植物资源与环境学报, 2025, 34(2): 40-51, 61 Journal of Plant Resources and Environment

## 福建闽江河口湿地不同植物根际微生物群落结构和功能

王思凡<sup>1,2</sup>,林文波<sup>3</sup>,郭萍萍<sup>3</sup>,王英姿<sup>4</sup>,陈维峰<sup>2</sup>,王晓玲<sup>2</sup>,刘 芳<sup>2</sup>,袁宗胜<sup>1,①</sup>

(1. 闽江学院地理与海洋学院, 福建 福州 350108; 2. 福建农林大学, 福建 福州 350002;

3. 福建闽江河口湿地国家级自然保护区管理处, 福建 福州 350200; 4. 福州市林业局自然保护地中心, 福建 福州 350005)

摘要:为探究福建闽江河口湿地治理互花米草(Spartina alterniflora Loisel.)后种植的乡土植物芦苇[Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.]、短叶茳芏[Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama]、秋茄树 (Kandelia obovata Sheue et al.)根际微生物群落结构,分析3种植物潜在的生态修复功能,采用高通量测序技术对 3种植物根际土壤及光滩(对照)土壤微生物进行测序,并分析微生物群落的结构和功能。结果表明:光滩土壤的 细菌和真菌特有分类操作单元(OTU)数高于3种植物根际土壤。细菌群落中,变形菌门(Proteobacteria)在4个土 壤样本中的相对丰度接近(平均相对丰度 32.75%);芽孢杆菌属(Bacillus)在 3 种植物根际土壤中的相对丰度显著 (P<0.05)高于光滩土壤;黄杆菌属(Flavobacterium)在秋茄树根际土壤中的相对丰度显著高于另3个土壤样本。真 菌群落中,子囊菌门(Ascomvcota)在3种植物根际土壤中占主导地位,相对丰度均显著高于光滩土壤;真菌属水平 的相对丰度在3种植物根际土壤中差异较大。3种植物根际微生物群落α多样性指数整体上与光滩土壤差异显 著。光滩土壤的有效硫和速效钾含量显著高于3种植物根际土壤,而速效磷含量在秋茄树根际土壤中最高,硝态 氮和铵态氮含量在芦苇根际土壤中最高。根际土壤速效磷和速效钾含量与根际微生物群落 4 个 α 多样性指数具 有显著或极显著(P<0.01)相关性。3种植物根际细菌中特化型占比最高(54.26%~57.98%),根际真菌中中性型占 比在 58%以上; 而光滩土壤细菌中中性型占比最高(41.17%), 真菌中泛化型占比最高(52.14%)。异质选择是所有 土壤样本细菌群落的主要构建过程;3种植物根际真菌群落构建过程以扩散限制为主。与光滩土壤相比,3种植物 根际土壤的细菌群落在氮代谢、有机物分解等方面均有提升,其真菌群落中植物病原体真菌相对丰度均有上升。 4个土壤样本中的细菌和真菌群落间主要为共生关系。总体而言,3种植物可显著提升土壤微生物多样性,使土壤 微生物群落的稳定性和功能发生明显变化。

关键词: 生态修复植物; 根际微生物; 高通量测序; 河口湿地

中图分类号: Q938.1<sup>+</sup>3; Q948.12<sup>+</sup>2.3 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2025)02-0040-12 DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2025.02.05

Structures and functions of rhizosphere microbial communities of different plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province WANG Sifan<sup>1,2</sup>, LIN Wenbo<sup>3</sup>, GUO Pingping<sup>3</sup>, WANG Yingzi<sup>4</sup>, CHEN Weifeng<sup>2</sup>, WANG Xiaoling<sup>2</sup>, LIU Fang<sup>2</sup>, YUAN Zongsheng<sup>1,①</sup> (1. College of Geography and Oceanography, Minjiang University, Fuzhou 350108, China; 2. Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 3. Minjiang Estuary Wetland National Nature Reserve Management Office, Fuzhou 350200, China; 4. Nature Reserve Center, Fuzhou Forestry Bureau, Fuzhou 350005, China), J. Plant Resour. & Environ., 2025, 34(2): 40-51, 61

Abstract: To explore the rhizosphere microbial community structures of native plants *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud., *Cyperus malaccensis* subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama, and Kandelia

收稿日期: 2024-09-12

基金项目:福建省林业科技项目(2023FKJ12);福州市林业科技项目(2023RLKY02; 2024RLKY03)

作者简介:王思凡(1999—),男,安徽芜湖人,硕士研究生,主要从事滨海生态环境研究。

<sup>&</sup>lt;sup>①</sup>通信作者 E-mail: yuanzs369@163.com

**引用格式:**王思凡,林文波,郭萍萍,等.福建闽江河口湿地不同植物根际微生物群落结构和功能[J].植物资源与环境学报,2025,34(2):40-51,61.

obovata Sheue et al., planted after the management of Spartina alterniflora Loisel. in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province, and analyze the potential ecological restoration functions of these three plants, the microorganism rhizosphere soil of the three plants and the mud flat (control) soil were sequenced by using high-throughput sequencing technology, and the microbial community structures and functions were analyzed. The results show that the numbers of unique operational taxonomic units (OTU) of bacteria and fungi in the mud flat soil are higher than those in the rhizosphere soil of the three plants. In the bacterial community, the relative abundances of Proteobacteria are similar in the four soil samples (the average relative abundance is 32.75%); the relative abundances of *Bacillus* in the rhizosphere soil of the three plants are significantly (P < 0.05) higher than that in the mud flat soil; the relative abundance of *Flavobacterium* in the rhizosphere soil of *K. obovata* is significantly higher than that in the other three soil samples. In the fungal community, Ascomycota is dominant in the rhizosphere soil of the three plants, and the relative abundances are significantly higher than that in the mud flat soil; the variations of relative abundance at the fungal genus level in rhizosphere soil are relatively large among the three plants. The  $\alpha$  diversity indexes of rhizosphere microbial communities of the three plants are significantly different from that of the mud flat soil in general. The contents of available sulfur and available potassium in the mud flat soil are significantly higher than those in the rhizosphere soil of the three plants, while the available phosphorus content is the highest in the rhizosphere soil of K. obovata, and the contents of nitrate nitrogen and ammonium nitrogen are the highest in the rhizosphere soil of P. australis. The contents of available phosphorus and available potassium in the rhizosphere soil have significant or highly significant (P < 0.01) correlations with the four  $\alpha$  diversity indexes of rhizosphere microbial community. The proportions of specialist are the highest in the rhizosphere bacteria of the three plants (54.26%-57.98%), and the proportions of neutral in the rhizosphere fungi are above 58%; while the proportion of neutral in the bacteria is the highest (41.17%) of the mud flat soil, and the proportion of generalist in the fungi is the highest (52.14%). Heterogeneous selection is the main assembly process of bacterial community in all soil samples; the assembly process of rhizosphere fungal community of the three plants is mainly dispersal limitation. Compared with the mud flat soil, the bacterial communities in the rhizosphere soil of the three plants are enhanced in nitrogen metabolism, organic matter decomposition, etc., and the relative abundances of plant-pathogenic fungi in the fungal community all increase. The bacterial and fungal communities in the four soil samples are mainly symbiotic. Overall, the three plants can significantly enhance the soil microbial diversity, and significantly change the stability and function of the soil microbial communities.

