

# 环境科学

# ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

2020
Vol.41 No.9
第41卷 第9期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第9期
2020年9月15日

# 目 次

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第9期 2020年9月
Vol.41, No.9 Sep., 2020

# 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响

张拓[1], 徐飞[1,2*], 怀宝东[2], 杨雪[1,2], 隋文志[2]
(1. 西华师范大学环境科学与工程学院, 南充 637002; 2. 黑龙江省农垦科学院, 哈尔滨 150038)

**摘要**: 本研究旨在明确生境质量变化对土壤细菌群落的影响,为松花江退化湿地选择科学的修复方法提供参考依据. 于2018年使用Illumina MiSeq PE300第二代高通量测序平台对松花江下游的5种土地利用类型湿地(天然湿地、稻田地、玉米田、采砂迹地及恢复湿地)土壤细菌16S rDNA进行测序,分析不同土地利用类型土壤细菌群落多样性和功能的差异. 结果表明:沿江湿地开垦为玉米田造成土壤细菌的Ace、Chao1和Shannon指数显著降低($P<0.05$),采砂迹地的仿湿地修复使土壤细菌的Ace、Chao1和Shannon指数显著提高($P<0.05$). 天然湿地、稻田、玉米田和采砂迹地的土壤细菌群落结构差异显著($P<0.05$),采砂迹地与恢复湿地的土壤细菌群落结构相似. 沿江湿地土壤细菌划分为40门、105纲、258目、421科、802属和1 673种,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、疣微菌门、厚壁菌门和芽单胞菌门为各样地共有的优势菌门(相对丰度>1%). 相比之下,拟杆菌门偏好稻田土壤环境,变形菌门和芽单胞菌门偏好玉米田土壤环境,放线菌门偏好采砂迹地土壤环境. 湿地土壤细菌具有新陈代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统这6类一级代谢通路、46类二级代谢通路和19类主要二级代谢通路(相对丰度>1%). 土壤pH、含水量、碱解氮和碳氮比是沿江湿地土壤细菌群落多样性的主要影响因子. 由此可见,改变沿江湿地土地用途降低了土壤生态系统稳定性,增加了湿地退化的潜在生态风险.

**关键词**:沿江湿地; 土地利用方式; 土壤细菌; 群落多样性; 功能预测
**中图分类号**: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)09-4273-11 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202003088

# Effects of Land Use Changes on Soil Bacterial Community Diversity in the Riparian Wetland Along the Downstream of Songhua River

ZHANG Tuo[1], XU Fei[1,2*], HUAI Bao-dong[2], YANG Xue[1,2], SUI Wen-zhi[2]
(1. College of Environmental Science and Engineering, China West Normal University, Nanchong 637002, China; 2. Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Harbin 150038, China)

**Abstract**: The aim of this study was to provide a theoretical basis for the restoration of degraded wetlands in the Songhua River by determining the effect of habitat quality changes on the soil bacterial community. The 16S rDNA of soil bacteria in five land use types (natural wetland, paddy field, corn field, sand mining slash, restoration wetland) of the riparian wetland along the downstream of the Songhua River was sequenced using the Illumina MiSeq PE300 high-throughput sequencing platform. The differences in the community diversity and functions of soil bacteria for different land use types were analyzed. ACE, Chao1, and Shannon indices of soil bacterial diversity were significantly reduced by reclaiming the wetland into the corn field ($P<0.05$), and they were significantly improved by wetland restoration in the sand mining slash ($P<0.05$). The differences in the soil bacterial community structure were significant among natural wetlands, paddy fields, corn fields, and sand mines ($P<0.05$). Similar bacterial community structures were found in sand mining slash and restoration wetlands. Soil bacteria in the riparian wetland can be divided into 40 phyla, 105 classes, 258 orders, 421 families, 802 genera, and 1673 species. Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Verrucomicrobia, Firmicutes, and Gemmatimonadetes were the dominant phyla (relative abundance >1%). In contrast, Bacteroidetes preferred the soil under the paddy environment, Proteobacteria and Gemmatimonadales preferred the soil environment of corn, and Actinobacteria preferred the soil environment of sand mining slash. Wetland soil bacteria have six primary metabolic pathways (metabolism, environmental information processing, genetic information processing, cellular processes, human disease, and organismal systems) and 46 secondary metabolic pathways including 19 types of main secondary metabolic pathways (relative abundance > 1%). Diversity of the soil fungal community was significantly influenced by soil pH, moisture content, available nitrogen, and the C/N ratio. Hence, potential ecological risks increased and ecosystem stability decreased because of the resource development activities in natural wetlands. Diversity of the soil fungal community plays a critical role in protecting the ecological security and supplying considerable amounts of undeveloped resources.

**Key words**: riparian wetland; land use type; soil bacteria; community diversity; function prediction

湿地是自然界最富生物多样性的生态系统和人类最重要的生存环境之一,蕴藏着丰富的自然资源,具有调节水文、净化污染和维护生物多样性等生态功能,与森林、海洋并列称为全球三大生态系统[1,2]. 近年来,改变湿地用途所产生的环境效应一

**收稿日期**: 2020-03-08; **修订日期**: 2020-03-19
**基金项目**: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07201-008); 西华师范大学科研基金项目(19E061)
**作者简介**: 张拓(1990~),男,博士,讲师,主要研究方向为环境化学与微生物,E-mail:605329544@qq.com
* 通信作者,E-mail:29162038@qq.com

直是退化生态系统研究的热点问题之一[3]. 充分证据表明,不合理的开发利用湿地是造成湿地面积缩小、生物多样性丧失和改变湿地土壤正常发育过程的主要原因[4,5],如何协调资源开发与生态保护的关系是维护沿江湿地生态平衡和促进当地经济可持续发展的关键问题[6]. 土壤微生物是生态系统中的分解者,对维持生态系统平衡具有不可替代的作用[7]. 土壤微生物在地下生活着巨大多样性对塑造整体生物多样性和生态系统功能有着重要的影响,尤其与维持包括养分循环在内的多个生态系统功能密切相关[8]. 它们具有复杂的微生物网络关系,在复杂性更高的生态系统中,土壤微生物群落多样性对生态系统功能的贡献更高[9]. 深入研究土壤微生物群落多样性以及对环境变化的响应有助于科学管理湿地资源和促进湿地健康发展.

松花江下游是我国三江平原湿地的集中分布区和粮食生产基地,在维护区域生态平衡和保障国家粮食安全等方面发挥着重要的作用[10]. 自 20 世纪 50 年代末,松花江流域进入大规模开发时期,垦殖、采砂和筑渠等人类活动使沿江湿地的土地利用方式发生改变,湿地面积减少一半以上[11]. 近 20 年来,湿地的保护与恢复得到了国家和地方政府的重视,生境状况逐年好转,但与 60 ~ 70 年代相比,仍然面临湿地植被覆盖率低、水土流失严重以及生物多样性下降等生态系统退化问题[12]. 解决湿地生态系统退化问题关键在于保护和发展生物多样性、提高生境质量,并使其具有较好的可自我持续性[13]. 土壤细菌是土壤微生物中数量最多、分布最广和群落关系与功能最复杂多样的生物,土壤环境微小变化可使土壤细菌群落结构和功能发生显著变化,同时这种变化能够反作用于无机环境并传递给整个生态系统[14]. 因此,土壤细菌不仅能够为土壤提供一种天然的保护作用促进退化生态系统的恢复,其多样性及异质性还常常用于表征土壤肥力和预测生态环境风险[15]. 土地利用变化可以使土壤理化性质发生改变而导致土壤细菌群落结构发生变异,但土壤细菌群落的结构与功能的变化趋势以及如何影响湿地生态系统仍不明确[16]. 因此,本研究通过分析不同土地利用方式下的土壤细菌群落多样性和功能的差异,揭示不同土地利用方式对松花江下游沿江湿地土壤生态系统带来的影响,以期为制定退化湿地修复方法、合理利用和科学管理湿地资源提供理论依据和基础数据.

## 1 材料与方法

### 1.1 研究地区概况

研究区域属于小兴安岭山地与三江平原生态过渡带,位于我国松花江下游的黑龙江省黑鱼泡自然保护区内 (46°57′55″ ~ 47°14′7″N, 130°24′51″ ~ 130°57′38″E),温带大陆性季风气候,海拔 65 ~ 81 m,多年平均降雨量为 548 mm,多年平均蒸发量为 1 155 mm,多年平均无霜期 130 d 左右. 全年有 5 个月平均气温在 0℃ 以下,多年平均气温 2.1℃,最高气温出现在 7 月份,平均气温 21.2℃,最低气温出现在 1 月,平均气温 -19.4℃. 冻融期从 10 月中旬至次年的 5 月中旬,冰封期 150 d,湿地冻层深 80 ~ 125 mm. 保护区内植被以湿生草本和灌木植被为主,间有人工林分布. 主要植被有卷边柳 (*Salix siuzevii*)、松江柳 (*Salix sungkianica*)、蒿柳 (*Salix viminalis*)、鼓囊苔草 (*Carex lehmanii*)、菖蒲 (*Acorus calamus* Linn) 和小叶章 (*Deyeuxia angustifolia*) 等.

