

赖胜 杨慧林 陈美玲 等. 鄱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.

LAI Sheng, YANG Huilin, CHEN Meiling et al. The analysis of microbial community structure in rhizosphere soil of Carex vegetation in Poyang Lake Nanji Wetland [J]. Journal of Jiangxi Normal University( Natural Science) 2023, 47( 1): 82-90.

文章编号: 1000-5862( 2023) 01-0082-09

## 鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际 土壤微生物群落结构分析

赖 胜<sup>1</sup> 杨慧林<sup>1 2</sup> 陈美玲<sup>1</sup> 龙馨怡<sup>1</sup> 刘淑丽<sup>2</sup> 简敏菲<sup>1 2\*</sup>

( 1. 江西师范大学江西省亚热带植物资源保护与利用重点实验室, 江西 南昌 330022;

2. 江西师范大学鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室, 江西 南昌 330022)

**摘要:** 为探究鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤微生物群落结构, 该文以鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤为研究对象, 采取 0~15 cm、15~30 cm 及 30~45 cm 深度的土壤, 采用 Illumina HiSeq 高通量测序技术, 研究不同深度土壤群落结构及其影响因素。研究结果表明: 不同深度土壤样品理化性质和酶活性存在显著差异, 随土壤深度的增加呈降低趋势。Pearson 相关分析表明鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤理化性质与土壤酶活性之间存在不同程度的相关性。高通量测序结果表明不同深度土壤细菌和真菌群落微生物丰富度及多样性未达到在统计学意义上的差异显著水平(  $P > 0.05$  ), 土壤古菌群落微生物多样性随土壤深度的增加而增加。在苔草植被根际土壤中共检测到 41 个细菌门类, 其中变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和硝化螺旋菌门为优势菌门; 检测到 8 个真菌门类, 其中子囊菌门、担子菌门和罗兹菌门为优势菌门; 检测到 10 个古菌门类, 其中广古菌门、泉古菌门、奇古菌门为优势菌门。冗余分析表明: 土壤有机质、全氮、全磷和碱解氮含量是影响细菌群落的主要环境因子; 土壤有机质、全氮、有效磷和碱解氮含量是影响真菌群落的主要环境因子; 土壤有机质、全氮、全磷和全钾含量是影响古菌群落的主要环境因子。

**关键词:** 鄱阳湖南矶湿地; 高通量测序; 土壤微生物; 群落结构

中图分类号: Q 93 文献标志码: A DOI: 10.16357/j.cnki.issn1000-5862.2023.01.11

## 0 引言

在湿地生态系统中, 植被、植被根际土壤及根际土壤微生物 3 者间常相互作用, 构成了“植物根际微生态”这个特定的微生态系统。土壤微生物一直被认为是土壤生态系统的重要组成部分, 在植物健康、土壤肥力状况、降解污染物等方面发挥作用<sup>[1]</sup>, 可较大程度地反映微生物在土壤中的含量及作用潜势。由于微生物对环境变化较为敏感, 因此温度、土壤有机质等养分含量的波动及土壤酶活性的变化均会对土壤微生物多样性及群落结构产生不同程度的

影响<sup>[2]</sup>。土壤养分含量的高低在一定程度上可反映土壤质量的好坏; 而土壤酶则可反映土壤肥力的高低和代谢过程。赵国慧等<sup>[3]</sup>研究发现: 在土壤中有有机质和氮、磷含量的增加会促使微生物多样性增加; 王雅云等<sup>[4]</sup>研究发现: 土壤盐分是影响胡杨树冠内外微生物物种组成和群落结构的重要因素; 牛世全等<sup>[5]</sup>研究发现: 由于滨海湿地的土壤养分含量缺乏和透气性降低等因素而导致土壤微生物群落多样性降低。

鄱阳湖是中国第 1 大淡水湖, 平坦的地下水势、地形和水文等优越条件促使鄱阳湖形成了丰富的湖泊湿地类型, 生物资源丰富, 鄱阳湖是许多动植物的

收稿日期: 2022-08-30

基金项目: 国家自然科学基金( 42007389) 江西省自然科学基金( 20181BAB214003) 江西省水利科学院江西省鄱阳湖水  
资源与环境重点实验室开放研究基金( 2020GPSYS03) 和江西省教育厅研究生创新基金( YC2022-281) 资助项目。

通信作者: 简敏菲( 1969—), 女, 江西高安人, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事土壤污染方面相关研究。E-mail: jianminfei@jxnu.edu.cn

栖息场所<sup>[6]</sup>,对中国生物多样性的保护贡献突出。鄱阳湖南矶山自然保护区位于鄱阳湖主湖区南部<sup>[7]</sup>,主要有苔草、藨子草、芦苇、南荻等种类繁多的湿地典型植被群落。目前,研究者对鄱阳湖的研究主要集中于鄱阳湖湿地地形、植被和水文等方面<sup>[8-10]</sup>,而对鄱阳湖典型湿地植被根际土壤微生物丰度及物种多样性、群落结构组成及其驱动影响因子,尤其是真菌和古菌群落的相关研究相对较少。因此开展对鄱阳湖土壤微生物群落结构(细菌、真菌和古菌)及其与土壤理化因子相关性的研究是很有意义的。

苔草作为一种重要的湿地资源,对鄱阳湖湿地生态功能的保护起着重要作用。本文以鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤为研究对象,着眼于植被、植被根际土壤和根际土壤微生物间的相互关系,利用 Illumina HiSeq 高通量测序技术,对不同土层深度(0~15、15~30和30~45 cm)土壤微生物群落结构(细菌、真菌和古菌)及多样性进行系统研究,并结合不同土层深度土壤理化指标和土壤酶活性,分析揭示微生物多样性以及群落结构与生境之间的联系,探讨理化因子对土壤微生物的影响,为鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤微生物以及鄱阳湖生态管理提供理论支撑,为有效利用苔草资源提供一定的理论依据,为中国湿地保护和科学管理提供有效依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料与试验地概况

供试土为黄红壤土,采自鄱阳湖南矶湿地。该湿地区位于鄱阳湖主湖区南部(28°52′~29°06′N, 116°10′~116°23′E),其理化性质参见文献[11]。