Key words: ecological restoration plant; rhizosphere microorganism; high-throughput sequencing; estuary wetland

滨海湿地是陆地和海洋生态系统的过渡带,拥有 特殊的生态特性与生物多样性<sup>[1]</sup>,不仅为众多稀有 或受威胁的动植物种群提供了关键的栖息地<sup>[2]</sup>,而 且在保持生态系统平衡和促进生物多样性方面扮演 着至关重要的角色<sup>[3]</sup>。滨海湿地的生态服务功能包 括水质净化、洪水控制、碳储存以及作为生物迁徙的 通道等<sup>[4]</sup>,因此,维持滨海湿地生态稳定对于生态保 护和环境可持续性发展具有重要意义。

植物根际微生物在促进植物生长、增强植物抗逆 性、驱动土壤结构改良、参与土壤养分循环等方面均 有重要作用<sup>[5-7]</sup>。植物的根际微生物数量与种类繁 多,易受外在因子的影响,常被用作指示根际土壤环 境健康程度和生态环境稳定性的关键因子<sup>[8-9]</sup>。芦 苇[*Phragmites australis*(Cav.) Trin. ex Steud.]根际 微生物对氮循环有显著影响,可通过硝化、反硝化等 过程将有害的氮化物转化为无害的氮气,从而减少氮 污染<sup>[10]</sup>。短叶茳芏[*Cyperus malaccensis* subsp. *monophyllus*(Vahl) T. Koyama]对土壤重金属具有富 集作用<sup>[11]</sup>。秋茄树(*Kandelia obovata* Sheue et al.)的 根际可以形成复杂的微生物群落,在有机质分解、营 养元素循环方面起到重要作用,进而提高湿地土壤的 肥力和健康状况,同时促进秋茄树的生长<sup>[12]</sup>。研究 表明不同植物对根际微生物具有选择作用<sup>[13]</sup>。根系 分泌物能够选择性地影响根际微生物的数量,并通过 改变根际微生物的群落结构和相对丰度,诱导对自身 有益的微生物向根际富集,即根际效应。Reinhart 等<sup>[14]</sup>认为,植物通过影响根际微生物的组成扩展至 非根际范围,从而改变环境条件,同时,根际微生物群 落对根际环境的调整,可有效扩大植物根系影响范围;植物与根际微生物之间的互作,也是抵抗入侵植物化感作用的重要过程<sup>[7]</sup>。

福建闽江河口湿地作为中国东南沿海重要的湿 地生态系统,不仅承载着丰富的生物多样性,而且在 维持区域生态平衡和提供多种生态服务方面发挥着 关键作用。互花米草(Spartina alterniflora Loisel.)自 2004年开始入侵,其分布面积在 2018年已扩大至 306 hm<sup>2[15]</sup>,对湿地生态平衡以及生物多样性造成破 坏,经主要乡土植物芦苇、短叶茳芏和秋茄树生态修 复后,基本完成对互花米草的治理工作[16]。因此,芦 苇、短叶茳芏和秋茄树如何通过调整根际微生物群落 结构,形成对自身有益的根际环境,是需要探明的关 键问题。而目前多数研究聚焦于互花米草的治理技 术[17-18],互花米草入侵对土壤细菌群落结构的影 响[19-20]以及细菌功能性的改变[21-22],对于生态修复 后的植物根际微生物群落结构和功能特征的研究暂 未见报道。本研究通过高通量测序技术,对芦苇、短 叶茳芏和秋茄树的根际微生物群落进行分析,以期为 揭示3种植物在生态修复过程中对根际微生物群落 结构的调控机制提供科学依据,并为后续入侵植物长 效治理奠定基础。

## 1 研究区概况和研究方法

### 1.1 研究区概况

福建闽江河口湿地(北纬 26°00'36"~26°03'42"、 东经 119°34'12"~119°41'40")位于亚热带季风气候 区,降雨充足,属于淤泥质滨海湿地类型<sup>[23]</sup>,为典型 河口区域。闽江河口湿地处于中国—日本森林植物 亚区的华南地区,属于泛北极植物区系与古热带植物 区系的过渡带,湿地植物主要包含滨海盐沼植物、滨 海沙生植物和红树林。

### 1.2 研究方法

 -80 ℃下保存,用于土壤总 DNA 提取,剩余土壤样本 常温阴干后用于土壤化学性质测定。

1.2.2 土壤总 DNA 提取和测序 称取 0.5 g 土壤样 本,使用 E.Z.N.A.<sup>®</sup> Soil DNA Kit(美国 Omega 公司) 提取土壤 DNA。DNA 质量达标后(总质量不少于 15 μg,质量浓度不低于 50 ng · μL<sup>-1</sup>),采用细菌通用引 物 799F (5' - AACMGGATTAGATACCCKG - 3') 和 1193R(5'-ACGTCATCCCCACCTTCC-3')对各 DNA 样本 16S rRNA 的 V5~V7 可变区进行扩增,采用真 菌通用引物 ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3')和ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对 18S 和 5.8S rRNA 之间的可变区 ITS1 与 5.8S 和 28S rRNA之间的可变区 ITS2 进行扩增。PCR 体系总体 积 50.0 µL, 包含 10×Buffer 5.0 µL, 2 mmol · L<sup>-1</sup> dNTPs 5.0 μL, DNA 聚合酶 1.0 μL, 上、下游引物各 1.5 μL, DNA 模板 50 ng, 双蒸水补足体积。PCR 程 序:94 ℃预变性 10 min:94 ℃变性 30 s、56 ℃退火 30 s、72 ℃延伸 30 s, 35 个循环; 72 ℃延伸 10 min。 每组样品重复测定 3 次。使用 QuantiFluor<sup>™</sup>-ST 蓝 色荧光定量系统(美国 Promega 公司)对 PCR 产物进 行质量检测,合格后送至上海美吉生物医药科技有限 公司进行双末端测序。

1.2.3 土壤化学性质测定 参考文献[24-25]中的 方法进行土壤化学性质测定(每个样本 6 次技术重 复):采用 HClO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 消解法提取速效磷,使用 SAN++连续流动分析仪(荷兰 SKALAR 公司)测定其 含量;用 1.0 mol·L<sup>-1</sup> CH<sub>3</sub>COONH<sub>4</sub> 溶液提取速效钾, 使用 PinAAcle 900H 火焰原子吸收光谱仪(美国 PerkinElmer 公司)测定其含量;用 0.5 mol·L<sup>-1</sup> HCl 预处理土壤样品去除无机碳酸盐,采用靛酚蓝法和硝 基水杨酸法测定铵态氮(NH<sup>+</sup><sub>4</sub>-N)和硝态氮(NO<sup>-</sup><sub>3</sub>-N) 含量;采用硫酸钡比浊法测定有效硫含量。

### 1.3 数据处理

使用 Flash v1.2.11 软件进行双末端序列拼接,得 到完整的基因序列<sup>[26]</sup>。使用 RDP Classifier v2.13 软 件进行分类操作单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类注释,获取序列的分类信息<sup>[27]</sup>。使用 Usearch v11 软件统计 OTU 数,计算微生物相对丰 度<sup>[28]</sup>,使用 Qiime v1.9.1 软件生成微生物绝对丰度 表。使用 EXCEL 2019 软件进行差异显著性分析。 使用 R v4.1.3 软件的 vegan 包,基于 OTU 数进行 venn 分析和主成分分析(FactoMineR 法),并使用 ggplot2

使用 R v4.2.3 软件的 spaa 包基于 OTU 绝对丰度 计算各物种的生态位宽度指数,通过 EcolUtils 包分 析各土壤样本间 OTU 绝对丰度是否存在显著差异, 并将生态位宽度指数超过95%置信区间上限的物种 定义为泛化型(generalist),低于95%置信区间下限的 物种定义为特化型(specialist),处于95%置信区间内 的物种定义为中性型(neutral)<sup>[30]</sup>。采用最近种间亲 缘关系指数(beta nearest taxon index, βNTI)评价微生 物群落构建过程<sup>[31-32]</sup>,βNTI 值大于 2.00 为异质选 择,βNTI 值小于-2.00 为漂变,βNTI 值介于[-2.00, -0.95)为同质扩散, βNTI 值介于[-0.95, 0.95)为同 质选择.βNTI 值介于[0.95,2.00]为异质扩散。使用 FAPROTAX v1.2.1 软件对细菌群落进行功能预测,使 用 FUNGuild v1 软件对真菌群落进行功能预测。采 用 R v4.2.3 软件的 ggClusterNet 包进行拓扑特征指数 计算<sup>[33]</sup>,通过正相关边数与总边数的比值(R)来反 映群落间关系,R值大于或等于0.5表明群落间为共 生关系,R值小于0.5表明群落间为协同作用:平均 度反映了微生物群落间相互作用的平均强度,数值越 大则相互作用越强;相对模块化指数用于反映微生物 群落的稳定性,数值越接近1则群落越稳定。

## 2 结果和分析

### 2.1 不同生态修复植物根际微生物的测序分析

在3种植物根际土壤样本中共得到29997个细菌OTU,隶属于58门131纲306目419科876属;在光滩土壤样本中得到11483个细菌OTU,隶属于51门119纲258目308科512属。由图1-A可见:芦苇、短叶茳芏、秋茄树和光滩土壤样本中特有OTU数分别为452、430、367和779。秋茄树根际细菌特有OTU数略低于短叶茳芏和芦苇根际细菌特有OTU数。

在3种植物根际土壤样本中共得到5315个真菌OTU,隶属于14门43纲100目217科468属;在 光滩土壤样本中得到3567个真菌OTU,隶属于12 门34纲71目152科282属。由图1-B可见:芦苇、 短叶茳芏、秋茄树和光滩土壤样本中特有OTU数分 别为117、61、172和390。短叶茳芏根际真菌特有 OTU数明显低于芦苇和秋茄树根际真菌特有OTU数。



Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat.