### 1.2 样地设计与样品采集

2017 年 6 月,在坡度较小 (5°) 和坡向一致且包含多种土地利用类型的沿江湿地中,选择天然湿地 (natural wetland, NW)、水稻田 (paddy field, PF)、玉米田 (corn field, CF)、采沙迹地 (sand mining slash, SMS) 和人工恢复湿地 (restoration wetland, RW) 这 5 种土地利用类型开展实验研究,共设置 15 块实验样地. 其中,农田于 2011 年始开荒耕种至今,采砂迹地于 2017 年 5 月停止采砂,恢复湿地于 2017 年 6 月通过平整废弃采砂场低洼地,人工移栽小叶章和鼓囊苔草形成. 样地具体信息如表 1.

**表 1 样地的具体信息**

Table 1 Location of the sampling sites

| 土地利用类型 | 样地编号 | 当前植被 | 水文连通性 | 海拔高度/m |
|---|---|---|---|---|
| NW | NW-1、NW-2 和 NW-3 | 鼓囊苔草 (*Carex lehmanii*) 和小叶章 (*Deyeuxia angustifolia*) | 好 | 68 |
| PF | PF-1、PF-2 和 PF-3 | 水稻 (*Oryza sativa*) | 差 | 70 |
| CF | CF-1、CF-2 和 CF-3 | 玉米 (*Zea mays*) | 差 | 71 |
| SMS | SMS-1、SMS-2 和 SMS-3 | 无 | 一般 | 70 |
| RW | RW-1、RW-2 和 RW-3 | 小叶章 (*Deyeuxia angustifolia*) 和鼓囊苔草 (*Carex lehmanii*) | 好 | 69 |

于 2018 年 7 月进行土壤样品采集,每块实验样地内随机布设 1 个 2 m × 2 m 的小样方,使用土钻按照 5 点采样法在样方内取表层约 0 ~ 10 cm 深度的土壤样品,更换样地取样时用去离子水对土钻进行深度清洗. 每个取样点中取 2 份土壤样品, 1 份约重 0.5 kg,装入自封袋中并置于 4℃ 电子恒温箱中. 另

1 份约重 0.05 kg，将来自同一样方的 5 份土样充分混合，去除杂草与石块后装入无菌自封袋中，储存于 -80℃的干冰保温箱中，用于提取土壤细菌基因组 DNA. 共获取 15 个土样用于测定土壤细菌和 75 份土样用于测定土壤化学性质[17].

### 1.3　土壤理化指标的测定

土壤 pH 值采用土∶水 =1∶2.5 浸提法，使用 pH 分析仪测定（HQ30d，HACH，U.S）；土壤水分含量（Moisture content，MC）采用重量分析法；总碳（Total carbon，TC）和总氮（Total nitrogen，TN）使用碳氮自动分析仪（ElementarVarioMaxCN，Elementar，德国）测定；全磷采用碱熔-钼锑抗分光光度法；总有机碳（total organic carbon，TOC）采用总有机碳分析仪（TOC-CPH，SHIMADZU，日本）测定[18]；碱解氮（Available nitrogen，AN）含量采用碱解蒸馏法测定；碳氮比为土壤全碳与全氮的比值.

### 1.4　土壤细菌 DNA 提取与 PCR 扩增

使用 E. Z. N. A.® Soil DNA 提取试剂盒（Omega Bio-tek，Norcross，GA，U.S）抽提基因组 DNA，采用通用引物（338F/806R）对细菌 16S rDNA 的 V4-V5 区域进行 PCR 扩增[19]. PCR 实验采用 TransGen AP221-02：TransStart Fastpfu DNA Polymerase，20 μL 反应体系：4 μL FastPfu 缓冲液循环 5 次，2.5 mmol·L$^{-1}$ dNTPs 2 μL，5 μmol·L$^{-1}$ 的上游引物 0.8 μL，5 μmol·L$^{-1}$ 的下游引物 0.8 μL，FastPfu 聚合酶 0.4 μL，BSA 0.2 μL，Template DNA 10 ng，补双蒸水至 20 μL. PCR 仪：ABI GeneAmp® 9700 型. 细菌的 PCR 反应参数：① 95℃持续 3 min；② 27 次循环（加热温度为 95℃持续 30 s；退火温度为 55℃持续 30 s；72℃持续 45 s）；③ 72℃持续 10 min，然后控制在 10℃直到机器停止[20]. 全部样本严格按照正式实验条件进行，每个样本 3 个重复，将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测，使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒（Axygen 公司）切胶回收 PCR 产物. 等量混合纯化扩增产物，使用 Illumina MiSeq 平台构建 MiSeq 文库测序.

### 1.5　生物信息统计与分析

在美吉公司的 I-Sanger 生物云平台上使用 QIIME（vesion 1.17，http://qiime.org）软件对测序数据进行数据分析，在相似水平为 97% 条件下划分运算分类单位（operational taxonomic units，OTU），使用 Usearch 软件（vssion 7.1）去除嵌合体，采用 RDP（ribosomal database project）classifier 贝叶斯算法对 OTU 代表序列进行分类学分析，置信度阈值为 0.7，比对数据库（Silva 132/16s bacteria）. 按照最小样品序列数进行抽平，计算 α 多样性指数（Ace、Chao1、Shannon 和 Simpson），采用 Mothur 软件（version v.1.30.1）稀释性分析，利用 R 语言工具制作曲线图和文氏图，采用主坐标分析（PCoA）计算 beta 多样性距离矩阵，使用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验检测显著差异的优势物种[21]. 土壤细菌功能预测是基于 Silva 数据库的 16S 分类谱系转化为京都基因和基因组百科全书（Kyoto encyclopedia of genes and genomes，KEGG）数据库中原核生物的分类谱系，对 16S rRNA 基因序列进行功能注释[22]. 使用 SPSS 软件（IBM SPSS Statistics 22 for Windows）进行单因素方差分析的 Duncan 多重比较和置换检验统计分析.

## 2　结果与分析

### 2.1　不同土地利用方式土壤理化性质的差异

由表 2 可见，沿江湿地不同土地利用类型的土壤理化性质差异显著（$P<0.05$）. 垦殖或开采矿砂均造成土壤 pH 的显著升高（$P<0.05$），且采砂迹地的土壤 pH 显著高于农田. 天然湿地的含水量显著高于恢复湿地（$P<0.05$），灌溉造成稻田土壤含水量显著高于湿地（$P<0.05$），采砂迹地的土壤含水量和保水能力最低. 天然湿地的总碳、有机碳、总氮和总磷等土壤养分指标含量最高，采砂迹地的养分含量最低，农田土壤养分含量介于湿地与采砂迹地之间. 稻田土壤的碱解氮含量最高，分别是 NW、CF、SMS、RW 的 1.80、1.09、49.96、7.03 倍. 采砂迹地和湿地的土壤碳氮比较高，而农田和恢复湿地相对较低.

**表 2　沿江湿地不同土地利用类型的土壤理化性质比较1)**

Table 2　Comparison of soil physicochemical properties in different land use types of riparian wetlands

| 土地利用类型 | pH | 含水量(MC) /% | 总碳(TC) /g·kg$^{-1}$ | 有机碳(TOC) /g·kg$^{-1}$ | 总氮(TN) /g·kg$^{-1}$ | 碱解氮(AN) /mg·kg$^{-1}$ | 总磷(TP) /mg·kg$^{-1}$ | 碳氮比 (C/N) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| NW | 5.52 ±0.06e | 38.72 ±2.65b | 53.17 ±8.50a | 44.24 ±5.17a | 4.18 ±0.30a | 46.05 ±4.55c | 29.76 ±2.80a | 12.68 ±1.46b |
| PF | 5.77 ±0.07d | 45.15 ±2.31a | 21.00 ±2.02b | 19.83 ±1.74b | 2.51 ±0.23b | 82.97 ±2.97a | 15.66 ±2.23b | 8.42 ±1.00c |
| CF | 6.21 ±0.09c | 20.67 ±5.20d | 19.89 ±2.97b | 15.88 ±1.07c | 2.12 ±0.21c | 76.35 ±3.34b | 12.04 ±1.11c | 9.44 ±1.62c |
| SMS | 6.80 ±0.07a | 10.01 ±3.28e | 1.56 ±0.80d | 1.22 ±0.60e | 0.10 ±0.02e | 1.73 ±0.93e | 4.09 ±1.92d | 15.78 ±6.71a |
| RW | 6.70 ±0.08b | 28.56 ±1.66c | 8.29 ±1.77c | 5.79 ±1.45d | 0.97 ±0.21d | 11.81 ±3.89d | 12.38 ±1.10c | 8.57 ±0.98c |

1）不同小写字母表示不同土地利用类型间差异显著（$P\leq0.05$），最大的平均数标记为 a，表中数据为平均值 ± 标准差（$n=15$）

**2.2** 各样地土壤细菌 DNA 测序分析

由表 3 可见,通过 MiSeq 高通量测序过滤低质量测序后, 5 种土地利用类型的 15 个土壤样品共获得654 849条修剪序列,总碱基数为286 515 241 bp,平均碱基长度为 437.53 bp.

