_S1、SW_M2)排名第四的土壤微生物物种为 Actinobacteria, 相对丰度为 5.309%~6.759%; 6 个站位(SE_M2、SE_S2、SW_M1、SW_S1、SW_M2、SW_S2)排名第五的土壤微生物物种为 Bacteroidetes, 相对丰度 4.621%~6.252%。

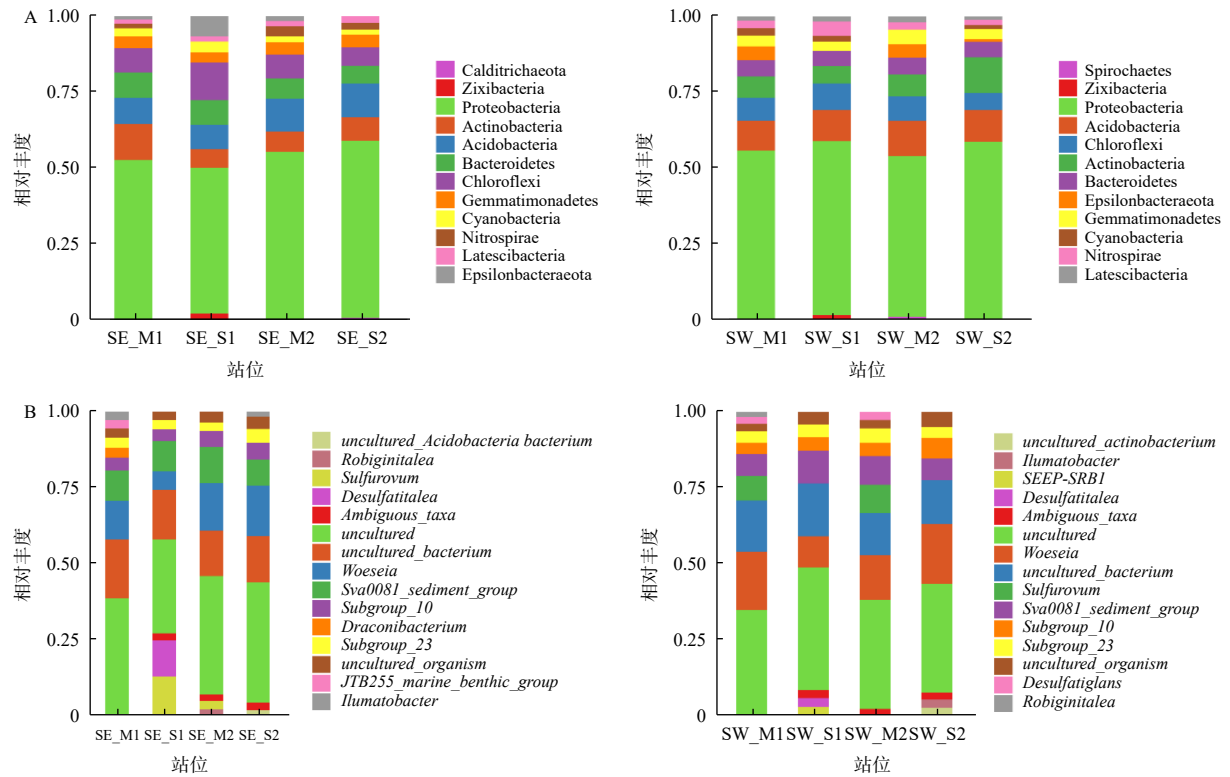


图 3 互花米草入侵前后盐沼湿地土壤微生物门水平(A)和属水平(B)群落组成

Fig. 3 Composition of soil microbe phylum(A) and genes(B) level community in salt marsh soil before and after the invasion of *Spartina alterniflora*

2.3.2 属 (Genus) 水平的微生物群落结构

根据物种注释结果, 研究区盐沼湿地土壤微生物有 493 个属, SE_S1 站位属的数量最少有 252 个, SE_M1 站位属的数量最多有 329 个(表 2)。各站位独有属, SE_S1 站位 7 个为最少, SE_M1 站位 18 个为最多。