图 1 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际细菌(A)和真菌(B)群落的 OTU 数 Fig. 1 OTU numbers of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province

### 2.2 不同生态修复植物根际微生物的主成分分析

基于微生物 OTU 数,对 4 个土壤样本进行主成 分分析,结果见图 2。细菌群落分析结果(图 2-A)显示:4 个土壤样本之间细菌群落组成存在显著差异 (*R*=0.926 7,*P*=0.001),相比之下,芦苇、短叶茳芏和 秋茄树间根际细菌群落组成较为接近,三者与光滩土 壤细菌群落组成差距明显。真菌群落分析结果 (图 2-B)显示:4个土壤样本之间真菌群落组成同样 存在显著差异(*R*=0.978 4,*P*=0.001),且芦苇根际真 菌群落组成与短叶茳芏和秋茄树差距较大。



●: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; ●: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; ●: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; ●: 光滩 Mud flat. 括号中百分数为贡献率 The percentage in parentheses is contribution rate.

图 2 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际细菌(A)和真菌(B)群落的主成分分析(PCA) Fig. 2 Principal component analysis (PCA) of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province

2.3 不同生态修复植物根际微生物的相对丰度分析 2.3.1 细菌相对丰度分析 4个土壤样本中细菌门 水平的相对丰度见表 1。结果显示:3种植物根际土 壤中细菌群落的 5大优势菌门(相对丰度大于 5%) 分别为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidota)、脱硫杆菌门 (Desulfobacterota)和放线菌门(Actinobacteriota),光 滩土壤细菌群落仅变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和 脱硫菌门的相对丰度大于 5%。变形菌门平均相对 丰度为 32.75%,并且在各土壤样本中的相对丰度差 异不显著。厚壁菌门在芦苇和秋茄树根际土壤中的 相对丰度显著(P<0.05)高于短叶茳芏根际土壤,且 在3种植物根际土壤中的相对丰度均显著高于光滩 土壤。拟杆菌门相对丰度以秋茄树根际土壤最高 (14.41%),芦苇根际土壤最低(10.17%)。脱硫杆菌 门仅在短叶茳芏根际土壤和光滩土壤中的相对丰度 大于10%。放线菌门在芦苇和短叶茳芏根际土壤中 的相对丰度显著高于光滩土壤。

4个土壤样本中细菌属水平的相对丰度见表 2。 结果显示:芽孢杆菌属(Bacillus)在 3 种植物根际土 壤中的相对丰度表现为芦苇最高(7.55%)、秋茄树次 之(5.05%)、短叶茳芏最低(2.97%),且均显著高于

表 1 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际细菌门水平的相对丰度( $\overline{X}\pm SD$ )<sup>1)</sup> Table 1 Relative abundances of rhizosphere bacteria at phylum level of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province ( $\overline{X}\pm SD$ )<sup>1)</sup>

土壤样本				各门的相对	寸丰度/% ₿	elative abun	dance of each phy	zlum		
Soil sample	变形菌门 Proteobacteria		厚壁菌门 Firmicutes		拟杆菌门 B	拟杆菌门 Bacteroidota		sulfobacterota	放线菌门 Actinobacteriota	
Ра	33.38±	0.02a	15.07:	±0.03a	10.17±0.02b		8.45±0.01b		7.26±0.01a	
Cm	33.29±0.02a		$10.52 \pm 0.02 \mathrm{b}$		$11.66 \pm 0.02 \mathrm{b}$		13.88±0.02a		$5.83 \pm 0.01 \mathrm{b}$	
Ko	31.41±	0.02a	15.84:	±0.03a	14.41±0	0.04a	7.57±0	.02b	5.54±0	.01bc
MF	32.93±	0.03a	7.46	±0.01c	13.16±	0.02a	13.55±0	.01a	4.47±0	.01c
土壤样本				各门的相对	寸丰度/% ₿	elative abun	dance of each phy	zlum		
Soil sample	Unclassified	黏球菌门 M	lyxococcota	酸杆菌门 A	cidobacteriota	硝化螺旋菌	菌门 Nitrospirota	疣微菌门 Ve	rrucomicrobiota	其他 Others
Pa	$4.05 \pm 0.00$ a	3.29±0	0.00a	2.92	±0.01a	2.4	5±0.00b	2.27±	=0.01b	$10.68 \pm 0.02a$
Cm	4.72±0.01a	3.51±0	0.00a	2.70	±0.00a	2.5	0±0.01b	2.48±	=0.00b	8.91±0.01a
Ko	$4.04 \pm 0.01 a$	3.24±0	0.00a	2.87	±0.01a	2.3	9±0.00b	1.87±	=0.00b	$10.82 \pm 0.03 a$
MF	$4.84 \pm 0.00a$	2.65±0	0.00b	2.37	±0.00a	3.1	2±0.01a	4.12±	±0.01a	$11.33 \pm 0.00a$

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>

光滩土壤。黄杆菌属(Flavobacterium)在秋茄树根际 土壤中的相对丰度最高(5.49%),而在另3个土壤样 本中的相对丰度均低于0.6%。微小杆菌属 (Exiguobacterium)在4个土壤样本中的相对丰度表 现为秋茄树最高(2.40%)、芦苇次之(2.09%)、短叶 茳芏较低(1.59%)、光滩最低(0.03%)。硝化螺旋菌 属(Nitrospirillum)在芦苇、秋茄树和光滩土壤中的相 对丰度显著高于短叶茳芏根际土壤。

2.3.2 真菌相对丰度分析 4个土壤样本中真菌门 水平的相对丰度见表 3。结果显示:4个土壤样本真 菌群落 2 大优势菌门分别为子囊菌门(Ascomycota) 和担子菌门(Basidiomycota)。子囊菌门在 4 个土壤 样本中的平均相对丰度为 52.81%,以芦苇根际土壤 中的相对丰度最高(87.11%),且显著高于另 3 个土 壤样本。担子菌门在秋茄树根际土壤中的相对丰度 最高(16.27%),且显著高于另 3 个土壤样本。壶菌 门(Chytridiomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)在光 滩土壤中占有优势,相对丰度分别为 8.82%和9.74%, 显著高于 3 种植物根际土壤。根肿黑粉菌门 (Entorrhizomycota)主要分布在短叶茫芏根际土壤中

表 2 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际细菌属水平的相对丰度( $\overline{X}$ ±SD) $^{1)}$ 

Table 2 Relative abundances of rhizosphere bacteria at genus level of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province  $(\overline{X} \pm SD)^{(1)}$ 