采用样本抽样序列数与它们所代表的 OTU 数目构建稀释性曲线可以看出[图 1(a)], 15 个土壤样品的稀释性曲线均趋于平坦,更多的测序数据对发现新的 OTU 数目贡献较小,表明测序数据合理. 全部样地的土壤细菌 OTU 分布数目为4290 个[图 1(b)],其中,各类型样地共有的 OTU 分布数目为 987 个,约占 23.0%. 恢复湿地独有的土壤细菌 OTU 分布数目 273 个,约占全部的 6.4%. 天然湿地独有的土壤细菌 OTU 分布数目最少,分别在占全部 2.1%. 水稻田、玉米田和采沙场土壤独有的土壤细菌 OTU 分布数目居中,分别占全部的 3.0%、2.6% 和 2.2%. 各类型样地土壤细菌 OTU 分布数目由多到少依次为:RW、NW、SMS、PF 和 CF [图 1(c)].

**2.3** 不同土地利用类型土壤细菌群落 α 多样性

比较不同土地利用类型土壤样品细菌群落 $\alpha$ 多样性的结果表明 (表 4),自然湿地、恢复湿地和玉米田三者之间的 Ace 指数和 Chao1 指数差异显著 ($P<0.05$),水稻田、采砂迹地与恢复湿地之间的 Ace 指数和 Chao 指数差异显著 ($P<0.05$),恢复湿地与玉米田、采砂迹地的 Shannon 指数差异显著 ($P<0.05$),玉米田与自然湿地、恢复湿地、水稻田的 Shannon 指数差异显著 ($P<0.05$),玉米田与自然湿地、水稻田的 Simpson 指数差异显著 ($P<0.05$).

**表 3 测序数据统计**

Table 3 Sequencing data statistics

| 样地编号 | 序列数/条 | 碱基数/bp | 平均长度/bp | 短序列长度/bp | 长序列长度/bp |
|---|---|---|---|---|---|
| NW-1 | 44 851 | 19 584 966 | 436.67 | 300 | 496 |
| NW-2 | 45 652 | 19 999 757 | 438.09 | 272 | 496 |
| NW-3 | 32 518 | 14 210 814 | 437.01 | 272 | 489 |
| PF-1 | 49 515 | 21 638 350 | 437.01 | 305 | 469 |
| PF-2 | 47 622 | 20 860 423 | 438.04 | 268 | 547 |
| PF-3 | 42 207 | 18 466 177 | 437.51 | 267 | 490 |
| CF-1 | 40 779 | 17 769 733 | 435.76 | 340 | 487 |
| CF-2 | 40 795 | 17 695 249 | 433.76 | 318 | 556 |
| CF-3 | 47 933 | 21 015 651 | 438.44 | 267 | 511 |
| SMS-1 | 39 191 | 17 182 756 | 438.44 | 298 | 491 |
| SMS-2 | 45 032 | 19 803 762 | 439.77 | 280 | 491 |
| SMS-3 | 40 504 | 17 750 009 | 438.23 | 342 | 539 |
| RW-1 | 48 334 | 21 136 065 | 437.29 | 312 | 487 |
| RW-2 | 44 285 | 19 443 834 | 439.06 | 278 | 485 |
| RW-3 | 45 631 | 19 957 695 | 437.37 | 298 | 535 |
| 平均值 | 43 657 | 19 101 016 | 437.53 | 294 | 505 |

**表 4 不同土地利用类型样地的土壤细菌 $\alpha$ 多样性指数[1)]**

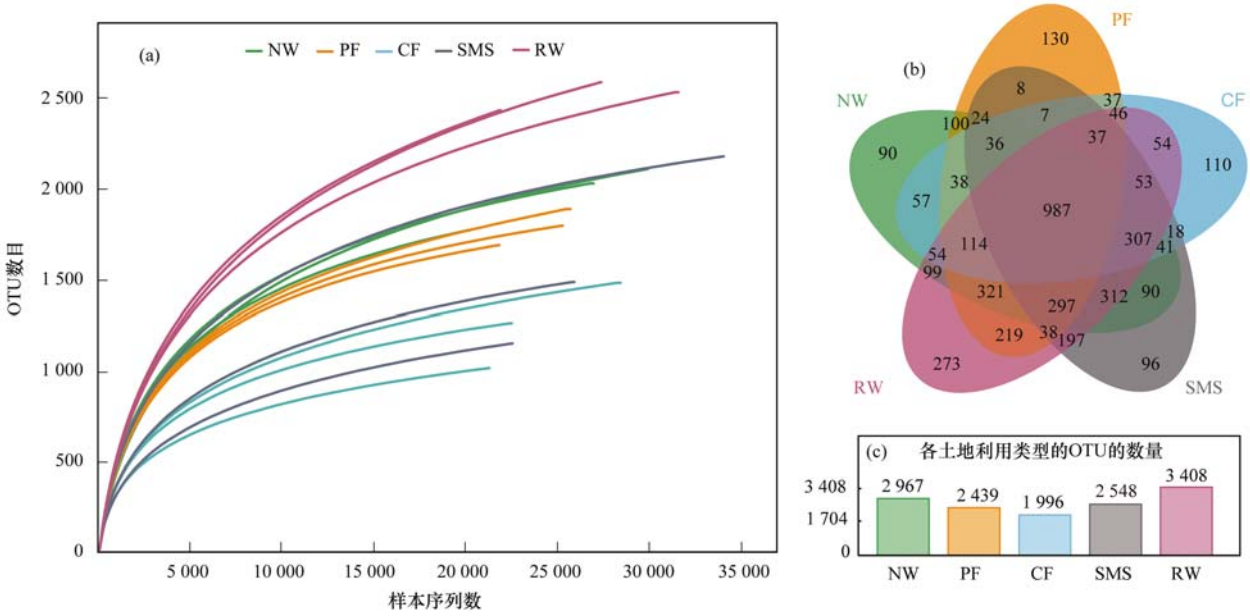
Table 4 Soil bacterial $\alpha$-diversity indexes in different land use types

| 土地利用类型 | Ace 指数 | Chao1 指数 | Shannon 指数 | Simpson 指数 |
|---|---|---|---|---|
| NW | 2 394.60 ± 222.92b | 2 411.25 ± 217.27b | 6.45 ± 0.22ab | 0.005 6 ± 0.004 4b |
| PF | 2 147.68 ± 201.78bc | 2 186.52 ± 236.16bc | 6.37 ± 0.06ab | 0.005 5 ± 0.000 2b |
| CF | 1 582.56 ± 325.67c | 1 599.35 ± 334.46c | 5.69 ± 0.19c | 0.012 2 ± 0.003 6a |
| SMS | 1 984.38 ± 555.40bc | 1 992.53 ± 574.02bc | 5.99 ± 0.50bc | 0.007 1 ± 0.003 3ab |
| RW | 3 197.72 ± 73.75a | 3 227.05 ± 48.98a | 6.62 ± 0.10a | 0.007 2 ± 0.003 4ab |

1)不同小写字母表示不同土地利用类型间差异显著($P\leq0.05$),最大的平均数标记为 a,表中数据为平均值 ± 标准差 ($n=3$)

**2.4** 不同类型样地土壤细菌群落结构及指示物种差异

对 OTU 的代表序列在细菌门划分水平上进行分类学分析. 结果表明, 15 个土壤样品中检测出的土壤细菌可划分为 40 门、105 纲、258 目、421 科、802 属和 1673 种. 由图 2(a) 可以看出,变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 为各样地共有的主要菌门 (相对丰度 >1%),蓝菌门 (Cyanobacteria) 是稻田土壤中的主要菌门,Patescibacteria 是稻田、玉米田和恢复湿地土壤中的主要菌门,硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 是天然湿地、稻田和采砂迹地土壤中的主要菌门,己科河菌门 (Rokubacteria) 是天然湿