属的相对丰度排序, 不考虑属名为空(相对丰度为 36.176%~40.600%), 前 10 位相对丰度范围为 38.130%~45.763%, 其中 8 个站位相对丰度最大属的均为 uncultured(14.128%~16.666%)(图 3), 5 个站位(SE_M2、SE_S2、SW_M1、SW_M2、SW_S2)排名第二的属为 *Woeseia*, 5 个站位(SE_M2、SE_S2、SW_M1、SW_M2、SW_S2)排名第三的属为 uncultured_bacterium, 5 个站位(SE_M1、SE_M2、SE_S2、SW_M2、SW_S2)排

名第四的属为 *Actinobacteria*, 相对丰度位为 5.309%~6.759%; 6 个站位(SE_M2、SE_S2、SW_M1、SW_S1、SW_M2、SW_S2)排名第五的土壤微生物物种为 *Bacteroidetes*, 相对丰度 4.621%~6.252%。

名第四的属为 *Sva0081_sediment_group*, 5 个站位(SE_M1、SE_M2、SE_S2、SW_S1、SW_S2)排名第五的属为 *Subgroup_10*。

2.4 盐沼湿地土壤微生物对互花米草入侵的响应

互花米草入侵后, 盐沼湿地土壤微生物群落发生了两方面的改变: 一是物种种类变化, 二是物种相对丰度变化(图 3)。

门水平上, 互花米草入侵后, 盐沼湿地土壤微生物新出现 *Kiritimatiella* (相对丰度 0.00889%)、*Thermotogae* (相对丰度 0.007707%)、*Chlamydiae* (相对丰度 0.00296%) 3 个门, 消失 *Atribacteria*、*PAUC34f*、*Omnitrophicaeota* 3 个门。

属水平上, 互花米草入侵后, 盐沼湿地土壤微生物新出现 *Candidatus_Thiodiazotropha* (相对

丰度 0.63%)、*Psychromonas*(相对丰度 0.57%)、*uncultured_archaeon_19b-39*(相对丰度 0.13%)、*Desulfovibrio*(相对丰度 0.12%)等 73 个属(相对丰度合计 2.21%),消失 *Aurantimicrobium*、*hgcI_clade* 等 60 个属(相对丰度合计 0.46%)。

将各站位排名前 10 的属,按照丰度进行比较发现,*JTB255_marine_benthic_group*、*Draconibacterium*、*Robiginitalea* 和 *Desulfatiglans* 4 个属在互花米草入侵后消失,而 *Desulfatitalea*、*uncultured_Acidobacteria_bacterium*、*SEEP-SRB1* 和 *uncultured_actinobacterium* 4 个属在互花米草入侵后出现(图 4)。

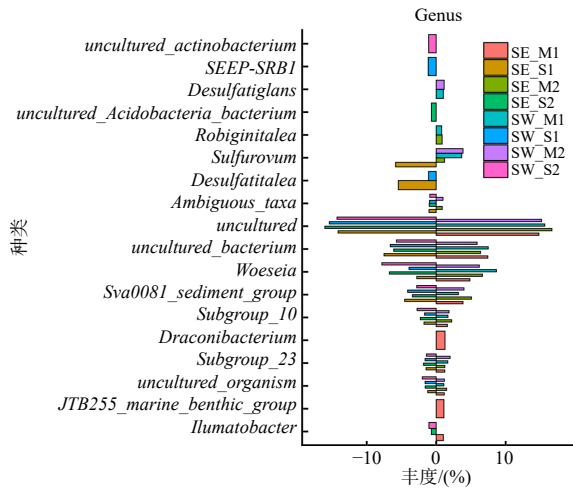


图 4 互花米草入侵后盐沼湿地土壤微生物属水平群落结构变化

Fig. 4 Change of microbe community in salt marsh soil after the invasion of *Spartina alterniflora*(genus level)

不考虑属名为空、属名为 *uncultured*,将相对丰度排名前 20 的属绘制成聚类热图(聚类方法为 complete, 聚类距离为 correlation)(图 5)。聚类热图显示,相对丰度较高的属变化较为剧烈,尤其是 *uncultured_bacterium*、*Woeseia*、*Sva0081_sediment_group*、*Sulfurovum*。其中 *Woeseia* 属的相对丰度,近岸站位互花米草入侵后降低($SE_S1 < SE_M1$, $SW_S1 < SW_M1$),离岸站位升高($SE_S2 > SE_M2$, $SW_S2 > SW_M2$); *Sva0081_sediment_group* 属的相对丰度变化与 *Woeseia* 属的相对丰度变化相反; *Sulfurovum* 属的相对丰度,除 SE_S1 、 SE_M1 组外,其余组都是互花米