### 1.2 样品采集

土壤样品于2021年5月采自江西省鄱阳湖南矶湿地区。在南矶湿地苔草植被试验区样地内设置3块样地,样地的面积为3 m×3 m,样地间距离均超过120 m。每个样地随机选取3个样点,各样点实行分层采集的方法,采用5点取样法分别采集苔草植被下0~15 cm、15~30 cm、30~45 cm共3个土层深度的土壤,分为2份保存,一份放置于干燥冰箱中保存,在带回实验室后立即用于DNA提取;另一份在自然条件下风干,用于测定土壤理化性质和土壤酶活性。

### 1.3 土壤理化性质测定

参照文献[12]的方法,测定土壤有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、全钾和速效钾含量。

### 1.4 土壤酶活性的测定

土壤磷酸单酯酶、脲酶、蔗糖酶、过氧化物酶和蛋白酶活性参照文献[13]的方法测定。

### 1.5 土壤DNA提取

采用DNA提取试剂盒(中福(北京)国际贸易有限公司)提取土壤样品总DNA;电泳检查DNA提取质量,-20℃冰箱保存,供后续试验使用。

### 1.6 土壤微生物多样性测序

以上述提取的DNA作为模板,采用带有barcode的特异性引物,前后引物分别为338-F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′)和806-R(5′-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3′)扩增细菌16S rRNA V3~V4区、以前后引物ITS1-F(5′-CTTGGTCATT-TAGAGGAAGTAA-3′)和ITS2-R(5′-GCTGCGTTCT-TCATCGATGC-3′)扩增真菌的ITS1区。PCR扩增反应体系为50 μL: Dream Taq Green PCR Master Mix 25 μL, DNA模板1 μL,正、反向引物各1 μL,超纯水22 μL。扩增条件为95℃ 3 min(预变性);95℃ 30 s(变性),55℃ 30 s(退火),72℃ 30 s(延伸),30个循环;72℃ 10 min(延伸)。同一样本PCR反应产物先采用1%琼脂糖凝胶电泳检测,再通过Gel Extraction Kit(Omega)回收、DNA纯化,然后进行等量混合,选择北京百迈客生物科技有限公司进行序列建库,测序使用Miseq PE250平台(美国Illumina公司)。

### 1.7 数据处理

用SPSS 20.0软件进行单因素方差分析和多重比较;用Excel软件进行基础数据的整理和统计分析;用Pearson法<sup>[14]</sup>进行相关分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤理化性质分析

由表1可知:鄱阳湖南矶湿地苔草植被不同深度土壤化学性质存在差异。其中,0~15 cm深度土层的土壤有机质、全氮、全磷、全钾、碱解氮、有效磷和速效钾含量均显著高于15~30和30~45 cm深度土层土壤的( $P < 0.05$ ),分别高出了55.07%、57.42%、18.46%、28.67%、41.29%、32.14%、39.35%和71.71%、208.43%、13.85%、28.53%、43.84%、43.57%、27.05%;15~30 cm深度土层土壤有机质和速效磷含量显著高于30~45 cm深度土层的土壤的( $P < 0.05$ ),分别高出了37.03%和16.85%。其他土壤养分含量在同一土层中差异不显著( $P > 0.05$ )。

综上所述,鄱阳湖南矶湿地苔草植被0~15 cm深度土层的土壤养分含量最丰富,养分含量随土层深度的增加逐渐降低。

表 1 土壤理化性质分析

土壤深度/cm	有机质含量/ ( g · kg <sup>-1</sup> )	全氮含量/ ( g · kg <sup>-1</sup> )	全磷含量/ ( g · kg <sup>-1</sup> )	全钾含量/ ( g · kg <sup>-1</sup> )	碱解氮含量/ ( mg · kg <sup>-1</sup> )	有效磷含量/ ( mg · kg <sup>-1</sup> )	速效钾含量/ ( mg · kg <sup>-1</sup> )
0 ~ 15	47.36 ± 3.41a	2.56 ± 1.16a	0.65 ± 0.05a	6.94 ± 0.59a	101.99 ± 4.28a	44.43 ± 3.98a	121.16 ± 13.79a
15 ~ 30	21.28 ± 2.94b	1.09 ± 0.21b	0.53 ± 0.08b	4.95 ± 0.34b	59.88 ± 2.14b	30.15 ± 1.84b	73.48 ± 6.50c
30 ~ 45	13.40 ± 2.82c	0.83 ± 0.16b	0.56 ± 0.09b	4.96 ± 0.36b	57.28 ± 6.35b	25.07 ± 2.59c	88.39 ± 5.60b

注: 同列处理不同小写字母表示样品间差异显著 ( $P < 0.05$ )。下同。

2.2 土壤酶活性分析

由表 2 可知: 鄱阳湖南矶湿地苔草植被不同深度根际土壤酶活性存在差异。土壤脲酶、酸性转化酶和酸性磷酸酶活性随土层深度增加显著降低 ( $P < 0.05$ )。其中 0 ~ 15 cm 土层土壤脲酶、多酚氧化酶、酸性磷酸酶和酸性转化酶活性显著高于 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤酶活性 ( $P < 0.05$ ) , 分别高出了 58.94%、8.37%、67.11%、54.67% 和 67.85%、

13.00%、71.33%、69.87%; 15 ~ 30 cm 土层土壤脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶和酸性转化酶活性显著高于 30 ~ 45 cm 土层土壤酶活性 , 分别高出了 21.71%、40.08%、12.81% 和 33.54%。

综上所述 鄱阳湖南矶湿地苔草植被 0 ~ 15 cm 土层根际土壤酶活性最高 除过氧化氢酶活性不随土壤深度发生显著性变化外 , 其他酶活性均随着土壤深度增加而显著降低。

表 2 土壤酶活性分析

土壤深度/cm	脲酶活性/ ( U · g <sup>-1</sup> )	多酚氧化酶 活性/( U · g <sup>-1</sup> )	蔗糖酶活性/ ( U · g <sup>-1</sup> )	酸性磷酸酶 活性/( U · g <sup>-1</sup> )	酸性转化酶 活性/( U · g <sup>-1</sup> )	过氧化氢酶 活性/( U · g <sup>-1</sup> )
0 ~ 15	294.68 ± 17.05a	74.53 ± 3.95a	6.73 ± 0.83a	38.68 ± 1.19a	43.75 ± 3.58a	55.51 ± 0.70b
15 ~ 30	121.01 ± 9.09b	68.29 ± 1.69b	7.11 ± 0.92a	12.72 ± 1.00b	19.83 ± 1.65b	55.87 ± 0.28ab
30 ~ 45	94.74 ± 5.44c	64.84 ± 3.45b	4.26 ± 0.79b	11.09 ± 0.67c	13.18 ± 0.53c	56.16 ± 0.52a