(a)稀释性曲线；(b)OTU 分布；(c)各土地类型的 OTU 数量

**图 1　不同土地利用类型样地抽样序列数和所代表土壤细菌的 OTUs 数量比较**

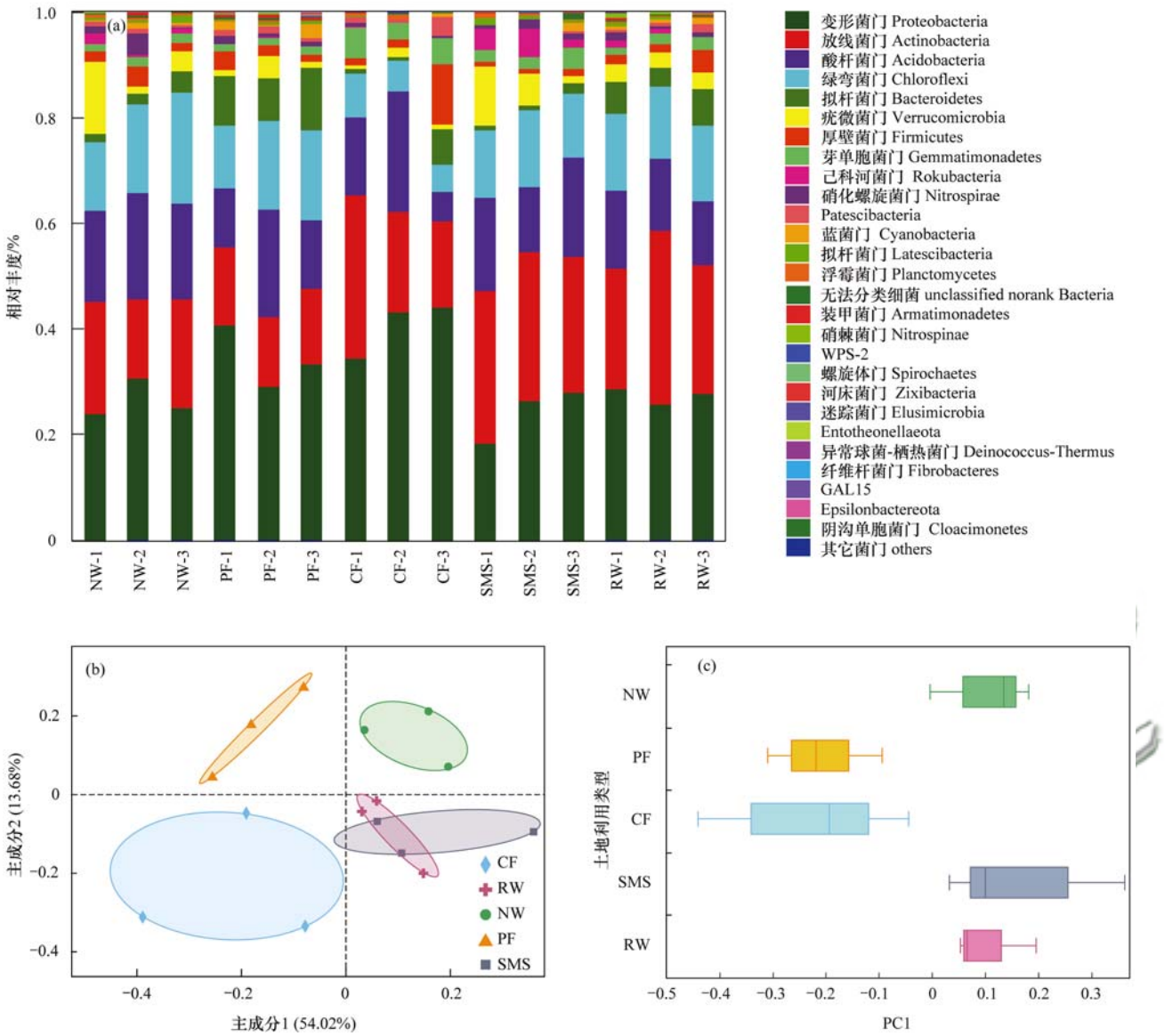
Fig. 1　Comparison of sampling sequence number and number of OTUs in different land use types

地和采砂迹地土壤中的主要菌门，在各样地相对丰度 <1% 的菌门合为其它菌门. 采用皮尔森距离算法的主坐标分析比较不同利用类型样地土壤细菌群落的相似性和差异关系. 如图 2(b) 所示，水稻田和玉米田的土壤细菌群落位于 PC1 轴的负半轴，采砂迹地、天然湿地和恢复湿地的土壤细菌群落位于 PC1 轴的正半轴. 水稻田与天然湿地的土壤细菌群落位于 PC2 轴的正半轴，采砂迹地、玉米田和恢复湿地的土壤细菌群落位于 PC1 轴的负半轴. ANOSIM 组间差异检验表明［图 2(c)］，恢复湿地与采砂迹地的土壤细菌群落结构相似，它们与其它样地土壤细菌的群落结构差异显著（$P<0.05$）.

利用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验分析不同土地利用类型土壤细菌各分类水平的显著差异特征（LDA 阈值 4.0），并构建群落进化分枝图（图 3）[22]. 结果表明，在门分类水平上，水稻田中拟杆菌门、玉米田中变形菌门和芽单胞菌门以及采砂迹地中放线菌门相比较其它土地类型具有显著优势. 在纲分类水平上，稻田中的厌氧绳菌纲（Anaerolineae）、玉米田的变形菌纲（α-Proteobacteria）、芽单胞菌纲（Gemmatimonadetes）、芽孢杆菌纲（Bacilli）和采砂迹地中的放线菌纲（Actinobacteria）为各土地类型显著优势纲. 在目分类水平上，水稻田的厌氧绳菌目（Anaerolineales）、β-Proteobacteriales、拟杆菌目（Bacteroidales）、玉米田的黄色单胞菌目（Xanthomonadales）、鞘脂单胞菌目（Sphingomonadales）、芽单胞菌目（Gemmatimonadales）、芽孢杆菌目（Bacillales）和采砂迹地中的 Pyrinomonadales、Solirubrobacterales、Gaiellales、Rokubacteriales 为各土地类型的显著优势目. 在科分类水平上，恢复湿地中的微球菌科（Micrococcaceae）、玉米田中的罗丹诺杆菌科（Rhodanobacteraceae）、鞘脂单胞菌科（Sphingomonadaceae）、芽单胞菌科（Gemmatimonadaceae）、水稻田中厌氧绳菌科（Anaerolineaceae）和采砂迹地中的 Pyrinomonadaceae、Gaiellaceae 为各土地类型的显著优势科. 在属分类水平上，恢复湿地的 *Pseudarthrobacter*、玉米田的 *Rhodanobacter*、鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*）和采砂迹地的 *Gaiella* 为各土地类型的显著优势属.

## 2.5　不同土地利用类型湿地土壤细菌的功能注释

不同土样中的 OTUs 在 KEGG 一级功能代谢通路的注释信息及各功能丰度信息见表 5，土壤细菌群落包括 6 类一级代谢通路，样本中各功能基因的相对丰度从高到低依次为：新陈代谢（metabolism）、环境信息处理（environmental information processing）、遗传信息处理（genetic information processing）、细胞过程（cellular processes）、人类疾病（human diseases）和有机系统（organismal systems）. 其中，水稻田的遗传信息处理功能显著高于其它样地（$P<0.05$），采砂迹地的环境信息处理功能显著高于其它样地（$P<0.05$），采砂迹地的遗传信息处理和人类疾病功能显著低于其它样地（$P<0.05$）. 玉米田与采砂迹地之间的有机系统功能差异显著（$P<0.05$），表现为：CF > SMS.




(a)分类组成；(b)门水平上的主坐标分析；(c)ANOSIM 组间差异检验

**图 2 不同土地利用类型样地中土壤细菌群落的结构柱状图和主坐标分析**

Fig. 2 Structure histogram and principal coordinate analysis of bacterial communities in different land use types