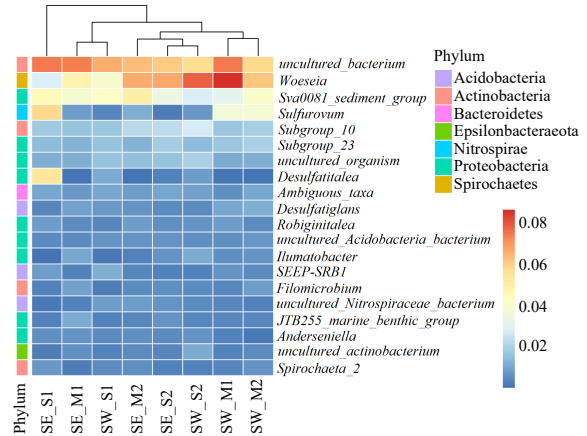


图 5 互花米草入侵后盐沼湿地土壤微生物相对丰度聚类热图

Fig. 5 Cluster heat map of relative abundance of soil microbe in salt marsh after the invasion of *Spartina alterniflora*

草入侵后升高。

聚类热图显示,土壤微生物群落组成与盐沼植物生长有关。互花米草入侵后盐沼湿地土壤微生物结构相似,如 SE_S2 、 SW_S2 聚为一类,而光滩盐沼湿地土壤微生物结构相似,如 SW_M1 、 SW_M2 聚为一类。

2.5 微生物群落建构的环境影响因子

以有机碳(SOC)、总氮(TN)、总磷(TP)、土壤盐度(S)和土壤湿度作为环境因子,通过典范对应分析(CCA)发现,环境因子对群落结构的解释度为 61.99%(图 6)。其中,土壤盐度单因子解释度最高(envfit 分析, $R^2=0.7516$, $P<0.05$),土壤湿度次之(envfit 分析, $R^2=0.7481$, $P<0.05$),说明对微生物群落构建起主要作用的环境因子为土壤盐度和土壤湿度。

2.6 互花米草入侵对土壤微生物群落结构的影响

互花米草入侵光滩后,改变了盐沼湿地的植被类型,进而影响土壤环境及微生物群落的结构和多样性^[8,16-17]。同时,植物根系分泌物和植被凋落物等是土壤微生物可利用的主要碳源,影响土壤微生物群落的结构和多样性^[18]。研究区在互花米草入侵后,土壤微生物群落门水平上前 10 的物种丰度顺序发生了变化,由 $Proteobacteria > Acidobacteria > Actinobacteria > Chloroflexi >$