2.3 土壤微生物多样性分析

由图 1 可知: 随着测序深度的增加 ,Shannon 指数不断增大 ,当测序数  $\geq 12\ 000$  时 ,曲线趋于平缓。这表明测序深度足够 ,本次测序结果可信 ,测序深度足以反映鄱阳湖苔草植被根际土壤微生物多样性。

高通量测序结果( 见表 3) 表明: 在 97% 的相似度水平条件下 ,所有土壤样品细菌、真菌和古菌群落 OTU 数分别为 1 676 ~ 1 709、871 ~ 885 和 441 ~ 454。不同土层深度的土壤 OTU 个数虽略有差异 ,但均未达到在统计学意义上的差异显著水平 ( $P > 0.05$ )。土壤样品细菌和真菌群落 ACE 指数、Chao 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数在 0 ~ 15、15 ~ 30 和 30 ~ 45 cm 这 3 个土层中虽有变化 ,但均未达到在统计学意义上的差异显著水平 ( $P > 0.05$ ) 这说明鄱

阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤微生物细菌和真菌群落丰富度和多样性不随土壤深度的变化而发生显著变化。在土壤古菌微生物群落中 ,不同土层土壤样品 ACE 指数和 Chao 指数差异不显著 ( $P > 0.05$ ) ; Shannon 指数呈现出 30 ~ 45 cm 土层土壤  $>$  15 ~ 30 cm 土层土壤  $>$  0 ~ 15 cm 土层土壤的变化趋势 ,且达到在统计学意义上的差异显著水平 ( $P < 0.05$ ) ,这说明随土壤深度的增加 ,鄱阳湖南矶山苔草植被根际土壤古菌群落微生物多样性呈现增加趋势。

由表 3 可知: 鄱阳湖南矶山苔草植被根际土壤微生物群落分类操作单元数 (OTUs)、ACE 指数、Chao 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数均呈现出细菌群落  $>$  真菌群落  $>$  古菌群落的变化规律。这说明在鄱阳湖苔草植被根际土壤中细菌群落物种丰富度和多样性最高 ,真菌群落居其次 ,古菌群落最低。