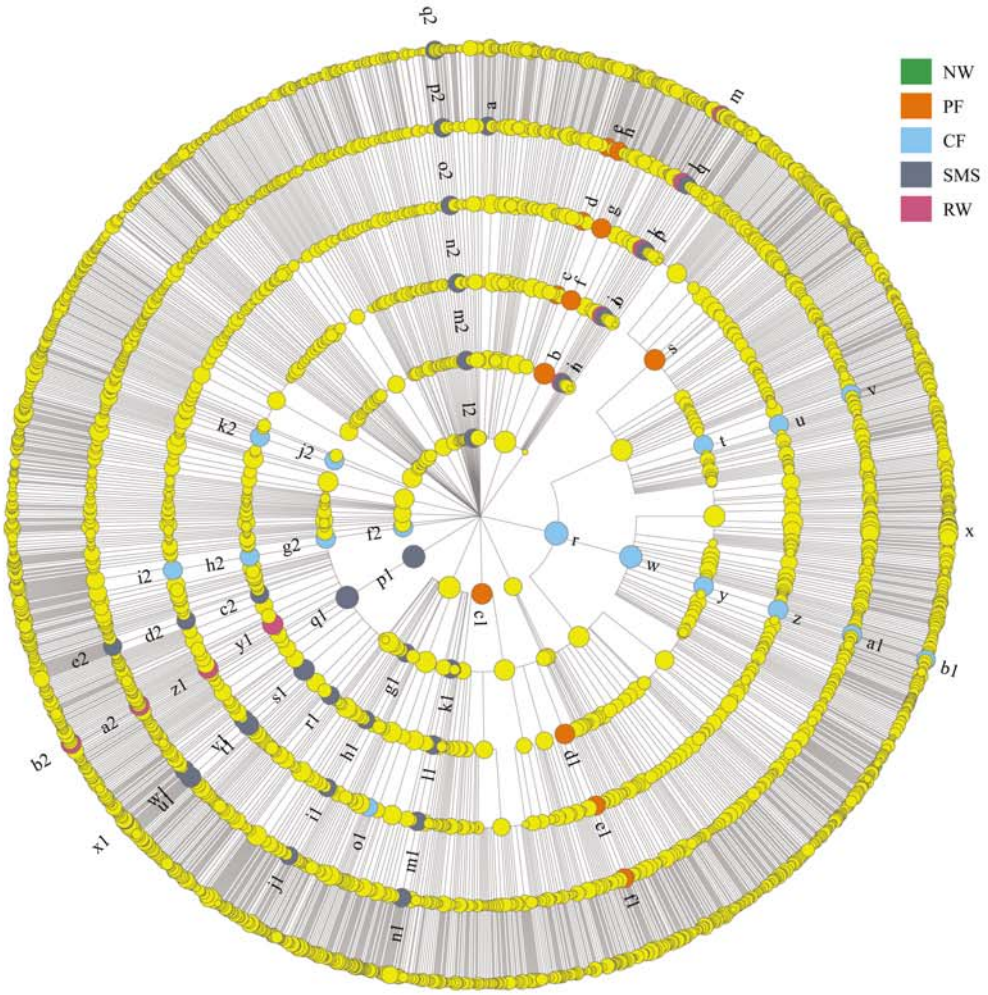
**表 5 土壤细菌群落的一级功能代谢通路在不同样地中的相对丰度信息[1)]**

Table 5 Relative abundance information of first-level functional metabolic pathways of soil bacterial community in different land use types

| 土地利用类型 | 新陈代谢 | 遗传信息处理 | 环境信息处理 | 细胞过程 | 有机系统 | 人类疾病 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| NW | 0.631 0 ± 0.012 5a | 0.112 2 ± 0.002 8b | 0.184 0 ± 0.005 1b | 0.043 1 ± 0.004 8a | 0.010 8 ± 0.000 3ab | 0.017 5 ± 0.001 0a |
| PF | 0.616 6 ± 0.000 9a | 0.121 2 ± 0.001 9a | 0.184 6 ± 0.003 2b | 0.048 2 ± 0.000 3a | 0.010 8 ± 0.000 5ab | 0.017 4 ± 0.000 3a |
| CF | 0.628 8 ± 0.006 8a | 0.115 9 ± 0.002 2b | 0.180 7 ± 0.007 9b | 0.043 9 ± 0.002 1a | 0.011 3 ± 0.000 8a | 0.017 7 ± 0.000 6a |
| SMS | 0.618 9 ± 0.005 3a | 0.105 5 ± 0.003 5c | 0.204 1 ± 0.006 4a | 0.044 2 ± 0.001 8a | 0.010 1 ± 0.000 6b | 0.015 8 ± 0.000 6b |
| RW | 0.621 2 ± 0.008 4a | 0.115 1 ± 0.002 6b | 0.188 1 ± 0.005 2b | 0.046 0 ± 0.003 1a | 0.010 8 ± 0.000 4ab | 0.017 4 ± 0.000 6a |

1)不同小写字母表示不同土地利用类型间差异显著($P \leq 0.05$)，最大的平均数标记为 a，表中数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)

不同样地土壤细菌群落包括 46 类二级代谢通路，其中主要的二级代谢通路（功能基因序列相对丰度 >1%）包括 19 类（表 6）. 稻田与玉米田之间的碳水化合物代谢功能和次生代谢物合成功能差异显著（$P < 0.05$），表现为：PF > CF. 稻田和玉米田的核苷酸代谢功能显著高于其它样地（$P < 0.05$）. 稻田中的能量代谢、细胞生长与死亡功能显著高于其它样地（$P < 0.05$）. 稻田的脂肪代谢功能显著低于其它样地（$P < 0.05$）. 采砂迹地的复制和修复、辅酶和维生素代谢功能显著低于其它样地（$P < 0.05$）. 玉米田和




a:g__HSB_OF53_F07
b:c__Anaerolineae
c:o__RBG_13_54_9
d:f__norank_o__RBG_13_54_9
e:g__norank_f__norank_o__RBG_13_54_9
f:o__Anaerolineales
g:f__Anaerolineaceae
h:g__norank_f__Anaerolineaceae
i:c__KD4_96
j:o__norank_c__KD4_96
k:f__norank_o__norank_c__KD4_96
l:g__norank_f__norank_o__norank_c__KD4_96
m:s__unclassified_g__norank_f__norank_o__norank_c__KD4_96
n:c__AD3
o:o__norank_c__AD3
p:f__norank_o__norank_c__AD3
q:g__norank_f__norank_o__norank_c__AD3
r:p__Proteobacteria
s:o__$\beta$-Proteobacteriales
t:o__Xanthomonadales
u:f__Rhodanobacteraceae
v:*g__Rhodanobacter*
w:c__$\alpha$-Proteobacteria
x:s__unclassified_g__norank_f__Xanthobacteraceae
y:o__Sphingomonadales
z:f__Sphingomonadaceae
a1:*g__Sphingomonas*
b1:s__uncultured_Sphingomonadaceae_bacterium_g__Sphingomonas
c1:p__Bacteroidetes
d1:o__Bacteroidales
e1:f__Bacteroidetes_vadinHA17
f1:g__norank_f__Bacteroidetes_vadinHA17
g1:c__Blastocatellia_Subgroup_4
h1:o__Pyrinomonadales
i1:f__Pyrinomonadaceae
j1:g__RB41
k1:c__Holophagae
l1:o__Subgroup_7
m1:f__norank_o__Subgroup_7
n1:g__norank_f__norank_o__Subgroup_7
o1:f__Acidobacteriaceae_Subgroup_1
p1:p__Actinobacteria
q1:c__Actinobacteria
r1:o__Solirubrobacterales
s1:o__Gaiellales
t1:f__norank_o__Gaiellales
u1:g__norank_f__norank_o__Gaiellales
v1:f__Gaiellaceae
w1:*g__Gaiella*
x1:s__unclassified_g__Gaiella
y1:o__Micrococcales
z1:f__Micrococcaceae
a2:*g__Pseudarthrobacter*
b2:s__unclassified_g__Pseudarthrobacter
c2:o__norank_c__Actinobacteria
d2:f__norank_o__norank_c__Actinobacteria
e2:g__norank_f__norank_o__norank_c__Actinobacteria
f2:p__Gemmatimonadetes
g2:c__Gemmatimonadetes
h2:o__Gemmatimonadales
i2:f__Gemmatimonadaceae
j2:c__Bacilli
k2:o__Bacillales
l2:p__Rokubacteria
m2:c__NC10
n2:o__Rokubacteriales
o2:f__norank_o__Rokubacteriales
p2:g__norank_f__norank_o__Rokubacteriales
q2:s__uncultured_bacterium_g__norank_f__norank_o__Rokubacteriales

**图 3　不同土地利用类型样品中土壤细菌的进化分枝(LAD 阈值 4.0)**

Fig. 3　Cladogram of soil bacterial community for different land use types (LAD score = 4.0)

采砂迹地中的氨基酸代谢功能显著高于天然湿地和恢复湿地,且天然湿地和恢复湿地的相对丰度氨基酸代谢功能显著高于稻田 ($P<0.05$). 天然湿地中的萜类和聚酮化合物代谢功能显著高于其它样地 ($P<0.05$). 稻田中的外源生物降解与代谢及其他氨基酸代谢功能相对丰度显著低于天然湿地、玉米田和采砂迹地 ($P<0.05$). 稻田中的聚糖生物合成与代谢功能显著高于天然湿地、玉米田和采砂迹地 ($P<0.05$). 稻田中的转化、折叠、分类和降解功能显著高于天然湿地、恢复湿地和玉米田,且该功能在天然湿地、恢复湿地和玉米田中显著高于采砂迹地 ($P<0.05$). 采砂迹地中的膜传输功能显著高于其它样地 ($P<0.05$). 稻田与恢复湿地中的细菌性传染病显著高于采砂迹地 ($P<0.05$).