上່ 库 样 木			各属	的相对丰度/% Rel	ative abundance of eac	eh genus		
工魂件卒 Soil sample	芽孢杆菌属 Bacillus	Norank_f_uncl	assified	黄杆菌属 Flavobacterium	Norank_f_Desulfo	bulbaceae	Unclassified	Unclassified_c_ Gammaproteobacteria
Pa	$7.55 \pm 0.02a$	1.65±0.01	lb	$0.56 \pm 0.00 \mathrm{b}$	1.28±0.01	c	$1.60{\pm}0.00{\rm b}$	$2.14 \pm 0.00 \mathrm{b}$
Cm	$2.97 \pm 0.01 \mathrm{c}$	$1.42 \pm 0.01$	lb	$0.52 \pm 0.00 \mathrm{b}$	$2.07 \pm 0.00$	)b	$1.56{\pm}0.00{\rm b}$	$2.16{\pm}0.01{\rm b}$
Ko	$5.05{\pm}0.01{\rm b}$	1.18±0.00	)b	$5.49 \pm 0.03 a$	1.10±0.00	)c	$1.17{\pm}0.00{\rm b}$	$2.61 \pm 0.01$ ab
MF	$0.71{\pm}0.00{\rm d}$	6.02±0.03	Ba	$0.03 \pm 0.00 \mathrm{b}$	3.98±0.01	a	3.44±0.00a	3.37±0.01a
土壤样本			各属	的相对丰度/% Rel	ative abundance of eac	eh genus		
Soil sample	Unclassified_f_Flav	vobacteriaceae	微小杆菌	菌属 Exiguobacterium	MBNT15	硝化螺旋	定菌属 Nitrospira	其他 Others
Pa	2.53±0.	01a		2.09±0.01a	1.73±0.01a	1.3	39±0.00a	$77.49{\pm}0.01{\rm b}$
Cm	2.34±0.	01a		$1.59 \pm 0.01 \mathrm{b}$	$1.51 \pm 0.00$ ab	0.7	73±0.00b	83.12±0.01a
Ko	1.52±0.	01b		2.40±0.02a	$1.47 \pm 0.01$ ab	1.5	56±0.00a	$76.45{\pm}0.04{\rm b}$
MF	0.80±0.	00b		0.03±0.00c	$0.77 \pm 0.00 \mathrm{b}$	1.6	66±0.00a	$79.20{\pm}0.03{\rm b}$

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>

表 3 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际真菌门水平的相对丰度(X±SD)<sup>1)</sup>

Table 3 Relative abundances of rhizosphere fungi at phylum level of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province  $(\overline{X} \pm SD)^{(1)}$ 

土壤样本		各门的相	对丰度/% Relative ab	indance of each phylum			
Soil sample	子囊菌门 Ascomycota	担子菌门 Basidiomycota	壶菌门 Chytridiomycota	罗兹菌门 Rozellomyc	ota 根肿黑粉菌	根肿黑粉菌门 Entorrhizomycota	
Pa	87.11±0.05a	6.29±0.02c	$0.70 \pm 0.00c$	$0.35 \pm 0.00c$		0.05±0.00b	
Cm	$58.06{\pm}0.26{\rm b}$	$11.06 \pm 0.18 \mathrm{b}$	$0.93 \pm 0.01 \mathrm{c}$	$0.94 \pm 0.01 \mathrm{c}$	2	1.86±0.26a	
Ko	$47.85{\pm}0.04\mathrm{b}$	16.27±0.05a	$4.99{\pm}0.04{\rm b}$	$2.91 \pm 0.01 \mathrm{b}$		$0.12 \pm 0.00 \mathrm{b}$	
MF	$18.21{\pm}0.03{\rm c}$	$7.77 \pm 0.02 \mathrm{c}$	8.82±0.02a	9.74±0.02a		0.06±0.00b	
上博样木		各门的相	对丰度/% Relative ab	indance of each phylum			
Soil sample	被孢霉门 Mortierellomycota	滑壶菌门 Aphelidiomycota	毛霉门 Mucoromycota	捕虫霉亚门 Zoopagomycota K	梳霉亚门 Lickxellomycota	其他 Others	
Pa	0.06±0.00a	$0.00 \pm 0.00 \mathrm{b}$	0.02±0.00a	0.00±0.00a	0.00±0.00a	5.42±0.03c	
Cm	$0.02 \pm 0.00a$	$0.01{\pm}0.00{\rm b}$	$0.01 \pm 0.00 a$	$0.00 \pm 0.00 a$	$0.01 \pm 0.00a$	$7.10 \pm 0.02 c$	
Ko	$0.06 \pm 0.00 a$	$0.02 \pm 0.00 \mathrm{b}$	$0.08 \pm 0.00 a$	$0.04 \pm 0.00 a$	$0.01 \pm 0.00a$	$27.65{\pm}0.06\mathrm{b}$	
MF	0.06±0.00a	$0.07 \pm 0.00 a$	0.01±0.00a	$0.02 \pm 0.00a$	$0.02 \pm 0.00a$	55.25±0.03a	

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>

(相对丰度达21.86%)。

4个土壤样本中真菌属水平的相对丰度见表4。 结果显示:Entorrhiza、Geosmithia 和篮状菌属 (Talaromyces)在短叶茫芏根际土壤中的相对丰度均 最高,且显著高于另3个土壤样本。Wickerhamomyces、 赤霉属(Gibberella)和 Paraphaeosphaeria 在秋茄树根 际土壤中的相对丰度均显著高于另3个土壤样本。 竹荪属(Dictyophora)在光滩土壤中的相对丰度显著 高于3种植物根际土壤。

### 2.4 不同生态修复植物根际微生物的 α 多样性分析

结果(表 5)显示:在细菌群落方面,芦苇、短叶茳 芏和秋茄树根际细菌群落的 ACE、Chao 和 Sobs 指数 均显著(P<0.05)高于光滩;短叶茳芏根际细菌群落 的 Shannon 指数显著高于芦苇、秋茄树和光滩。在真 菌群落方面,芦苇和短叶茳芏根际真菌的4个α多样 性指数均显著低于秋茄树和光滩,且秋茄树根际真菌 群落的 Shannon 指数显著低于光滩。

### 2.5 不同生态修复植物根际土壤的化学性质分析

结果(表 6)显示:光滩土壤的有效硫和速效钾含量显著(P<0.05)高于3种植物根际土壤,秋茄树根际土壤的速效磷含量显著高于另3个土壤样本,芦苇根际土壤的铵态氮和硝态氮含量显著高于另3个土壤样本。

## 2.6 根际土壤化学性质与根际微生物 α 多样性指数 的相关性分析

相关性分析结果(图 3)显示:根际土壤有效硫、 速效钾和速效磷含量与根际细菌群落 4 个 α 多样性 指数均呈显著(P<0.05)或极显著(P<0.01)负相关; 而根际土壤铵态氮和硝态氮含量与根际细菌群落 4 个 α 多样性指数的相关性均不显著。根际土壤速

表 4 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际真菌属水平的相对丰度( $\overline{X}$ ±SD)<sup>1)</sup>

Table 4 Relative abundances of rhizosphere fungi at genus level of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province  $(\overline{X} \pm SD)^{(1)}$ 

土壤样本			各属的相对丰度/%	Relative abundance	of each genus	
Soil sample	Entorrhiza	Wickerhamomyces	Geosmithia	篮状菌属 Talaro	myces 赤霉属 Gibberella	Paraphaeosphaeria
Pa	0.12±0.00b	$1.51 \pm 0.00 \mathrm{b}$	1.11±0.01b	1.42±0.01b	0.79±0.01b	1.47±0.00b
Cm	21.86±0.26a	$0.24 \pm 0.00 \mathrm{c}$	10.77±0.10a	5.85±0.05a	$0.31 \pm 0.00 b$	$0.28 \pm 0.00 \mathrm{c}$
Ko	$0.05{\pm}0.00{\rm b}$	13.51±0.05a	$1.87 \pm 0.01 \mathrm{b}$	$0.29 \pm 0.00 c$	4.53±0.09a	3.32±0.03a
MF	$0.06 \pm 0.00 \mathrm{b}$	$0.03 \pm 0.00 c$	$0.06 \pm 0.00 \mathrm{b}$	0.87±0.01c	$0.00 \pm 0.00 b$	$0.68 \pm 0.00 c$
土壤样本			各属的相对丰度/%	Relative abundance	e of each genus	
Soil sample	竹荪属 Dictyopho	ra 平革菌属	Phanerochaete	Pseudeurotium	小球壳孢属 Microsphaeropsis	其他 Others
Pa	$1.84 \pm 0.01 \mathrm{b}$	3.07	/±0.01a	$2.00 \pm 0.01 \mathrm{b}$	1.43±0.00a	$85.23{\pm}0.03{\rm b}$
Cm	$0.44 \pm 0.00 \mathrm{c}$	0.26	5±0.00b	$0.20{\pm}0.00{\rm c}$	$0.26 \pm 0.00 \mathrm{c}$	$59.53 \pm 0.23$ c
Ko	$0.23 \pm 0.00 \mathrm{c}$	0.41	±0.00b	$0.18{\pm}0.00{\rm c}$	$1.20\pm0.01\mathrm{b}$	$74.41 \pm 0.08 \mathrm{b}$
MF	3.24±0.01a	0.51	±0.00b	$2.10 \pm 0.00a$	$0.78 \pm 0.00 c$	91.67±0.01a