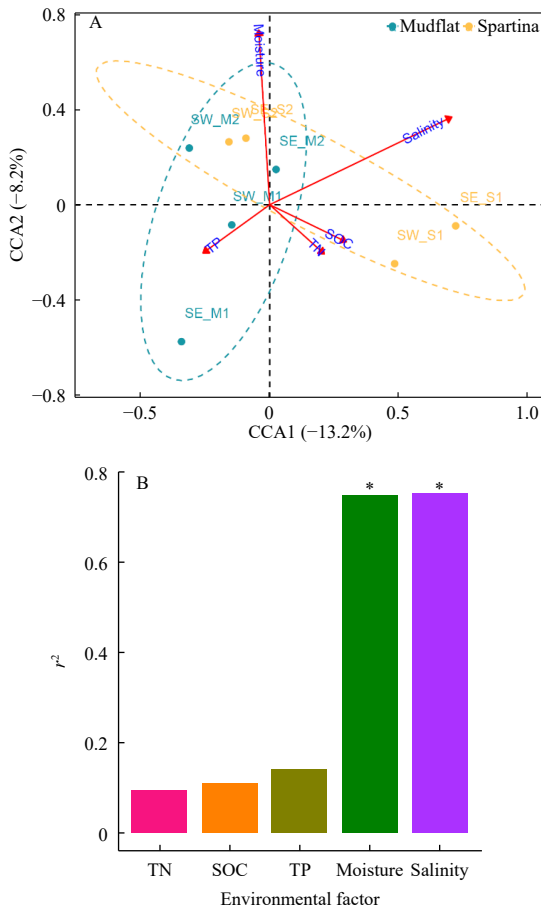


图 6 物种丰度变量解释度

Fig. 6 Explain degree of the variables on the abundance

Bacteroidetes > Gemmatimonadetes > Epsilonbacteraeota > Nitrospirae > Cyanobacteria > Latescibacteria, 变为 Proteobacteria > Acidobacteria > Chloroflexi > Actinobacteria > Bacteroidetes > Gemmatimonadetes > Nitrospirae > Cyanobacteria > Epsilonbacteraeota > Latescibacteria, 即作为互花米草指示微生物物种的 Chloroflexi^[19] 由第 4 位上升至第 3 位, Epsilonbacteraeota 由第 7 位下降至第 9 位。由此看出, 与光滩相比, 互花米草入侵后并未明显改变微生物门水平的群落组成, 但相对丰度出现变化、优势种顺序发生改变。

互花米草入侵后土壤微生物群落门水平上物种丰度顺序与中国浙江乐清湾的不同^[20]。值得注意的是, 本研究区光滩土壤微生物群落门水平上前 5 位物种顺序与中国内陆湿地相同, 而与沿海湿地不同^[21]。

微生物多样性指数可以反映土壤微生物群

落利用碳源类型的差异。Shannon 指数反映土壤微生物群落物种变化度和差异度, 指数值越大, 表示微生物能够利用的碳源种类越多^[22]。一方面互花米草的生物量增加了土壤有机碳的来源^[23], 另一方面土壤 C/N 降低说明土壤中海洋有机碳的增加^[15]。除 SE_S1 站位外, 其余 3 个站位 (SE_S2、SW_S1、SW_S2), Shannon 指数表示的土壤微生物多样性皆由于互花米草的入侵而升高, 与江苏情况相反^[5]。人类活动排入大量营养物质, 增加了土壤微生物多样性^[13], 但邻近海鸭养殖区的 SE_S1 站位土壤微生物多样性大幅度降低, 具体原因尚待进一步分析, 但也说明外来物种对生态多样性的影响是复杂且多变的, 既有积极影响, 又有消极影响, 或者没有影响^[19-20]。

2.7 土壤环境对微生物群落结构的影响

研究表明, 在小尺度空间上环境效应可以显著影响生物的组成^[24]。土壤微生物的生长受控于土壤环境因子, 对土壤环境的变化极为敏感^[17,25]。环境相似的地区, 土壤微生物结构亦相似^[26]。

互花米草的入侵改变了土壤水分和土壤盐度、有机碳浓度^[15,27]。在不同土壤盐度下, 微生物群落具有明显的差异^[28-29]。潮间带土壤湿度表明水淹与曝气程度, 可影响有机质的分解速率, 进而影响土壤微生物生长^[30-31]。

本研究中, 土壤中与营养相关的环境因子, 如 SOC、TN 和 TP 对土壤微生物群落的解释度不高 (表 3), 说明养分不是微生物生长的限制因素。由图 6 可知, TP 对土壤微生物群落的影响为负, 与 Song 等的研究结果一致^[20]。

本研究中, 土壤盐度和土壤湿度是影响土壤微生物群落结构的主要影响因子 (图 6)。高盐分会降低土壤渗透势, 进而影响微生物的群落结构^[27]; 水分是碳和氮有效性的决定性因素, 对土壤微生物群落结构有至关重要的作用^[32]。土壤盐度和土壤湿度沿海岸呈带状分布, 决定了土壤微生物群落沿海岸呈带状分布。CCA 分析表明, 近岸的 4 个站位 (SE_M1、SE_S1、SW_M1、SW_S1) 与离岸的 4 个站位 (SE_M2、SE_S2、SW_M2、SW_S2) 有较大的距离, 说明近岸站位与离岸站位土壤微生物群落存在差异, 距离越