**表 6 土壤细菌群落的二级功能在不同样地中的相对丰度信息**[1)]

Table 6 Relative abundance information of Secondary functional metabolic pathways of soil bacterial community in different land use types

| 二级功能类型 | 天然湿地 (NW) | 稻田 (PF) | 玉米田 (CP) | 采砂迹地 (SMS) | 恢复湿地 (RW) |
|---|---|---|---|---|---|
| 碳水化合物代谢 (carbohydrate metabolism) | 0.126 6 ± 0.003 3ab | 0.129 3 ± 0.002 0a | 0.124 0 ± 0.003 0b | 0.125 4 ± 0.002 2ab | 0.126 2 ± 0.001 4ab |
| 脂肪代谢(lipid metabolism) | 0.039 2 ± 0.002 8a | 0.033 7 ± 0.000 1b | 0.038 4 ± 0.000 6a | 0.037 9 ± 0.001 0a | 0.037 4 ± 0.001 7a |
| 辅酶和维生素的代谢(metabolism of cofactors and vitamins) | 0.070 1 ± 0.001 0a | 0.071 6 ± 0.002 2a | 0.070 8 ± 0.000 5a | 0.066 2 ± 0.001 4b | 0.070 5 ± 0.000 6a |
| 能量代谢 (energy metabolism) | 0.074 9 ± 0.004 7b | 0.082 3 ± 0.002 9a | 0.070 2 ± 0.000 3b | 0.070 5 ± 0.001 1b | 0.075 0 ± 0.002 7b |
| 核苷酸代谢 (nucleotide metabolism) | 0.049 2 ± 0.000 1b | 0.052 0 ± 0.000 2a | 0.051 4 ± 0.000 8a | 0.047 3 ± 0.000 8c | 0.049 7 ± 0.001 0b |
| 次生代谢物合成 (biosynthesis of other secondary metabolites) | 0.010 6 ± 0.000 6ab | 0.009 7 ± 0.000 6a | 0.011 7 ± 0.001 0b | 0.010 7 ± 0.000 5ab | 0.010 4 ± 0.000 7ab |
| 氨基酸代谢 (amino acid metabolism) | 0.122 3 ± 0.004 2b | 0.114 6 ± 0.001 4c | 0.129 9 ± 0.003 2a | 0.128 8 ± 0.002 0a | 0.122 3 ± 0.003 6b |
| 萜类和聚酮化合物代谢 (metabolism of terpenoids and polyketides) | 0.042 3 ± 0.002 1a | 0.035 0 ± 0.009b | 0.036 9 ± 0.002 8b | 0.036 2 ± 0.001 1b | 0.036 9 ± 0.001 3b |
| 外源生物降解与代谢 (xenobiotics biodegradation and metabolism) | 0.047 4 ± 0.004 4a | 0.039 6 ± 0.000 6b | 0.045 5 ± 0.001 1a | 0.047 2 ± 0.002 2a | 0.044 0 ± 0.002 8ab |
| 其他氨基酸代谢 (metabolism of other amino acids) | 0.024 8 ± 0.001 8a | 0.022 8 ± 0.006b | 0.025 7 ± 0.000 2a | 0.025 5 ± 0.000 6a | 0.024 4 ± 0.001 1ab |
| 聚糖生物合成与代谢 (glycan biosynthesis and metabolism) | 0.023 6 ± 0.001 0b | 0.026 0 ± 0.000 7a | 0.024 3 ± 0.000 4b | 0.023 3 ± 0.000 9b | 0.024 5 ± 0.000 9ab |
| 转化 (translation) | 0.043 4 ± 0.000 8b | 0.048 2 ± 0.007a | 0.045 0 ± 0.000 5b | 0.041 3 ± 0.001 2c | 0.045 0 ± 0.001 0b |
| 膜传输 (membrane transport) | 0.105 8 ± 0.006 7b | 0.097 7 ± 0.003 9b | 0.103 6 ± 0.007 0b | 0.125 7 ± 0.008 6a | 0.104 7 ± 0.004 2b |
| 信号传导 (signal transduction) | 0.078 2 ± 0.010 8a | 0.086 9 ± 0.000 9a | 0.077 0 ± 0.002 5a | 0.078 4 ± 0.004 5a | 0.083 4 ± 0.007 0a |
| 细胞运动 (cell motility) | 0.020 3 ± 0.003 5a | 0.023 1 ± 0.000 5a | 0.021 1 ± 0.001 5a | 0.021 7 ± 0.001 1a | 0.022 8 ± 0.002 4a |
| 折叠、分类和降解 (folding, sorting and degradation) | 0.023 3 ± 0.001 0b | 0.025 3 ± 0.000 4a | 0.023 3 ± 0.003b | 0.021 5 ± 0.000 8c | 0.023 5 ± 0.000 8b |
| 复制和修复(replication and repair) | 0.043 5 ± 0.001 1a | 0.045 7 ± 0.001 0a | 0.045 6 ± 0.001 5a | 0.040 8 ± 0.001 5b | 0.044 3 ± 0.001 1a |
| 细胞生长与死亡(cell growth and death) | 0.016 2 ± 0.001 4b | 0.018 8 ± 0.000 5a | 0.016 5 ± 0.000 7b | 0.015 9 ± 0.000 6b | 0.016 6 ± 0.000 7b |
| 细菌性传染病 (bacterial infectious disease) | 0.011 3 ± 0.000 9ab | 0.011 7 ± 0.000 3a | 0.011 3 ± 0.000 7ab | 0.010 1 ± 0.000 6b | 0.011 5 ± 0.000 6a |

1) 不同小写字母表示不同土地利用类型间差异显著($P\leq0.05$),最大的平均数标记为 a,表中数据为平均值 ± 标准差 ($n=3$)

### 2.6 土壤细菌群落多样性与土壤理化性质的关系

土壤细菌 $\alpha$ 多样性与土壤理化性质的相关性分析表明 (表 7),土壤含水量与 Shannon 指数显著正相关 ($P<0.05$),土壤碱解氮与 Ace 指数和 Chao1 指数显著负相关 ($P<0.05$). 这表明土壤碱解氮对土壤细菌物种数量有显著抑制作用,土壤含水量对土壤细菌群落丰富度和均匀度均有显著促进作用.

**表 7 土壤细菌 $\alpha$ 多样性指数与土壤理化性质的相关分析**[1)]

Table 7 Correlation coefficients between soil bacterial $\alpha$-diversity indices and soil physicochemical properties

| 多样性指数 | pH | 含水量 (MC) | 总碳 (TC) | 有机碳 (SOC) | 总氮 (TN) | 碱解氮 (AN) | 总磷 (TP) | 碳氮比 (C/N) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Ace | 0.224 | 0.251 | 0.046 | −0.059 | −0.074 | −0.555* | 0.216 | −0.345 |
| Chao1 | 0.216 | 0.264 | 0.044 | −0.057 | −0.069 | −0.540* | 0.216 | −0.365 |
| Shannon | −0.140 | 0.527* | 0.228 | 0.217 | 0.199 | −0.220 | 0.395 | −0.342 |
| Simpson | 0.200 | −0.354 | −0.236 | −0.214 | −0.166 | 0.159 | −0.218 | 0.059 |

1) * 表示 $P<0.05$

土壤细菌群落结构与土壤理化性质的冗余分析见图 4,结果表明,第一轴和第二轴累积解释变异量达到 61.34%,两个轴能够反映土壤环境因子对土壤细菌群落结构的影响. 置换检验的结果显示,不同土地利用类型土壤 pH ($r^2=0.528$, $P=0.011$)、含水量 (MC, $r^2=0.474$, $P=0.026$)、碱解氮 (AN, $r^2=0.453$, $P=0.038$) 和碳氮比 (C/N, $r^2=0.386$, $P=0.042$) 为主要影响细菌群落变化的环境因子.