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>

表 5 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际微生物群落  $\alpha$  多样性比较( $\overline{X}\pm SD$ )<sup>1)</sup> Table 5 Comparison on  $\alpha$  diversity of rhizosphere microbial communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province ( $\overline{X}\pm SD$ )<sup>1)</sup>

上庫样木	细菌群落的 α	多样性指数 α diver	sity index of bac	terial community	真菌群落的 $\alpha$ 多样性指数 $\alpha$ diversity index of fungal community					
上	ACE 指数 ACE index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Sobs 指数 Sobs index	ACE 指数 ACE index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Sobs 指数 Sobs index		
Pa	6 065.52 $\pm$ 272.03ab	5 470.66±266.96a	$6.79{\pm}0.13\mathrm{b}$	$4\ 099.50 \pm 201.24 ab$	$765.70{\pm}158.79{\rm b}$	$765.87{\pm}162.17{\rm b}$	$2.89{\pm}0.60{\rm c}$	$646.50 \pm 157.05 \mathrm{b}$		
Cm	6 073.31±514.84a	5 473.06±454.93a	6.98±0.10a	4 213.83±240.76a	$778.68{\pm}117.82{\rm b}$	$773.99 \pm 120.36$ b	$2.36 \pm 0.55 \mathrm{c}$	$674.17 \pm 108.20$ b		
Ko	$5\ 600.87{\pm}474.51{\rm b}$	$5.045.42{\pm}402.77{\rm b}$	$6.61{\pm}0.23{\rm b}$	$3\ 836.00{\pm}297.95{\rm b}$	1 069.12±224.32a	$1 \ 084.75 \pm 236.82a$	$5.32{\pm}0.34{\rm b}$	1 017.50±207.79a		
MF	$4\ 758.35{\pm}209.89{\rm c}$	$4.352.41 {\pm} 181.87 {\rm c}$	$6.48{\pm}0.05{\rm c}$	$3~553.00{\pm}110.85{\rm c}$	1 172.11±105.53a	1 185.45±105.42a	$5.85 \pm 0.07a$	1 125.83±102.37a		

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>

表 6	福	建闽江河口湿地不同	引生态	修复植物根际	土壤化学性质比	;较	$(\overline{X} \pm SD)^{(1)}$									
Table	6	Comparison on che	emical	properties of	rhizosphere soi	l of	f different	ecological	restoration	plants	in	Minjiang	River	estuary	wetland	of
Fujiar	ı Pr	ovince $(\overline{X} \pm SD)^{(1)}$														

土壤样本 Soil sample	有效硫含量/(mg・kg <sup>-1</sup> ) Available sulfur content	速效钾含量/(mg・kg <sup>-1</sup> ) Available potassium content	速效磷含量/(µmol・mL <sup>-1</sup> ) Available phosphorus content	铵态氮含量/(μg・g <sup>−1</sup> ) Ammonium nitrogen content	硝态氮含量/(μg・g <sup>-1</sup> ) Nitrate nitrogen content
Pa	$122.84 \pm 1.66b$	$401.88 \pm 3.04 \mathrm{b}$	$9.98 \pm 0.02 c$	1.29±0.12a	15.68±0.18a
Cm	$75.47{\pm}0.94\mathrm{d}$	$321.50 \pm 2.70 d$	$9.96 \pm 0.02c$	$0.63 \pm 0.05 \mathrm{c}$	$8.00 \pm 0.15 \mathrm{c}$
Ko	90.85±1.23c	$385.91 \pm 3.36c$	12.27±0.02a	$0.67 \pm 0.04 \mathrm{c}$	$6.02 \pm 0.14 \mathrm{d}$
MF	185.21±1.57a	415.59±4.39a	$10.08 \pm 0.02 \mathrm{b}$	$1.05{\pm}0.03{\rm b}$	$14.11 \pm 0.31 \mathrm{b}$

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat. 同列中不同小写字母表示差异显著(P<0.05) Different lowercases in the same column indicate the significant differences (P<0.05).</p>



 $w_{AS}$ : 有效硫含量 Available sulfur content;  $w_{AK}$ : 速效钾含量 Available potassium content;  $w_{AP}$ : 速效磷含量 Available phosphorus content;  $w_{AN}$ : 铵态氮含量 Ammonium nitrogen content;  $w_{NN}$ : 硝态氮含量 Nitrate nitrogen content. \*: P < 0.05; \*\*: P < 0.01.

# 图 3 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际土壤化学性质与根际细菌(左图)和真菌(右图)群落 α 多样性指数的相关性 Fig. 3 Correlations between rhizosphere soil chemical properties and α diversity indexes of rhizosphere bacterial (the left figure) and fungal (the right figure) communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province

效钾和速效磷含量与根际真菌群落 4 个 α 多样性指数均呈显著或极显著正相关;根际土壤有效硫含量仅与根际真菌群落 Shannon 指数呈极显著正相关;而根际土壤铵态氮和硝态氮含量与根际真菌群落 4 个 α 多样性指数均无显著相关性。

### 2.7 不同生态修复植物根际微生物的生态位类型分析 结果(表 7)目示 光滩土壤细菌中中性型上比是

结果(表7)显示:光滩土壤细菌中中性型占比最

高,达41.17%;而中性型在3种植物根际细菌中占比 均最低,平均占比仅为15.76%。3种植物根际细菌 中特化型占比最高(54.26%~57.98%),泛化型占比 次之(26.70%~29.85%),二者在3种植物根际细菌 中占比由大到小均依次为短叶茳芏、芦苇、秋茄树。

由表7还可见:光滩土壤真菌中泛化型占比最高(52.14%);而3种植物根际真菌均以中性型为主,占

### 表 7 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际微生物生态位类型

Table 7	Niche type of	rhizosphere	microorganisms (	of different ecologi	cal restoration	plants in Min	jiang River	estuary wetlan	d of Fujian F	Province
---------	---------------	-------------	------------------	----------------------	-----------------	---------------	-------------	----------------	---------------	----------

土壤样本1)	细菌生态位类型占	比/% Proportion of ni	che type of bacteria	真菌生态位类型占比/% Proportion of niche type of fungi				
Soil sample <sup>1)</sup>	泛化型 Generalist	中性型 Neutral	特化型 Specialist	泛化型 Generalist	中性型 Neutral	特化型 Specialist		
Ра	27.73	16.07	56.20	5.16	93.24	1.60		
Cm	29.85	12.18	57.98	15.66	77.94	6.41		
Ko	26.70	19.04	54.26	34.70	58.72	6.58		
MF	22.07	41.17	36.76	52.14	43.59	4.27		

<sup>1)</sup> Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat.