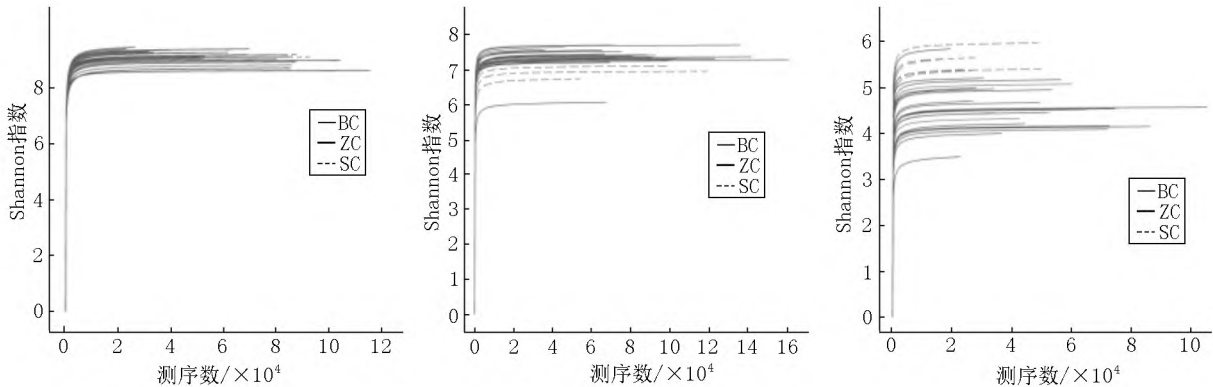


图 1 土壤细菌、真菌和古菌群落 Shannon 指数曲线

表 3 土壤样品细菌、真菌和古菌 OTUs 及  $\alpha$  多样性指数

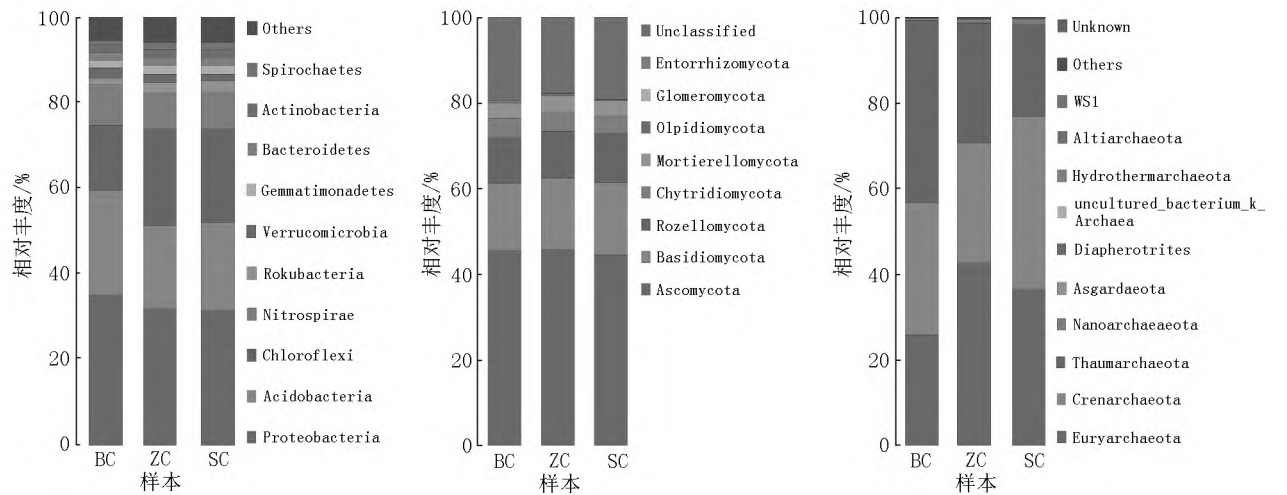
	土壤深度/cm	分类操作单元数	ACE 指数	Chaol 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
细菌	0 ~ 15	1 709 $\pm$ 81a	1 786.78 $\pm$ 42.65a	1 802.19 $\pm$ 43.16a	9.21 $\pm$ 0.23a	0.995 7 $\pm$ 0.001 8a
	15 ~ 30	1 681 $\pm$ 153a	1 787.37 $\pm$ 55.51a	1 788.26 $\pm$ 103.63a	9.10 $\pm$ 0.23a	0.995 3 $\pm$ 0.001 0a
	30 ~ 45	1 676 $\pm$ 131a	1 773.73 $\pm$ 77.55a	1 792.41 $\pm$ 83.88a	9.10 $\pm$ 0.15a	0.995 5 $\pm$ 0.001 3a
真菌	0 ~ 15	878 $\pm$ 95a	923.38 $\pm$ 100.91a	937.51 $\pm$ 104.01a	7.23 $\pm$ 0.46a	0.980 0 $\pm$ 0.030 0a
	15 ~ 30	871 $\pm$ 81a	920.55 $\pm$ 84.00a	932.27 $\pm$ 80.05a	7.39 $\pm$ 0.13a	0.980 0 $\pm$ 0.000 0a
	30 ~ 45	885 $\pm$ 100a	932.16 $\pm$ 101.60a	949.73 $\pm$ 106.68a	7.26 $\pm$ 0.31a	0.980 0 $\pm$ 0.010 0a
古菌	0 ~ 15	454 $\pm$ 32a	490.20 $\pm$ 20.61a	491.34 $\pm$ 28.44a	4.28 $\pm$ 0.39c	0.830 0 $\pm$ 0.070 0b
	15 ~ 30	447 $\pm$ 58a	478.38 $\pm$ 39.76a	480.70 $\pm$ 48.28a	4.85 $\pm$ 0.54b	0.890 0 $\pm$ 0.050 0a
	30 ~ 45	441 $\pm$ 35a	477.49 $\pm$ 23.54a	484.74 $\pm$ 20.05a	5.31 $\pm$ 0.48a	0.930 0 $\pm$ 0.030 0a

2.4 土壤微生物群落结构分析

在门水平上,不同深度根际土壤细菌、真菌和古菌相对丰度前 10% 的物种如图 2 所示。在各个深度土壤中共检测到的细菌分属于 41 门、94 纲、1 881 目、258 科和 344 属;真菌分属于 8 门、25 纲、65 目、133 科和 202 属;古菌分属于 10 门、23 纲、32 目、36 科和 40 属。

在细菌门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和硝化螺旋菌门(Nitrospirae)为各处理的优势菌门;相对丰度分别为 31.57% ~ 35.22%、19.49% ~ 24.39%、15.14% ~ 21.88% 和 8.41% ~ 9.50%,不同深度土壤优势菌门相对丰度各不相同。在 3 个处理中,变形菌门(Proteobacteria)均为第 1 优势菌门,在 0 ~ 15 cm 土层土壤中相对丰度为 35.22%,在 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤中相对丰度分别降低了 9.42% 和 10.35%;酸杆菌门(Acidobacteria)为 0 ~ 15 cm 土层的第 2 优势菌门,相对丰度为 24.39%,在 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤中分别降低了 20.07% 和 15.46%;绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度在 0 ~ 15 cm 土层土壤中为 15.14%,在 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤中分别升高了 48.74% 和 44.54%。在真菌门水平上,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)和壶菌门

(Chytridiomycota) 为优势菌门,其相对丰度分别为 44.50% ~ 45.91%、15.68% ~ 16.98%、10.76% ~ 11.35% 和 4.12% ~ 4.51%。子囊菌门(Ascomycota)为各土层土壤第 1 优势菌门,相对丰度呈现出 15 ~ 30 cm 土层土壤 > 0 ~ 15 cm 土层土壤 > 30 ~ 45 cm 土层土壤,分别为 45.91%、45.52% 和 44.50%;担子菌门(Basidiomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)分别为各深度土壤第 2 和第 3 优势菌门,其相对丰度随土层深度的增加而增加,与 0 ~ 15 cm 土层土壤相比,其相对丰度在 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤中分别增加了 5.40%、8.28% 和 1.78%、5.47%。在古菌门水平上,广古菌门(Euryarchaeota)、泉古菌门(Crenarchaeota)、奇古菌门(Thaumarchaeota)为各处理的优势菌门。广古菌门(Euryarchaeota)为 15 ~ 30 cm 土层土壤的第 1 优势菌门,其相对丰度为 42.68%,在 0 ~ 15 cm 土层土壤和 30 ~ 45 cm 土层土壤中其相对丰度分别降低了 65.14% 和 14.47%;泉古菌门(Crenarchaeota)为 30 ~ 45 cm 土层土壤的第 1 优势菌门,其相对丰度呈现出 30 ~ 45 cm 土层土壤 > 0 ~ 15 cm 土层土壤 > 15 ~ 30 cm 土层土壤的变化趋势,分别为 40.28%、30.89% 和 27.97%;随土壤深度的增加,奇古菌门(Thaumarchaeota)相对丰度呈降低趋势,与 0 ~ 15 cm 土层土壤相比,其相对丰度在 15 ~ 30 cm 和 30 ~ 45 cm 土层土壤中分别降低了 33.96% 和 49.36%。



注: BC 为 0 ~ 15 cm ZC 为 15 ~ 30 cm SC 为 30 ~ 45 cm.

图 2 土壤细菌、真菌和古菌群落组成

2.5 土壤环境因子与酶活性相关分析

由表 4 可知: 鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤理化性质与土壤酶活性间存在一定程度的相关性. 土壤脲酶、酸性转化酶活性和土壤有机质、全氮、全钾、碱解氮、有效磷和速效钾含量呈极显著正相关关系( $P < 0.01$ ), 与土壤全磷含量呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ), 其中脲酶活性与有机质含量相关性最高; 蔗糖酶活性与土壤有机质、全氮和有效磷含量呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ), 与全磷、全钾和碱解

氮含量呈正相关关系, 与速效钾含量呈负相关关系, 但均未达到在统计学意义上的差异显著水平( $P > 0.05$ ); 酸性磷酸酶活性与土壤有机质、全氮、全磷、全钾、碱解氮、有效磷和速效钾含量均表现为极显著正相关关系( $P < 0.01$ ); 过氧化氢酶活性和土壤有机质含量呈极显著负相关关系( $P < 0.01$ ), 与全钾、碱解氮、有效磷和速效钾含量呈显著负相关关系( $P < 0.05$ ), 与全氮和全磷含量呈负相关关系, 但未达到在统计学意义上的差异显著水平( $P > 0.05$ ).