表 3 互花米草入侵对湿地土壤理化性质的影响

Tab.3 Effect of *Spartina alterniflora* invasion on the physical and chemical properties of wetland soil

站位	SOC/(%)	TP/mg·kg ⁻¹	TN/mg·kg ⁻¹	S	湿度/(%)
SE_M1	0.155	83.2	160	799	37
SE_S1	0.189	52.8	140	1523	67
SE_M2	0.173	55.5	156	2520	69
SE_S2	0.14	62.3	141	2146	77
SW_M1	0.117	56.2	124	1746	51
SW_S1	0.258	107	238	1256	34
SW_M2	0.265	83.4	239	2006	60
SW_S2	0.0411	49.4	71.2	2107	73

大, 土壤微生物群落差异越大。图 6 中 SE_M1 和 SE_S1、SW_M1 和 SW_S1 站位之间的距离比离岸的 SE_M2 和 SE_S2、SW_M2 和 SW_S2 站位更大, 表明近岸受人类活动影响更大, 使站位间土壤微生物群落差异明显。互花米草的生长在一定程度上减弱了土壤盐度和土壤湿度的变化, 互花米草土壤站位之间的距离小于光滩站位之间的距离(图 6), 表明互花米草入侵使土壤微生物的群落差异变小。

CCA 分析中环境因子对群落结构的解释度为 61.99%, 说明超过 1/3 的变化仍然无法用测量的环境因素和上覆植被来解释, 可能受到未测量的环境变量、生物相互作用及其他本研究中尚未考虑的历史事件和因素的影响。

3 结论

(1) 互花米草入侵光滩后, 改变了盐沼湿地植被类型并进一步影响湿地的土壤环境。

(2) 光滩土壤微生物群落优势种为 Proteobacteria > Acidobacteria > Actinobacteria > Chloroflexi > Bacteroidetes; 互花米草土壤微生物群落优势种为 Proteobacteria > Acidobacteria > Chloroflexi > Actinobacteria > Bacteroidetes。

(3) 本研究区影响土壤微生物群落的主要环境因素为土壤盐度和土壤湿度。

参考文献:

- [1] WINSBOROUGH C, BASILIKO N. Fungal and bacterial activity in northern Peatlands[J]. Geomicrobiology Journal, 2010, 27(4): 315-320.
- [2] COSTA R, GÖTZ M, MROTZEK N, et al. Effects of site and plant species on rhizosphere community structure as revealed by molecular analysis of microbial guilds[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2006, 56(2): 236-249.
- [3] CAGLE G, LIN Q, GRAHAM S A, et al. Planting *Spartina alterniflora* in a salt marsh denuded of vegetation by an oil spill induces a rapid response in the soil microbial community[J]. Ecological Engineering, 2020, 151: 105815.
- [4] ZHANG D H, HU Y M, LIU M, et al. Introduction and spread of an exotic plant, *Spartina alterniflora*, along coastal marshes of China[J]. Wetlands, 2017, 37(6): 1181-1193.
- [5] 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 [J]. 生态学报, 2005, 25(9): 2304-2311.
- [6] ACHARYA M, ASHWORTH A J, YANG Y C, et al. Soil microbial diversity in organic and non-organic pasture systems [J]. PeerJ, 2021, 9: e11184.
- [7] 叶温乐, 何雪青, 赵平芝, 等. 江苏盐城新洋港互花米草盐沼的微生物区系调查 [J]. 中国农学通报, 2007, 23(8): 420-424.
- [8] 郑 洁, 刘金福, 吴则焰, 等. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应 [J]. 生态学报, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [9] 章振亚, 丁陈利, 肖 明. 崇明东滩湿地不同潮汐带入侵植物互花米草根际细菌的多样性 [J]. 生态学报, 2012, 32(21): 6636-6646.
- [10] 陈 钰, 郑 毅, 王晓彤, 等. 互花米草入侵对河口湿地还原菌群落结构及多样性影响 [J]. 环境科学学报, 2020, 40(12): 4570-4580.
- [11] GAO G F, PENG D, ZHANG Y H, et al. Dramatic change of bacterial assembly process and co-occurrence pattern in *Spartina alterniflora* salt marsh along an inundation frequency gradient[J]. Science of the Total Environment, 2021, 755: 142546.
- [12] BALDWIN A H. Restoring complex vegetation in urban settings: The case of tidal freshwater marshes[J]. Urban Ecosys-