比均在 58% 以上, 尤其是芦苇根际真菌中中性型占 比高达 93.24%。此外, 4 个土壤样本中的真菌均以 特化型占比最低。

2.8 不同生态修复植物根际微生物群落的构建过程 分析

结果(表8)显示:异质选择是所有土壤样本细菌 群落的主要构建过程,占比均在50%以上,其中,光 滩土壤细菌的异质选择占比最高,达73.93%。短叶 茳芏和秋茄树根际细菌群落构建过程中扩散限制的 占比也较高;芦苇根际细菌群落构建过程中漂变占比 略高于扩散限制。光滩土壤细菌群落构建过程还存 在一定比例的同质扩散,而3种植物根际细菌群落构 建过程不存在同质扩散。

由表 8 还可见:3 种植物根际真菌群落构建过程 以扩散限制为主,占比均在 78%以上,而光滩土壤真 菌群落构建过程以同质扩散为主,无扩散限制。芦苇 和秋茄树根际真菌群落构建过程还存在一定比例的 异质选择和漂变,短叶茳芏根际真菌群落构建过程还 包括异质选择、同质选择、同质扩散和漂变。

## 2.9 不同生态修复植物根际微生物群落的功能预测

细菌群落的功能通过相关基因的表达丰度来反映,结果见图 4。结果显示:与光滩土壤细菌群落相

表 8 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际微生物群落构建 过程<sup>1)</sup>

Table 8 Assembly process of rhizosphere microbial communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province<sup>1)</sup>

土壤样本	Proportio	细菌群 on of bacter	客构建过和 ial commu	星占比/% nity assembl	y process
Soil sample	DL	Hes	5	HD	DO
Pa	20.00	53.3	3	0.00	26.67
Cm	39.23	59.0	00	0.00	1.77
Ко	44.03	50.9	4	0.00	5.03
MF	20.46	73.9	3	4.95	0.66
土壤样本	Proport	真菌群¾ ion of funga	客构建过和 al commun	星占比/% ity assembly	process
Soll sample	DL	HeS	HoS	HD	DO
Pa	78.16	12.64	0.00	0.00	9.20
Cm	88.62	4.07	1.63	1.63	4.07
Ко	92.16	1.96	0.00	0.00	5.88
MF	0.00	0.00	13.33	60.00	26.67

比,3种植物根际土壤细菌群落在氮代谢、有机物分 解等方面均有提升,其中,短叶茳芏根际细菌的氮呼 吸、硝酸盐还原、硝酸盐呼吸、含硫化合物的暗氧化、 暗硫化物氧化、暗硫氧化、暗铁氧化和木质素分解相 关基因表达丰度有较大提升;芦苇根际细菌群落的芳

				化能异养 Chemoheterotrophy
				有氧化能异养 Aerobic chemoheterotrophy
				发酵 Fermentation
				氮呼吸 Nitrogen respiration
				硝酸盐还原 Nitrate reduction
				硝酸盐呼吸 Nitrate respiration
				芳香族化合物降解 Aromatic compound degradation
				含硫化合物呼吸作用 Respiration of sulfur compounds
				亚硝酸盐呼吸 Nitrite respiration
				硫酸盐呼吸 Sulfate respiration
				含硫化合物的暗氧化 Dark oxidation of sulfur compounds
				固氮作用 Nitrogen fixation
				纤维素水解 Cellulose hydrolysis
				甲基代谢 Methylotrophy
				亚硝酸盐反硝化 Nitrite denitrification
				一氧化二氮反硝化 Nitrous oxide denitrification
				硝酸盐反硝化 Nitrate denitrification
				反硝化 Denitrification
				木聚糖分解 Xylan decomposition
				几丁质分解 Chitin decomposition
				芳香烃降解 Aromatic hydrocarbon degradation
				暗硫代硫酸盐氧化 Dark thiosulfate oxidation
				植物病原体 Plant pathogen
				塑料降解 Plastic degradation
				亚硝酸盐氨化 Nitrite ammonification
				甲醇氧化 Methanol oxidation
				暗硫化物氧化 Dark sulfide oxidation
				尿素分解 Ureolysis
				甲烷代谢 Methanotrophy
				暗氢氧化 Dark hydrogen oxidation
				锰氧化 Manganese oxidation
				铁呼吸 Iron respiration
				硫呼吸 Sulfur respiration
				氯酸还原剂 Chlorate reducers
				暗硫氧化 Dark sulfur oxidation
				暗铁氧化 Dark iron oxidation
				木质素分解 Lignin decomposition
				脂肪族非甲烷烃降解Aliphatic non-methane hydrocarbon degradation
				好氧亚硝酸盐氧化 Aerobic nitrite oxidation
Pa	Cm	Ko	MF	

-1.5 -1.0 -0.5 0.0 0.5 1.0 1.5 基因表达丰度 Gene expression abundance

Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat.

图 4 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际细菌群落功能预测 Fig. 4 Functional prediction of bacterial communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province 香族化合物降解、纤维素水解、木聚糖分解、几丁质分 解、暗氢氧化、锰氧化、脂肪族非甲烷烃降解和好氧亚 硝酸盐氧化相关基因表达丰度有明显提升;秋茄树根 际细菌群落的甲醇氧化相关基因表达丰度明显提高。

真菌群落的功能预测结果见图 5。结果显示:与 光滩相比,3种植物根际土壤中植物病原体的相对丰 度均上升,以短叶茳芏最为明显;秋茄树根际土壤中 木腐生和叶腐生生物的相对丰度有所上升。



Pa: 芦苇 Phragmites australis (Cav.) Trin. ex Steud.; Cm: 短叶茳芏 Cyperus malaccensis subsp. monophyllus (Vahl) T. Koyama; Ko: 秋茄树 Kandelia obovata Sheue et al.; MF: 光滩 Mud flat.



### 2.10 不同生态修复植物根际微生物群落的拓扑特 征分析

基于 Spearman 相关性分析,选择相对丰度排名前 500 的 OTU 构建共线性网络模型(R>0.6,P<0.01)。结果(表9)显示:4个土壤样本细菌群落的 正相关边数与总边数的比值(R)均大于 0.5,表明细 菌群落间为共生关系。值得关注的是,芦苇根际细菌 群落的平均度最高(12.19),且相对模块化指数接近 1(0.93),表明芦苇根际细菌群落具有较强的相互作 用和较高的稳定性。

由表9还可见:3种植物根际真菌群落间同样为 共生关系,而光滩土壤真菌群落间为协同作用。3种 植物中,仅秋茄树根际真菌群落的平均度(3.32)低于 光滩(3.66),表明秋茄树根际细菌群落间相互作用较 弱。比较而言,芦苇根际真菌群落的平均度最高 (4.66),且相对模块化指数最接近1(0.99),表明芦 苇根际真菌群落间相互作用较强且群落稳定。

### 表 9 福建闽江河口湿地不同生态修复植物根际微生物群落拓扑特征 指数<sup>1)</sup>

Table 9 Topological characteristic indexes of rhizosphere microbial communities of different ecological restoration plants in Minjiang River estuary wetland of Fujian Province<sup>1)</sup>

土壤样本	细菌	Bacte	rium	真	真菌 Fungus			
Soil sample	R	AD	RM	R	AD	RM		
Pa	0.53	12.19	0.93	0.68	4.66	0.99		
Cm	0.61	4.55	1.07	0.71	3.92	0.72		
Ко	0.54	6.42	1.39	0.61	3.32	0.69		
MF	0.57	6.92	1.47	0.46	3.66	0.87		

本研究中,光滩土壤微生物的特有 OTU 数最高, 而芦苇、短叶茳芏和秋茄树根际微生物特有 OTU 数 较低且存在差异,表明植物根系对土壤环境具有较大 影响,也表明不同植物对根际土壤微生物群落具有特 定的选择性,这可能与植物根系分泌物的化学成分有 关,这些化学成分可以影响土壤微生物的组成<sup>[34]</sup>。

### 3.1 植物根际微生物群落组成及影响因子

本研究4个土壤样本的细菌群落中,变形菌门为 主要菌门,表明变形菌门细菌对土壤环境具有普遍的 适应性和生态优势<sup>[35]</sup>。以往研究表明秋茄树根系分 泌物含有促进拟杆菌门细菌生长的特定化学成 分<sup>[36]</sup>,本研究中拟杆菌门在秋茄树根际土壤中的相 对丰度最高正好印证了这一点。芽孢杆菌属在芦苇 根际细菌中的相对丰度最高,可能是由于芦苇根系分 泌物或根系结构对芽孢杆菌属细菌富集的促进作 用<sup>[37]</sup>。硝化螺旋菌属在光滩、秋茄树和芦苇土壤样 本中相对丰度较为一致,显著高于短叶茳芏根际土 壤,原因可能在于该属细菌通过将铵态氮氧化为亚硝