表 4 土壤理化性质与酶活性相关分析

土壤理化因子	酶					
	脲酶	多酚氧化酶	蔗糖酶	酸性磷酸酶	酸性转化酶	过氧化氢酶
有机质	0.977**	0.033	0.494*	0.960**	0.957**	-0.609**
全氮	0.743**	0.023	0.445*	0.786**	0.835**	-0.288
全磷	0.525*	-0.271	0.173	0.561**	0.521*	-0.267
全钾	0.888**	-0.105	0.213	0.915**	0.899**	-0.545*
碱解氮	0.915**	-0.045	0.303	0.923**	0.921**	-0.499*
有效磷	0.917**	0.098	0.511*	0.931**	0.959**	-0.547*
速效钾	0.819**	-0.332	-0.010	0.850**	0.764**	-0.507*

注: \*、\*\* 分别表示在 0.05、0.01 的水平上显著.

2.6 土壤环境因子与微生物群落结构相关分析

如图 3 所示, 在土壤细菌 (a)、真菌 (b) 和古菌 (c) 群落门水平上, 第 1 轴序和第 2 轴序累计揭示变异量环境因子解释率分别为 24.04%、15.30% 和 29.92%. 鄱阳湖苔草植被根际土壤理化性质的改变会影响土壤微生物群落结构组成. 其中, 对细菌群落结构影响较大的理化因子为土壤有机质、全氮、全磷和碱解氮含量; 对真菌群落结构影响较大的理化因子为土壤有机质、全氮、有效磷和碱解氮含量; 对古菌群落结构影响较大的理化因子为土壤有机质、全氮、全磷和全钾含量.

使用 Spearman 相关系数对门水平相对丰度较高的物种和土壤理化性质进行分析 (见图 4). 在细

菌门水平上, 土壤总钾含量与疣微菌门相对丰度呈显著正相关关系, 与绿弯菌门和螺旋体门相对丰度呈显著负相关关系( $P < 0.05$ ); 有效钾含量与绿弯菌门和螺旋体门相对丰度呈显著负相关关系( $P < 0.05$ ); 碱解氮和总氮含量与绿弯菌门和螺旋体门相对丰度呈显著负相关关系, 与疣微菌门呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ); 有机质含量与螺旋体门和绿弯菌门相对丰度呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ); 总磷和有效磷含量与变形菌门呈显著正相关关系, 与绿弯菌门呈显著负相关关系( $P < 0.05$ ). 在真菌门水平上, 有效磷和有机质含量与球囊菌门相对丰度呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ). 在古菌门水平上, 总磷含量与纳古菌门、Altiarchaeota 和 Diapherotrites 呈