- tems, 2004, 7(2): 125-137.
- [13] WANG J J, PAN F Y, SOININEN J, et al. Nutrient enrichment modifies temperature-biodiversity relationships in large-scale field experiments[J]. *Nature Communications*, 2016, 7: 13960.
- [14] 黎广钊, 梁文, 王欣, 等. 北部湾广西海陆交错带地貌格局与演变及其驱动机制 [M]. 北京: 海洋出版社, 2017: 2-4, 101.
- [15] 徐惠民, 张燕, 王薛平, 等. 广西北部湾不同入侵年份互花米草盐沼湿地土壤有机碳空间分布 [J]. *海洋环境科学*, 2023, 42(3): 405-409.
- [16] VILÀ M, ESPINAR J L, HEJDA M, et al. Ecological impacts of invasive alien plants: a meta-analysis of their effects on species, communities and ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2011, 14(7): 702-708.
- [17] LIN X G, YIN R, ZHANG H Y, et al. Changes of soil microbiological properties caused by land use changing from rice-wheat rotation to vegetable cultivation[J]. *Environmental Geochemistry and Health*, 2004, 26(2/3): 119-128.
- [18] YAN W G, ARTZ R R E, JOHNSON D. Species-specific effects of plants colonising cutover peatlands on patterns of carbon source utilisation by soil microorganisms[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(2): 544-549.
- [19] GAO G F, LI P F, ZHONG J X, et al. *Spartina alterniflora* invasion alters soil bacterial communities and enhances soil N₂O emissions by stimulating soil denitrification in mangrove wetland[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 653: 231-240.
- [20] SONG L, WANG Q X, ZHU Y J, et al. Changes to the structure and function of microbial communities in *Spartina alterniflora* and *Kandelia obovata* sediments as a factor of stand age[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 177: 104544.
- [21] AN J X, LIU C, WANG Q, et al. Soil bacterial community structure in Chinese wetlands[J]. *Geoderma*, 2019, 337: 290-299.
- [22] 李文华, 邵学新, 吴明, 等. 杭州湾生长不同植物的潮滩土壤微生物群落特征 [J]. *湿地科学*, 2013, 11(4): 413-420.
- [23] 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 [J]. *南京大学学报 (自然科学版)*, 2007, 43(5): 494-500.
- [24] MARTINY J B H, BOHANNAN B J M, BROWN J H, et al. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, 4(2): 102-112.
- [25] 林少颖, 陈桂香, 刘旭阳, 等. 互花米草入侵对河口湿地土壤细菌群落结构及多样性影响 [J]. *环境科学学报*, 2020, 40(8): 3001-3012.
- [26] 朱平, 陈仁升, 宋耀选, 等. 祁连山中部 4 种典型植被类型土壤细菌群落结构差异 [J]. *生态学报*, 2017, 37(10): 3505-3514.
- [27] YANG W, JEELANI N, LENG X, et al. *Spartina alterniflora* invasion alters soil microbial community composition and microbial respiration following invasion chronosequence in a coastal wetland of China[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 26880.
- [28] 梅思钰, 余珂, 陈保卫. 盐度影响珠江口浮游细菌形成特殊生态位 [J]. *北京大学学报 (自然科学版)*, 2021, 57(5): 903-915.
- [29] 王文静, 盛彦清. 盐度对鱼鸟河上覆水细菌群落结构的影响 [J]. *生态与农村环境学报*, 2022, 38(5): 628-635.
- [30] BOSSIO D A, FLECK J A, SCOW K M, et al. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(6): 1223-1233.
- [31] HAO R J, LI Z P, CHE Y P. Differences in organic C mineralization between aerobic and submerged conditions in paddy soils of southern Jiangsu Province, China[J]. *Agricultural Sciences in China*, 2011, 10(9): 1410-1418.
- [32] BANERJEE S, HELGASON B, WANG L F, et al. Legacy effects of soil moisture on microbial community structure and N₂O emissions[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 95: 40-50.

(本文编辑: 曲丽梅)