酸盐,对生态系统的氮元素转化至关重要<sup>[38-39]</sup>,而短 叶茳芏根际土壤中低浓度的铵态氮不利于自身生 长<sup>[40]</sup>。在真菌群落中,4个土壤样本均以子囊菌门 的相对丰度最高,并且在3种植物根际土壤中的相对 丰度显著高于光滩土壤,这是由于子囊菌门是碳氮循 环<sup>[41]</sup>和微生物与植物相互作用<sup>[42]</sup>的重要驱动因子。 担子菌门的相对丰度在秋茄树根际真菌中最高,结合 功能预测结果中秋茄树根际土壤样本中木腐生功能 真菌占比最高,表明秋茄树根际可能存在较高的木质 残体分解活动<sup>[43]</sup>。壶菌门和罗兹菌门则在光滩土壤 中占有优势,壶菌门在湿地环境中常作为重要的寄生 菌或腐生菌,其相对丰度高可能与光滩土壤的水分含 量较高相关<sup>[44]</sup>,而罗兹菌门的优势可能与光滩土壤 特有的化学成分有关<sup>[45]</sup>。Entorrhiza 在短叶茳芏根 际土壤中的优势可能与其适应湿地植物根际环境的 能力有关,其对缺氧环境条件具有较高的耐受性且能 够高效利用营养资源[46],而短叶茳芏根际土壤样本 中如暗硫氧化、含硫化合物的暗氧化功能丰度的提 升,加速了土壤中氧气的消耗,形成的厌氧环境使得 Entorrhiza 获得竞争优势,从而在根际真菌群落中占 据主导地位。

3种植物生态修复后,整体上显著提高了根际土 壤的细菌群落多样性,表明乡土植物生态修复能对土 壤细菌群落的多样性产生积极影响,且草本植物芦苇 和短叶茳芏根际细菌多样性高于木本植物秋茄树,这 可能与芦苇和短叶茳芏的根系形态结构有关,草本植 物可能产生更多的根系分泌物,为细菌提供更丰富的 营养,从而支持更多样化的细菌群落<sup>[47]</sup>。光滩土壤 中无特征型细菌的比例较高可能与环境压力或不稳 定条件有关,表明在更为复杂的环境下,细菌群落难 以形成固定的生态位,或者环境条件的多变性导致了 细菌群落结构的不确定性[48]。与光滩相比,短叶茳 芏和芦苇根际真菌α多样性均下降,而秋茄树无明显 变化,其原因可能在于草本植物多数残体留存于地表 土壤,营养成分的累积吸引了部分原处于根际范围的 真菌种群,从而导致根际真菌群落 α 多样性下降<sup>[49]</sup>, 这在真菌生态组装过程分析中有所印证.3种植物真 菌群落构建中虽均以扩散限制为主导,但短叶茳芏和 芦苇的异质选择作用高于秋茄树,异质选择作用的增 强通常与环境条件的多样性有关,秋茄树生长环境较 为稳定,使得其根际真菌群落的α多样性与另2种植 物的根际真菌群落差异显著。

## 3.2 不同植物根际微生物功能差异及共线网络拓扑 特征

3种植物根际细菌相较于光滩土壤细菌在氮代 谢和有机物分解等功能上有所提升,这与芦苇、秋茄 树根际土壤中铵态氮、硝态氮和速效磷含量显著提高 相印证。脱硫杆菌门在短叶茳芏根际土壤中的优势 地位,也与短叶茳芏根际土壤样本中硫呼吸功能高于 其他土壤样本相呼应。在共线网络拓扑特征分析中. 4个土壤样本中细菌群落间均为共生关系,3种植物 根际真菌群落间也为共生关系,表明微生物群落间存 在较强的正向相互作用<sup>[50]</sup>。与光滩相比,植物病原 体真菌相对丰度在3种植物根际土壤中均有上升,以 短叶茳芏最为明显,秋茄树根际土壤中的木腐生和叶 腐生真菌相对丰度有所升高,可能在于短叶茳芏的根 系结构和分泌物更容易吸引或促进植物病原体的生 长,相比之下,芦苇和秋茄树样本的病原体真菌相对 丰度虽然有所增加,但幅度相对较小,间接表明不同 植物根系对真菌有不同的影响。

#### 参考文献:

- [1] LUNAU M, VOSS M, ERICKSON M, et al. Excess nitrate loads to coastal waters reduces nitrate removal efficiency: mechanism and implications for coastal eutrophication [ J ]. Environmental Microbiology, 2013, 15(5): 1492-1504.
- [2] HÄDER D P, BARNES P W. Comparing the impacts of climate change on the responses and linkages between terrestrial and aquatic ecosystems [J]. Science of the Total Environment, 2019, 682: 239-246.
- [3] 张 健,李佳芮,杨 璐,等.中国滨海湿地现状和问题及管理 对策建议[J].环境与可持续发展,2019,44(5):127-129.
- [4] 林余乐. 我国滨海湿地保护现状及生态修复能力提升对策[J]. 福建轻纺, 2023(9): 54-57, 68.
- [5] LING N, WANG T T, KUZYAKOV Y. Rhizosphere bacteriome structure and functions[J]. Nature Communications, 2022, 13: 836.
- [6] 刘京伟,李香真,姚敏杰. 植物根际微生物群落构建的研究进展[J]. 微生物学报, 2021, 61(2): 231-248.
- [7] 邵秋雨,董醇波,韩燕峰,等.植物根际微生物组的研究进展[J].植物营养与肥料学报,2021,27(1):144-152.
- [8] 赖 胜,杨慧林,陈美玲,等.都阳湖南矶湿地苔草植被根际土 壤微生物群落结构分析[J].江西师范大学学报(自然科学版), 2023,47(1):82-90.
- [9] 喻 江, 王 淳, 龙 永, 等. 鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可 培养细菌功能基因丰度[J].环境科学, 2024, 45(4): 2223-2232.
- [10] WANG D L, BAI Y H, QU J H. The *Phragmites* root-inhabiting microbiome: a critical review on its composition and environmental application[J]. Engineering, 2022, 9: 42-50.

- [11] 李亚瑾, 孙志高, 李 晓, 等. 闽江河口芦苇与短叶茳芏空间 扩展对湿地植物钒生物富集的影响[J]. 环境科学学报, 2020, 40(12): 4559-4569.
- [12] WANG X X, XIAO X M, XU X, et al. Rebound in China's coastal wetlands following conservation and restoration [J]. Nature Sustainability, 2021, 4(12): 1076-1083.
- WU P, XIONG X F, XU Z Z, et al. Bacterial communities in the rhizospheres of three mangrove tree species from Beilun estuary, China[J]. PLoS ONE, 2016, 11(10): e0164082.
- [14] REINHART K O, CALLAWAY R M. Soil biota and invasive plants[J]. New Phytologist, 2006, 170: 445-457.
- [15] 陈冰冰, 孙志高, 胡星云, 等. 闽江河口互花米草不同入侵阶 段湿地土壤 nirK 型反硝化微生物群落结构及多样性[J]. 应用 生态学报, 2022, 33(11): 3007-3015.
- [16] 王晓颖, 孙志高, 陈冰冰, 等. 闽江河口互花米草残体异位分 解及磷养分释放特征[J]. 植物生态学报, 2024, 48(7): 844-857.
- [17] XI X F, WANG L, HU J J, et al. Salinity influence on soil microbial respiration rate of wetland in the Yangtze River estuary through changing microbial community [J]. Journal of Environmental Science, 2014, 26(12): 2562-2570.
- HU Y, WANG L, TANG Y S, et al. Variability in soil microbial community and activity between coastal and riparian wetlands in the Yangtze River estuary-potential impacts on carbon sequestration
  [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 221-228.
- [19] 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.
- [20] 尹晓雷,陈桂香,王 纯,等. 互花米草入侵对河口湿地土壤 真菌群落结构及多样性影响[J]. 环境科学学报, 2020, 40 (6): 2186-2194.
- [21] 曾庆淞,陈 钰,郑 毅,等. 互花米草入侵对河口湿地土壤 环境中铁氧化菌群落结构及多样性影响[J].环境科学学报, 2022,42(5):425-434.
- [22] 陈丽华,吕 新,刘兰英,等. 闽江河口湿地土壤硝化-反硝化 细菌数量的时空分布特征[J]. 福建农业学报, 2018, 33(10): 1078-1083.
- [23] 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.
- [24] GU Y B, MENG D L, YANG S, et al. Invader-resident community similarity contribute to the invasion process and regulate biofertilizer effectiveness [J]. Journal of Cleaner Production, 2019, 241: 118278.
- [25] LIU Z X, GU H D, YAO Q, et al. Soil pH and carbon quality index regulate the biogeochemical cycle couplings of carbon, nitrogen and phosphorus in the profiles of Isohumosols[J]. Science of Total Environment, 2024, 922; 171269.
- [26] MAGOC T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. Bioinformatics,

2011, 27(21): 2957-2963.