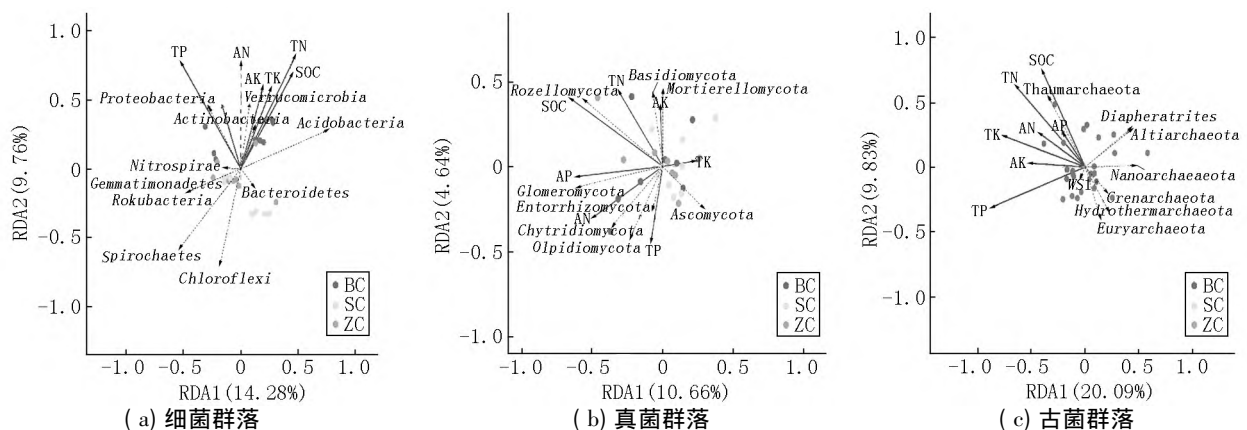


图 3 土壤门水平微生物群落结构与环境变量 RDA 分析

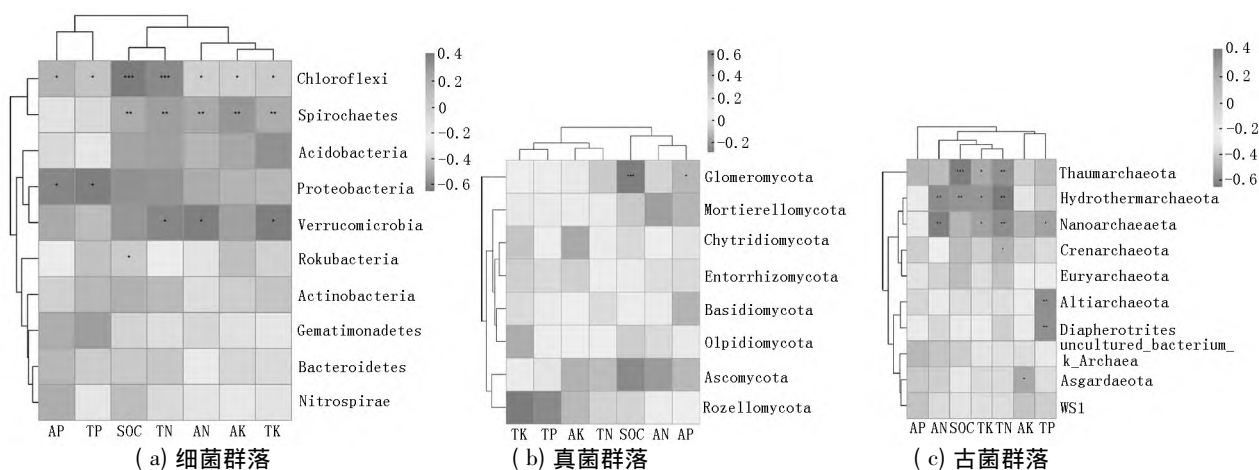


图4 环境因子与土壤微生物群落组成(门水平)相关性热图

显著负相关关系;速效钾含量与 Asgardaeota 相对丰度呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ );总氮和总钾含量与纳古菌门、Hydrothermarchaeota 相对丰度呈显著负相关关系,与奇古菌门相对丰度呈显著正相关关系 ( $P < 0.05$ );有机质含量与 Hydrothermarchaeota 和奇古菌门相对丰度分别呈显著正相关和负相关关系 ( $P < 0.05$ );碱解氮含量与纳古菌门和 Hydrothermarchaeota 相对丰度呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ )。

### 3 讨论

#### 3.1 土壤理化性质及酶活性分析

土壤质量高低的标准包含多种因素,土壤理化因子(如有机质、全氮、全钾及速效养分等含量)是常用的评判标准之一<sup>[15]</sup>。有研究表明土壤理化因子与土壤深度密切相关<sup>[16]</sup>。本文研究发现:在 0~15、15~30 和 30~45 cm 这 3 个土层深度的土壤中,鄱阳湖南矶湿地苔草植被根际土壤有机质、碱解氮、全磷和速效磷等养分含量随土层深度增加呈降低趋势,这与文献[17-18]的研究结果相似。有机质含量往往是衡量土壤质量及肥力的关键因子,在土壤中有有机物的输入与输出量影响其含量<sup>[19-20]</sup>。在本文中 0~15 cm 土层土壤的有机质含量最高,这可能原因是:在 0~15 cm 土层土壤中含有大量枯枝落叶、动物粪便和腐殖质等,而在 30~45 cm 土层土壤中有有机质来源主要为植物根系的累积,由此而造成差异;在 30~45 cm 土层土壤中氮含量较低,其原因可能与在该层土壤中微生物分解能力比较弱有关;而磷含量相对较低的原因可能与在 30~45 cm 土层土壤中有机碳含量逐渐降低相联系<sup>[21]</sup>。

土壤酶主要来自植物残根及微生物细胞分泌物等,对土壤环境变化敏感,其活性受多种理化性质影响,可反映土壤对养分供应能力的强弱,常作为评判土壤肥力的指标<sup>[22]</sup>。王雅等<sup>[23]</sup>研究表明土壤酶活性随土壤深度的增加呈降低趋势。本文研究发现:0~15 cm 土层土壤脲酶、蔗糖酶、多酚氧化酶、酸性磷酸酶和酸性转化酶活性均显著高于 30~45 cm 土层土壤的 ( $P < 0.05$ ),与前人研究结果基本一致。这可能原因是:表层土壤存在较多腐殖质及枯枝败叶等,有机质含量较高,微生物利用充足的营养物质及水分,生长相对比较旺盛,呼吸强度逐渐增大。本文研究还发现过氧化氢酶活性随土层深度增加而降低,这与文献[24-25]的研究结果相矛盾,这可能与在不同深度土壤中氧气含量相关。

#### 3.2 土壤微生物多样性及群落结构分析

土壤生长发育离不开土壤微生物,其多样性和群落结构组成常作为检验土壤质量的标准<sup>[23]</sup>。本文研究发现:不同土层土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性未达到在统计学意义上的差异显著水平,这与赵梦赛等<sup>[26]</sup>的研究结果不一致,其原因可能与土壤质地及植被类型有关。本文研究还发现:土壤样品微生物丰度和多样性呈现出细菌群落 > 真菌群落 > 古菌群落的趋势,这表明在苔草植被根际土壤中细菌群落占有明显优势,且古菌群落对生存环境的要求更加苛刻。在土壤细菌群落中,不同土层土壤细菌群落结构有较大相似性。分析其原因可能是采样时间正值夏季,苔草植被生长比较旺盛,使该植被根际土壤的有机质层比其他类型土壤厚,土壤含氧量及温度相对较稳定,从而使土壤细菌群落的组成波动较小,处于相对稳定状态。变形菌门、酸杆菌门和绿

弯菌门为优势菌种,这与王鹏等<sup>[27]</sup>的研究结果一致.变形菌门为第1优势菌门,在众多土壤细菌群落中具有最高的丰度,相对丰度与有机质含量呈正相关关系,呈现出0~15 cm土层土壤>15~30 cm土层土壤>30~45 cm土层土壤的变化趋势.分析其原因可能是:苔草植被及存在的较多杂草会产生大量植物残体,且这些植物残体的绝大部分只留在了表层土壤中,导致表层土壤有机质含量高于较深层土壤的,有机质含量的增加改变了土壤微生物群落组成,进一步使变形菌的相对丰度增加,且变形菌为革兰氏阴性菌,繁殖迅速,更适于富营养环境下生长<sup>[28]</sup>.存在于土壤中的酸杆菌门可使植物残体发生降解,有利于湿地生态环境的恢复<sup>[29]</sup>;绿弯菌门作为土壤细菌群落第3优势菌门,与土壤有机质含量呈负相关关系,这与霍玉珠等<sup>[30]</sup>的研究结果相似.这可能与绿弯菌门独特的光合特性相关,使其在有机质含量较低的土壤中更占优势.在土壤真菌群落中,优势物种相对丰度差异较小,以子囊菌和担子菌为主,同时优势菌群会受环境因子的影响<sup>[31]</sup>,这与李燕<sup>[32]</sup>的研究结果一致.大多数子囊菌为腐生菌,易生长在湿地环境及透气性好的环境中,可分解复杂物质,促进养分循环,提高土壤肥力<sup>[33]</sup>;担子菌门作为主要的真菌分解者,喜好通气性好及养分含量高的环境,而本文研究发现在深层土壤中子囊菌门相对丰度不升反降,这可能与人为干扰导致土壤微生物群落结构发生了改变有关,对于该原因分析的合理性还需进一步深入研究.在土壤古菌群落中,随土壤深度的增加,微生物多样性逐渐增大,这表明古菌群落对土壤深度更加敏感.李旭光等<sup>[34]</sup>研究表明在大鹏澳沉积物中广古菌门和泉古菌门为优势菌门,本文研究结果与其相似.土壤理化性质是影响古菌群落的重要因素,本文研究发现在深层土壤中广古菌门和泉古菌门相对丰度最高,分析其原因可能与其独特的生长环境要求相关,如土壤养分含量、氧气含量及土壤深度等,在土壤养分低的环境中更具有优势.