## 3 讨论

### 3.1 不同土地利用类型的湿地土壤细菌群落多样性分析

沿江湿地土壤受季节性水淹影响而特有泥沙交替沉积的结构特征,在河水的浸泡和冲刷下易侵蚀

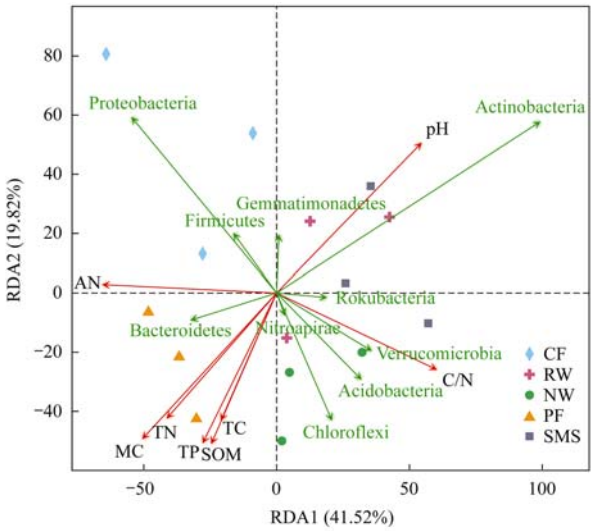



**图 4　环境因子与土壤细菌群落之间的冗余分析**

Fig. 4　RDA of soil bacterial community and environmental factors

和剥离. 湿地植被对土壤的固定和保护作用与河流侵蚀达成了动态平衡,形成相对稳定的沿江湿地生境[23]. 当沿江湿地的土地利用方式发生变化时,覆被和土壤理化性状随之发生改变,进而对土壤微生物多样性产生重要影响. 贾远航等比较了会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌多样性,认为土壤理化性质的改变是造成稻田的土壤细菌多样性指数显著高于天然湿地的主要原因[24]. 笔者前期研究垦殖对三江平原沼泽湿地土壤细菌群落多样性的影响同样发现,垦殖能够显著提高沼泽湿地土壤细菌多样性指数[25]. 但本研究表明,沿江湿地开垦为玉米田造成土壤细菌的 α 多样性显著降低,开垦成稻田或开采矿砂使土壤细菌的 α 多样性降低但不显著. 研究结果的差异是由于沿江湿地具有良好的土壤养分条件为土壤细菌创造了适宜的生境,较高的水文连通性促进上游生境的土壤细菌向湿地快速和长距离的传播,使沿江湿地的土壤细菌群落 Shannon 多样性指数高达 6.45,显著高于水文相对闭塞的会仙岩溶天然湿地和三江平原沼泽湿地. 不同类型湿地开垦为农田后,化肥和农药的施用及水文连通性的降低均对土壤细菌产生影响,使土壤细菌 α 多样性指数趋同发展. 地表水灌溉可能是稻田与沿江湿地土壤细菌 α 多样性差异不显著的另一原因. 采砂迹地的土壤养分条件、含水量等理化指标最低,与天然湿地的差异显著,但其土壤细菌 α 多样性与沿江湿地差异并不显著,这进一步验证了水文连通性对土壤细菌多样性的关键作用. 采砂迹地仿湿地恢复一年显著提高了土壤细菌的丰富度,但均匀度没有显著变化,湿地修复过程能够引入了新的菌群为其提供适宜的生境条件,通常土壤细菌丰富度会显著提升. 环境改变与当地土壤细菌群落产生新的互动不断重建原位土壤细菌群落,抑制了均匀度的显著提高,湿地修复材料铺设的覆盖度可能是均匀度低的次要影响因素.

目前,土壤细菌群落的产生和维持机制尚不完全清楚,但土壤细菌群落组分差异能解释环境变化对原位土壤细菌群落重建产生的影响,环境条件而非迁入土壤微生物的组成决定了重建土壤微生物群落结构[26]. 本研究可看出,稻田、玉米田、天然湿地与采砂迹地的土壤细菌群落结构差异显著,表明土地利用方式通过改变环境因子对土壤细菌群落产生了重要的影响. 采砂迹地的短期仿湿地恢复没有显著改变土壤细菌群落结构,且采砂迹地与恢复湿地的优势菌群相似度较高,表明恢复湿地的土壤细菌群落建立起了与来自采砂迹地土壤相似的细菌群落. 尽管土地利用方式发生改变,土壤细菌 α 多样性具有显著差异,但它们还是从相同的群落中进化而来. 王娜等[27]的研究认为,不同土地利用方式对湿地土壤细菌群落结构具有重要影响,变形菌门、放线菌门和酸杆菌门均为湿地土壤环境中的优势菌门. 李冰等[28]的研究发现,酸杆菌门、厚壁菌门和变形菌门中的部分菌群在土壤细菌群落中起着重要的连接作用. 这与本研究有许多相似之处,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、疣微菌门和厚壁菌门都是湿地土壤环境中的优势菌门,并且水稻田中拟杆菌门土壤细菌的相对丰度显著高于其它土地类型,变形菌门和芽单胞菌门的土壤细菌偏向选择较干燥的玉米田土壤环境,放线菌门的土壤细菌在采砂迹地中的相对丰度具有显著优势. 恢复湿地的 *Pseudarthrobacter*、玉米田的 *Rhodanobacter* 、鞘氨醇单胞菌属和采砂迹地的 *Gaiella* 对不同土地利用类型湿地具有一定的指示作用.

### 3.2　不同土地利用类型的湿地土壤细菌功能分析

目前有关湿地土壤细菌群落生态功能的研究鲜见报道. 为此本研究通过探明不同土地利用方式对湿地土壤细菌功能的影响,将土壤细菌 16S 基因组测序结果进行了 PICRUSt 功能预测分析. 结果表明,松花江下游沿江湿地不同的土地利用方式使土壤细菌群落结构发生改变,同时土壤细菌的代谢通路也发生了相应地变化. 湿地土壤细菌利用新陈代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统这 6 类生态功能维系生态系统的稳定[29]. 其中,新陈代谢功能基因各类型样地中均占比最大,表明代谢通路是土壤细菌的核心功能,这与杨盼等[30]的研究结果一致. 土地利用类型对湿地土壤细菌的环境信息处理、遗传信息处理、人类疾病和有机系统的功能通路具有一定的影响,这些功能基因的

相对丰度仅在某一生境中发生显著变化,表明不同的土壤细菌群落可能具有多类一级代谢通路,土壤细菌的一级代谢通路与土壤细菌群落组成的相关性低.

二级功能层中氨基酸代谢、碳水化合物代谢、膜传输的功能基因相对丰度最高,合计超过了30%,表明湿地土壤环境中,土壤细菌主要参与氨基酸和碳水化合物的代谢及物质传输等活动.氨基酸代谢主要通过脱氨作用、联合脱氨、脱羧作用或转氨作用分解成胺类、α-酮酸及二氧化碳,与植株氮素的循环息息相关,碳水化合物代谢与植物体内氮、磷密切相关,氮、磷的循环与植株碳水化合物的合成与代谢正相关,这间接说明土壤细菌的丰富度越高越有利于氮磷等物质的迁移和转化[31,32].沿江湿地开垦为玉米田时,土壤细菌的多样性指数显著下降,表明玉米田的土壤细菌功能群减弱,但氨基酸的代谢功能基因的相对丰度在玉米田和采砂迹地中显著提高,碳水化合物代谢功能在水稻田中显著提高,这一现象可能与生态系统的自我调节机制有关,物质循环总是在不间断地进行着,生态系统总是朝着种类多样化、结构复杂化和功能完善化的方向发展,直到使生态系统达到成熟的最稳定状态为止,环境遭到持续干扰时,生态系统很难达到最稳定状态.该研究初步分析了沿江湿地不同土地利用方式土壤细菌功能的差异,但PICRUSt功能预测也存在其自身数据库的局限性[33].建议深入研究沿江湿地土壤细菌的功能可结合宏基因组测序等分析手段.

## 4 结论

改变沿江湿地的土地利用方式导致了土壤理化性质发生显著变化,并造成各土地利用类型生境的土壤细菌群落多样性存在显著差异.不同土地利用类型生境具有各自特有的显著优势菌群,湿地土壤细菌群落变异主要受土壤pH、含水量、碱解氮和碳氮比显著影响,水文连通性是农田和采砂迹地土壤细菌α多样性维持较高水平的关键因素.各土地利用类型生境土壤细菌的生态功能保持稳定,在新陈代谢、环境信息处理和遗传信息处理方面功能表现活跃,使退化生境仍然具有良好的自然恢复潜力.

**参考文献:**


[1] 张仲胜, 于小娟, 宋晓林, 等. 水文连通对湿地生态系统关键过程及功能影响研究进展[J]. 湿地科学, 2019, **17**(1): 1-8.
Zhang Z S, Yu X J Song X L, *et al*. Impacts of hydrological connectivity on key ecological processes and functions in wetlands: a general review[J]. Wetland Science, 2019, **17**(1): 1-8.

[2] 马童慧, 吕偲, 张呈祥, 等. 中国5种类型湿地保护地空间重叠特征[J]. 湿地科学, 2019, **17**(5): 536-543.
Ma T H, Lv S, Zhang C X, *et al*. Spatial overlapping characteristics of 5 types of protected areas for wetlands in China[J]. Wetland Science, 2019, **17**(5): 536-543.

[3] 王军, 顿耀龙. 土地利用变化对生态系统服务的影响研究综述[J]. 长江流域资源与环境, 2015, **24**(5): 798-808.
Wang J, Dun Y L. A review on the effects of land use change on ecosystem services[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2015, **24**(5): 798-808.

[4] 那晓东, 张树清, 孔博, 等. 三江平原土地利用/覆被动态变化对洪河保护区湿地植被退化的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2009, **23**(3): 144-150.
Na X D, Zhang S Q, Kong B, *et al*. Effects of Sanjiang plain land use/cover change on wetland vegetation degradation of Honghe Nature Reserve[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2009, **23**(3): 144-150.