- [27] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, et al. Naïve bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [28] EDGAR R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, 26(19): 2460-2461.
- [29] WARTON D I, WRIGHT S T, WANG Y. Distance-based multivariate analyses confound location and dispersion effects [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2012, 3: 89-101.
- [30] ZHANG J, ZHANG B G, LIU Y, et al. Distinct large-scale biogeographic patterns of fungal communities in bulk soil and soybean rhizosphere in China [J]. Science of the Total Environment, 2018, 644: 791-800.
- [31] 陈瑞蕊,张建伟,董 洋,等.盐度对滨海土壤细菌多样性和 群落构建过程的影响[J].应用生态学报,2021,32(5): 1816-1824.
- [32] NING D L, YUAN M T, WU L W, et al. A quantitative framework reveals ecological drivers of grassland microbial community assembly in response to warming [J]. Nature Communications, 2020, 11: 4717.
- [33] MA B, WANG H Z, DSOUZA M, et al. Geographic patterns of cooccurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China [J]. The ISME Journal, 2016, 10: 1891-1901.
- [34] 丁 娜,林 华,张学洪,等. 植物根系分泌物与根际微生物 交互作用机制研究进展[J]. 土壤通报, 2022, 53(5): 1212-1219.
- [35] 张玲豫,齐雅柯,焦 健,等.河西走廊沙地芦苇(Phragmites australis)根际土壤微生物群落多样性[J].中国沙漠, 2021, 41 (6):1-9.
- [36] BADRI D V, VIVANCO J M. Regulation and function of root exudates[J]. Plant Cell and Environment, 2009, 32: 666-681.
- [37] 洪志锋,张旎晨,阿 丹,等.共代谢作用下芦苇根际细菌多
  样性与群落组成[J].中国环境科学,2022,42(4):
  1812-1818.
- [38] VIJAYAN A, JAYADRADHAN R K V, PILLAI D, et al. Nitrospira as versatile nitrifiers: taxonomy, ecophysiology, genome characteristics, growth, and metabolic diversity [J]. Journal of Basic Microbiology, 2021, 61: 88-109.
- [39] 洪义国, 焦黎静, 吴佳鹏, 等. 海洋亚硝酸盐氧化细菌的多样 性分布及其生态功能研究进展[J]. 热带海洋学报, 2021, 40
   (2): 139-146.
- [40] 张林海,曾从盛, 仝 川. 氮输入和水淹对短叶茳芏生长、养 分及固碳的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(14): 4932-4941.
- [41] GREEN L E, PORRAS-ALFARO A, SINSABAUGH R L. Translocation of nitrogen and carbon integrates biotic crust and grass production in desert grassland[J]. Journal of Ecology, 2008, 96: 1076-1085.

(下转第61页 Continued on page 61)

greenhouse conditions[J]. Scientific Reports, 2020, 10: 13842.

- [24] ZHAO Y, HUANG Y, LI S, et al. Improving the growth, lodging and yield of different density-resistance maize by optimising planting density and nitrogen fertilisation [J]. Plant, Soil and Environment, 2020, 66(9): 453-460.
- [25] ZHOU W T, YAN L L, FU Z Q, et al. Increasing planting density and reducing N application improves yield and grain filling at two sowing dates in double-cropping rice systems [J]. Plants, 2023, 12 (12): 2298.
- [26] ESMAEILIAN Y, AMIRI M B, NEAMATOLLAHI E. High density planting and manure affect flower yield, corm characteristics, and volatile compounds of saffron (*Crocus sativus* L.) [J]. Industrial Crops and Products, 2022, 176: 114363.
- [27] MASSARIOLI A P, DE ALENCAR S M, SIQUEIRA A F, et al. Evaluation of the quality and antioxidant activity of dehydrated medicinal herbs[J]. Horticulturae, 2023, 9(5): 597.
- [28] JIA T T, CHEN B, MA M. Effects of planting density on the growth, taproots yield and quality of *Glycyrrhiza uralensis* [J]. Legume Research, 2023, 46(1): 62-68.
- [29] ONIGA I, TOIU A, HANGANU D, et al. Influence of fertilizer treatment on the chemical composition of some *Calendula officinalis* varieties cultivated in Romania [J]. Farmacia, 2018, 66(6): 995-998.

- [30] MOHAMMADIAN R, TAHMASEBPOUR B, SAMIMIFAR P, et al. Effect of planting date and density on calendula and peppermint herbs[J]. Journal of Advances in Agriculture, 2014, 1 (1): 25-29.
- [31] ROUSSIS I, KAKABOUKI I, MAVROEIDIS A, et al. Seed fixed oil content, oil yield, and fatty acids profile of *Nigella sativa* L. in response to fertilization and plant density [J]. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 2022, 50(2): 12768.
- [32] TOUNEKTI T, VADEL A M, Ennajeh M, et al. Ionic interactions and salinity affect monoterpene and phenolic diterpene composition in rosemary (*Rosmarinus officinalis*) [J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2011, 174(3): 504-514.
- [33] GOLOB T F. Structural equation modeling for travel behavior research [J]. Transportation Research Part B: Methodological, 2003, 37(1): 1-25.
- [34] WANG S, LI L, ZHOU D W. Root morphological responses to population density vary with soil conditions and growth stages: the complexity of density effects[J]. Ecology and Evolution, 2021, 11 (15): 10590-10599.
- [35] KAZUMICHI F J. Plant strategy of root system architecture and exudates for acquiring soil nutrients [J]. Ecological Research, 2024, 39(5): 623-633.

(责任编辑:吴芯夷)

- (上接第 51 页 Continued from page 51)
- [42] CHALLACOMBE J F, HESSE C N, BRAMER L M, et al. Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis [J]. BMC Genomics, 2019, 20: 976.
- [43] ROSALES-CASTILLO J A, OYAMA K, VÁZQUEZ-CARCIDUEÑAS M S, et al. Fungal community and ligninolytic enzyme activities in *Quercus deserticola* Trel. litter from forest fragments with increasing levels of disturbance[J]. Forests, 2018, 9: 11.
- [44] SHEARER C A, DESCALS E, KOHLMEYER B, et al. Fungal biodiversity in aquatic habitats[J]. Biodiversity and Conservation, 2007, 16: 49-67.
- [45] JONES M D M, FORN I, GADELHA C, et al. Discovery of novel intermediate forms redefines the fungal tree of life [J]. Nature, 2011, 474; 200-203.
- [46] BAUER R, GARNICA S, OBERWINKLER F, et al.

Entorrhizomycota: a new fungal phylum reveals new perspectives on the evolution of fungi[J]. PLoS ONE, 2015, 10(7); e0128183.

- [47] POTTER T S, ANACKER B L, CHURCHILL A C, et al. Plant species' influence on rhizosphere microbial communities depends on N availability[J]. Plant and Soil, 2023, 491: 681-696.
- [48] FIERER N, JACKSON R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, 103 (3): 626-631.
- [49] PHILIPPOT L, RAAIJMAKERS J M, LEMANCEAU P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere [J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11: 789-799.
- [50] PANKE-BUISSE K, POOLE A C, GOODRICH J K, et al. Selection on soil microbiomes reveals reproducible impacts on plant function[J]. The ISME Journal, 2015, 9: 980–989.

(责任编辑:吴芯夷)