### 3.3 微生物群落与环境因子相关性分析

土壤理化性质通过影响微生物养分的供给能力及其生活环境等对微生物群落结构产生影响.刘洋等<sup>[35]</sup>研究发现土壤总磷、有机质和总氮含量对土壤细菌群落结构影响较大,其中总磷含量与变形菌门

相对丰度呈显著正相关关系( $P < 0.05$ ),本文研究结果与其一致.本文研究还发现变形菌门的相对丰度与土壤有机质和土壤氮含量均呈正相关关系,这可能与在变形菌门中存在与氮循环相关的菌属相联系,这些菌属通过氨氧化作用而进行固氮.在土壤中酸杆菌门的大量存在可能会对有机质含量起抑制作用,原因是其可将土壤中的有机质转化为无机物.但本文研究发现酸杆菌门相对丰度与有机质含量呈正相关关系,这与赵国慧等<sup>[3]</sup>的研究结果相矛盾,分析其原因可能与南矶湿地的土壤pH值有关.肖方男等<sup>[36]</sup>研究发现塔里木河怪柳灌丛土壤全氮和碱解氮含量对真菌群落结构影响较大,本文研究结果与其相似.氮素作为植物生长所必需的因子,促进植物生长且为微生物代谢提供营养物质,进一步影响土壤真菌群落结构.本文研究还发现:除奇古菌门外,土壤古菌群落大多数优势物种相对丰度与土壤养分含量呈显著负相关关系,这可能与大多数古菌有较强的耐受性且在养分含量较低的环境中适宜生长相关<sup>[37]</sup>,而在奇古菌门中大部分为好氧氨氧化古菌,适宜在氧含量较高的环境中生存,这可能与鄱阳湖苔草植被根际土壤氧含量相关.

## 4 结论

1) 鄱阳湖南矶湿地苔草植被不同土层根际土壤理化性质和酶活性存在显著差异.0~15 cm土层土壤有机质、全氮、全磷、全钾、速效养分含量及脲酶、多酚氧化酶、酸性磷酸酶、蔗糖酶、酸性转化酶活性显著高于30~45 cm土层土壤的.

2) 土壤古菌群落微生物多样性随土层深度的增加而增加;不同土层土壤优势物种相对丰度存在差异.

3) 土壤有机质、全氮、全磷和碱解氮含量是影响细菌群落的主要环境因子;土壤有机质、全氮、有效磷和碱解氮含量是影响真菌群落的主要环境因子;土壤有机质、全氮、全磷和全钾含量是影响古菌群落的主要环境因子.

## 5 参考文献

- [1] CHAPARRO J M, SHEFLIN A M, MANTER D K, et al. Manipulating the soil microbiome to increase soil health

- and plant fertility [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2012, 48(5): 489-499.
- [2] VAN HORN D J, VAN HORN M L, BARRETT J E, et al. Factors controlling soil microbial biomass and bacterial diversity and community composition in a cold desert ecosystem: role of geographic scale [J]. *PLoS One*, 2013, 8(6): e66103.
- [3] 赵国慧, 李哲哲, 胡少军 等. 雍城湖湿地土壤理化性质与微生物及植物群落的关系 [J]. *西北林学院学报*, 2020, 35(5): 240-248.
- [4] 王雅芸, 隆彦昕, 李岩 等. 胡杨土壤理化性质与微生物群落结构空间和分布的关系 [J]. *生态学报*, 2021, 41(14): 5669-5684.
- [5] 牛世全, 龙洋, 李海云 等. 应用 IlluminaMiSeq 高通量测序技术分析河西走廊地区盐碱土壤微生物多样性 [J]. *微生物学通报*, 2017, 44(9): 2067-2078.
- [6] 张建, 黄小兰, 张婷 等. 鄱阳湖河湖交错带重金属污染对微生物群落与多样性的影响 [J]. *湖泊科学*, 2018, 30(3): 640-649.
- [7] 张全军, 于秀波, 钱建鑫 等. 鄱阳湖南矶湿地优势植物群落及土壤有机质和营养元素分布特征 [J]. *生态学报*, 2012, 32(12): 3656-3669.
- [8] YU Chao, ZHANG Jie, WU Lan, et al. Effects of heavy metal and nutrients on benthic microbial communities in freshwater sediment of Poyang Lake (China) [J]. *Journal of Residuals Science & Technology*, 2015, 12(2): 105-111.
- [9] 宋炎炎, 张奇, 姜三元 等. 鄱阳湖湿地地下水埋深及其与典型植被群落分布的关系 [J]. *应用生态学报*, 2021, 32(1): 123-133.
- [10] 邹锋, 李金前, 韩丽丽 等. 鄱阳湖湿地土壤微生物活性对年际水文变化的响应 [J]. *湖泊科学*, 2019, 31(2): 551-559.
- [11] 葛刚, 吴兰. 南矶山自然保护区种子植物区系 [J]. *南昌大学学报(理科版)*, 2006, 30(1): 52-55.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [13] 关松荫. 土壤酶及研究方法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [14] 熊汉锋, 廖勤周, 吴庆丰 等. 湖北梁子湖湿地土壤养分的分布特征和相关性分析 [J]. *湖泊科学*, 2005, 17(1): 93-96.
- [15] 曾静, 李旭, 侯志勇 等. 洞庭湖湿地 3 种典型植物群落土壤酶活性特征 [J]. *湖泊科学*, 2017, 29(4): 907-913.
- [16] 马俊梅, 郭春秀, 肖斌 等. 民勤黑果枸杞形态学特征与土壤因子的关系 [J]. *干旱区研究*, 2020, 37(2): 444-451.
- [17] 申紫雁, 刘昌义, 胡夏嵩 等. 黄河源区高寒草地不同深度土壤理化性质与抗剪强度关系研究 [J]. *干旱区研究*, 2021, 38(2): 392-401.
- [18] 薛文悦, 戴伟, 王乐乐 等. 北京山地几种针叶林土壤酶特征及其与土壤理化性质的关系 [J]. *北京林业大学学报*, 2009, 31(4): 90-96.
- [19] XU Zhiwei, YU Guirui, ZHANG Xinyu, et al. 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.
- [20] LADHA J K, REDDY P M. Nitrogen fixation in rice systems: state of knowledge and future prospects [J]. *Plant and Soil*, 2003, 252(1): 151-167.
- [21] 姚彤, 胡晓龙, 贾永红 等. 玉米秸秆生物炭对天人菊土壤理化性质及根际土壤真菌群落结构的影响 [J]. *南方农业学报*, 2021, 52(4): 942-950.
- [22] 罗影, 王立光, 陈军 等. 不同种植模式对甘肃中部高寒区胡麻田土壤酶活性及土壤养分的影响 [J]. *核农学报*, 2017, 31(6): 1185-1191.
- [23] 王雅, 刘爽, 郭晋丽 等. 黄土高原不同植被类型对土壤养分、酶活性及微生物的影响 [J]. *水土保持通报*, 2018, 38(1): 62-68.
- [24] 石立媛, 张永亮, 高凯 等. 科尔沁沙地苜蓿草地土壤酶活性的时空变化特征 [J]. *草地学报*, 2017, 25(2): 310-314.
- [25] 宋学贵, 胡庭兴, 鲜骏仁 等. 川南天然常绿阔叶林土壤酶活性特征及其对模拟 N 沉降的响应 [J]. *生态学报*, 2009, 29(3): 1234-1240.
- [26] 赵梦赛, 栾亚宁, 戴伟 等. 丝栗栲林土壤微生物 PLFA 群落结构的时空变化特征 [J]. *西北林学院学报*, 2019, 34(6): 16-21, 73.
- [27] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析 [J]. *生态学报*, 2017, 37(5): 1650-1658.
- [28] 高江力. 荒漠植物根际土壤细菌对不同干旱条件和沙丘类型的响应机制 [D]. 兰州: 兰州大学, 2019.
- [29] 程扬, 刘子丹, 沈启斌 等. 秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响 [J]. *环境学报*, 2018, 27(10): 1870-1877.
- [30] 霍玉珠, 王银华, 王春萍 等. 互花米草入侵对天津滨海湿地土壤可培养细菌和真菌群落组成及多样性的影响 [J]. *天津师范大学学报(自然科学版)*, 2021, 41(1): 34-41.