[5] 井云清, 张飞, 陈丽华, 等. 艾比湖湿地土地利用/覆被-景观格局和气候变化的生态环境效应研究[J]. 环境科学学报, 2017, **37**(9): 3590-3601.
Jing Y Q, Zhang F, Chen L H, *et al*. Investigation on eco-environmental effects of land use/cover-landscape pattern and climate change in Ebinur Lake Wetland Nature Reserve[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, **37**(9): 3590-3601.

[6] Xu C, Xu Z H, Yang Z F. Reservoir operation optimization for balancing hydropower generation and biodiversity conservation in a downstream wetland[J]. Journal of Cleaner Production, 2020, **245**, doi: 10.1016/j.jclepro.2019.118885.

[7] 李晶, 刘玉荣, 贺纪正, 等. 土壤微生物对环境胁迫的响应机制[J]. 环境科学学报, 2013, **33**(4): 959-967.
Li J, Liu Y R, He J Z, *et al*. Insights into the responses of soil microbial community to the environmental disturbances[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2013, **33**(4): 959-967.

[8] Dai Z M, Liu G F, Chen H H, *et al*. Long-term nutrient inputs shift soil microbial functional profiles of phosphorus cycling in diverse agroecosystems[J]. Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology, 2019, **14**(10): 1-14.

[9] Wagg C, Schlaeppi K, Banerjee S, *et al*. Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning[J]. Nature Communications, 2019, **10**(1): 4841-4850.

[10] 王宗明, 陈铭, 宋开山, 等. 三江平原别拉洪河流域湿地农田化过程中湿地-农田景观梯度时空特征分析[J]. 水土保持学报, 2008, **22**(1): 194-198.
Wang Z M, Chen M, Song K S, *et al*. Spatial and temporal analysis of wetland and cropland landscape gradient in process of conversion from wetland into cropland (CWC) in bielahong basin of Sanjiang Plain[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2008, **22**(1): 194-198.

[11] 王宗明, 宋开山, 刘殿伟, 等. 1954~2005年三江平原沼泽湿地农田化过程研究[J]. 湿地科学, 2009, **7**(3): 208-217.
Wang Z M, Song K S, Liu D W, *et al*. Process of land conversion from marsh into cropland in the Sanjiang plain during 1954-2005[J]. Wetland Science, 2009, **7**(3): 208-217.

[12] 罗遵兰, 赵志平, 孙光, 等. 松花江流域湿地生态系统健康评价[J]. 水土保持研究, 2015, **22**(1): 105-109, 114.
Luo Z L, Zhao Z P, Sun G, *et al*. Assessment of wetland ecosystem health in Songhua River basin[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2015, **22**(1): 105-109, 114.

[13] 李飞, 刘振恒, 贾甜华, 等. 高寒湿地和草甸退化及恢复对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, **38**(17): 6006-6015.

Li F, Liu Z H, Jia T H, *et al*. Functional diversity of soil microbial community carbon metabolism with the degradation and restoration of alpine wetlands and meadows[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(17): 6006-6015.

[14] Sura S, Waiser M J, Tumber V, *et al*. Effects of a herbicide mixture on primary and bacterial productivity in four prairie wetlands with varying salinities: an enclosure approach[J]. Science of the Total Environment, 2015, **512-513**: 526-539.

[15] Hanif M A, Guo Z M, Moniruzzaman M, *et al*. Plant taxonomic diversity better explains soil fungal and bacterial diversity than functional diversity in restored forest ecosystems[J]. Plants, 2019, **8**(11), doi: 10.3390/plants8110479.

[16] 杜宇佳, 高广磊, 陈丽华, 等. 呼伦贝尔沙区土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(11): 4840-4848.
Du Y J, Gao G L, Chen L H, *et al*. Soil bacteria community structure and function prediction in the Hulun Buir Sandy Area[J]. China Environmental Science, 2019, **39**(11): 4840-4848.

[17] 杨菁, 周国英, 田媛媛, 等. 降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J]. 生态学报, 2015, **35**(24): 8117-8217.
Yang Q, Zhou G Y, Tian Y Y, *et al*. Differential analysis of soil bacteria diversity in different mixed forests of *Dalbergia odorifera*[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(24): 8117-8217.

[18] 李玉洁, 王慧, 赵建宁, 等. 耕作方式对农田土壤理化因子和生物学特性的影响[J]. 应用生态学报, 2015, **26**(3): 939-948.
Li Y J, Wang H, Zhao J N, *et al*. Effects of tillage methods on soil physicochemical properties and biological characteristics in farmland: A review[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2015, **26**(3): 939-948.

[19] Dennis K L, Wang Y W, Blatner N R, *et al*. Adenomatous polyps are driven by microbe-instigated focal inflammation and are controlled by IL-10-producing T cells[J]. Cancer Research, 2013, **73**(19): 5905-5913.

[20] Schloss P D, Gevers D, Westcott S L. Reducing the effects of PCR amplification and sequencing artifacts on 16S rRNA-Based studies[J]. PLoS One, 2011, **6**(12), doi: 10.1371/journal.pone.0027310.

[21] Huhe, Chen X J, Hou F J, *et al*. Bacterial and fungal community structures in loess plateau grasslands with different grazing intensities[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00606.

[22] Tang R Q, Wei Y R, Li Y M, *et al*. Gut microbial profile is altered in primary biliary cholangitis and partially restored after UDCA therapy[J]. Gut, 2017, **67**(3): 534-571.

[23] 张冬杰, 王雪宏, 佟守正, 等. 松花江下游富锦段沿江恢复湿地植物多样性[J]. 湿地科学, 2016, **14**(6): 883-887.

[24] 贾远航, 靳振江, 袁武, 等. 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 Y H, Jin Z J, Yuan W, *et al*. 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.

[25] 徐飞, 蔡体久, 杨雪, 等. 三江平原沼泽湿地垦殖及自然恢复对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 生态学报, 2016, **36**(22): 7412-7421.
Xu F, Cai T J, Yang X, *et al*. Effect of cultivation and natural restoration on soil bacterial community diversity in marshland in the Sanjiang Plain[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, **36**(22): 7412-7421.

[26] Xun W B, Huang T, Zhao J, *et al*. Environmental conditions rather than microbial inoculum composition determine the bacterial composition, microbial biomass and enzymatic activity of reconstructed soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **90**: 10-18.

[27] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(5): 2375-2381.
Wang N, Gao J, Wei J, *et al*. Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain[J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 2375-2381.

[28] 李冰, 李玉双, 魏建兵, 等. 不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(3): 1456-1465.
Li B, Li Y S, Wei J B, *et al*. Effects of different land use types on the molecular ecological network of soil bacteria[J]. Environmental Science, 2020, **41**(3): 1456-1465.

[29] 孙峰, 田伟, 张菲, 等. 丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(1): 421-429.
Sun F, Tian W, Zhang F, *et al*. Composition and predictive functional analysis of rhizosphere bacterial communities in riparian buffer strips in the Danjiangkou Reservoir, China[J]. Environmental Science, 2019, **40**(1): 421-429.

[30] 杨盼, 翟亚萍, 赵祥, 等. 丛枝菌根真菌和根瘤菌互作对苜蓿根际土壤细菌群落结构的影响及PICRUSt功能预测分析[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(3), doi: 10.13344/j.microbiol.china.190978.

[31] 刘平静, 肖杰, 孙本华, 等. 长期不同施肥措施下塿土细菌群落结构变化及其主要影响因素[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(2): 307-315.
Liu P J, Xiao J, Sun B H, *et al*. Variation of bacterial community structure and the main influencing factors in Eum-orthic Anthrosols under different fertilization regimes[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(3): 307-315.

[32] 胡洪涛, 朱志刚, 杨靖钟, 等. 不同处理对高山凤头姜姜瘟病的防效及土壤细菌群落结构和功能的影响[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(3), doi: 10.13344/j.microbiol.china.190748.
Hu H T, Zhu Z G, Yang J Z, *et al*. Effect of treatments on bacterial wilt of ginger at high mountain area and soil bacterial community[J]. Microbiology China, 2020, **47**(3), doi: 10.13344/j.microbiol.china.190748.

[33] 金笑, 寇文伯, 于昊天, 等. 鄱阳湖不同区域沉积物细菌群落结构、功能变化及其与环境因子的关系[J]. 环境科学研究, 2017, **30**(4): 529-536.
Jin X, Kou W B, Yu H T, *et al*. Environmental factors influencing the spatial distribution of sediment bacterial community structure and function in Poyang Lake[J]. Research of Environmental Sciences, 2017, **30**(4): 529-536.

**HUANJING KEXUE** Vol. 41 No. 9
Environmental Science (monthly) Sep. 15, 2020

# CONTENTS