- [31] 张雪,陈婷,牛艳慧,等. Illumina 高通量测序揭示艾比湖湿地 6 种盐生植物根际土壤真菌群落组成及多样性[J]. 微生物学报, 2021, 61(12): 3965-3976.
- [32] 李燕. 鄱阳湖湿地土壤微生物群落对干化-干湿转化过程的响应[D]. 南昌:江西师范大学, 2018.
- [33] BASTIDA F, TORRES I F, MORENO J L, et al. The active microbial diversity drives ecosystem multifunctionality and is physiologically related to carbon availability in Mediterranean semi-arid soils [J]. Molecular Ecology, 2016, 25(18): 4660-4673.
- [34] 李旭光, 齐占会, 林琳, 等. 基于高通量测序分析的大鹏澳海域沉积物古菌群落结构初步研究 [J]. 南方水产科学, 2015, 11(6): 1-8.
- [35] 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.
- [36] 肖方南, 姜梦, 李媛媛, 等. 塔里木河下游柽柳灌丛土壤真菌群落结构及多样性分析 [J]. 干旱区地理, 2021, 44(3): 759-768.
- [37] KEMNITZ D, KOLB S, CONRAD R. High abundance of Crenarchaeota in a temperate acidic forest soil [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, 60(3): 442-448.

## The Analysis of Microbial Community Structure in Rhizosphere Soil of Carex Vegetation in Poyang Lake Nanji Wetland

LAI Sheng<sup>1</sup>, YANG Huilin<sup>1,2</sup>, CHEN Meiling<sup>1</sup>, LONG Xinyi<sup>1</sup>, LIU Shuli<sup>1,2</sup>, JIAN Minfei<sup>1,2\*</sup>

(1. Key Lab of Protection and Utilization of Subtropical Plant Resources, Jiangxi Normal University, Nanchang Jiangxi 330022, China;

2. Key Laboratory of Ministry of Education of Lake Poyang Wetland and Watershed Research, Jiangxi Normal University, Nanchang Jiangxi 330022, China)

**Abstract:** In order to explore the effects of microbial community structure in rhizosphere soil of Carex vegetation in Poyang Lake Nanji Wetland, Illumina HiSeq high-throughput sequencing technology is applied to examine the soil community structure and its influencing factors at the layer of 0—15, 15—30 and 30—45 cm of Carex vegetation soil in Nanji Wetland. The results show that there are significant differences in the physical and chemical properties and enzyme activities of soil samples at different depths. Pearson correlation analysis shows that there are varying degrees of correlation between them. High-throughput sequencing results show that the microbial richness and diversity of soil bacterial and fungal communities at different depths didn't reach significant differences ( $P > 0.05$ ) and archaeal soil microbial diversity increases with soil depth. A total of 41 bacterial phyla, 8 fungal phyla and 10 archaeal phyla are obtained from different treatments, of which the dominant bacterial phyla are Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi and Nitrospirae, the dominant fungal phyla are Ascomycota, Basidiomycota and Mortierellomycota, the dominant archaeal phyla are Euryarchaeota, Crenarchaeota and Thaumarchaeota. The redundancy analysis shows that organic matter, total nitrogen, total phosphorus and alkaline hydrolyzed nitrogen have greater impact on bacterial community structure, while organic matter, total nitrogen, available phosphorus and alkali hydrolyzable nitrogen content have greater impact on fungal community structure. And organic matter, total nitrogen, total phosphorus and total potassium content have greater impact on archaeal community structure.

**Key words:** Poyang Lake Nanji Wetland; high-throughput sequencing; soil microorganisms; community structure

(责任编辑: 刘显亮)