

陈海生, 陈韬略, 蔡林生, 等. 镉污染对滨海滩涂围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(1): 21-28.

CHEN Haisheng, CHEN Taolue, CAI Linsheng, et al. The effects of cadmium contamination on soil bacterial structure and diversity in rhizosphere soils of broccoli in coastal reclamation area[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2024, 55(1): 21-28.

## 镉污染对滨海滩涂围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构的影响

陈海生<sup>1</sup>, 陈韬略<sup>2</sup>, 蔡林生<sup>1</sup>, 李若华<sup>1</sup>, 罗文<sup>1</sup>, 高永胜<sup>1</sup>,  
李振宇<sup>1</sup>, 裴孝钟<sup>1</sup>, 王雪<sup>1</sup>

(1. 浙江同济科技职业学院, 杭州 31123; 2. 浙江农林大学 数学与计算机学院, 杭州 311300)

**摘要:** 研究镉(Cd)污染对滩涂湿地围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构的影响, 探求有益于Cd污染农田土壤修复的耐Cd细菌菌群。采用Illumina Miseq高通量测序技术, 分析Cd浓度分别为0, 3.5, 60 mg·kg<sup>-1</sup>时对台州湾滩涂湿地围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构和多样性指数的影响。结果表明: 所有样品中检测到的细菌菌群分属于35门、97纲、205目、315科、506属。低浓度Cd污染时, 西兰花根际土壤细菌Chao 1指数和Shannon指数与对照相比大幅度升高, 而高浓度Cd污染时, 土壤细菌Chao 1指数和Shannon均大幅度下降。随着Cd污染程度的增加, 西兰花根际土壤放线菌门和浮霉菌门相对丰度呈一直下降的趋势, 拟杆菌门和芽单胞菌门相对丰度呈一直升高的趋势。土壤变形菌门和鞭毛菌门相对丰度呈先下降后上升的趋势, 而土壤酸杆菌门、棒状杆菌门、疣微菌门、硝化螺旋菌门和厚壁菌门相对丰度呈先上升后下降的趋势。变形菌门、拟杆菌门、鞭毛菌门和芽单胞菌门在高浓度Cd污染下为农田土壤细菌群落的主体。土壤罗思河小杆菌属相对丰度在低浓度Cd污染时呈下降趋势, 而在高浓度Cd污染时呈上升趋势, 土壤鞘氨醇单胞菌属的相对丰度在低浓度Cd污染时呈上升趋势, 在高浓度Cd污染时呈下降趋势。土壤罗思河小杆菌属、马赛菌属、黄杆菌属和杜氏菌属可以被认为是西兰花根际土壤高抗Cd污染的细菌属。研究结果可为滨海滩涂地西兰花重金属污染土壤微生物修复提供依据。

**关键词:** 镉污染; 细菌群落结构; 高通量测序; 西兰花

中图分类号: Q939

文章编号: 1000-1700(2024)01-0021-08

文献标识码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



## The Effects of Cadmium Contamination on Soil Bacterial Structure and Diversity in Rhizosphere Soils of Broccoli in Coastal Reclamation Area

CHEN Haisheng<sup>1</sup>, CHEN Taolue<sup>2</sup>, CAI Linsheng<sup>1</sup>, LI Ruohua<sup>1</sup>, LUO Wen<sup>1</sup>,  
GAO Yongsheng<sup>1</sup>, LI Zhenyu<sup>1</sup>, PEI Xiaozhong<sup>1</sup>, WANG Xue<sup>1</sup>

(1. Zhejiang Tongji Vocational College of Science and Technology, Hangzhou 311231, China; 2. School of Mathematics and Computer Science, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Hangzhou 311300, China)

**Abstract:** In order to study the effects of cadmium contamination on soil bacterial structure and diversity in rhizosphere soils of broccoli in coastal reclamation area, and to find out the cadmium-resistant bacterial which were beneficial to the

收稿日期: 2023-09-01

基金项目: 浙江省自然科学基金联合基金资助项目(LZJWY24E090002); 浙江省科技厅公益性项目(LGN18C030002); 浙江省水利厅科技计划项目(RC1720)

第一作者: 陈海生(1965-), 男, 中国农业科学院和河南农业大学博士后, 教授, 主要从事生态学研究, E-mail: 393718964@qq.com

通信作者: 李若华(1977-), 男, 博士, 正高级工程师, 主要从事生态学研究, E-mail: liruhua2000@163.com

remediation of cadmium contamination, high throughput sequencing method was used to analyze the effects of cadmium stress on bacterial community and diversity in rhizosphere soils of broccoli in coastal reclamation areas of Taizhou estuary, Zhejiang Province. The concentrations of cadmium were set at 0, 3.5, or 60  $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ , respectively, and were marked as Cd0, Cd3.5, Cd60, correspondingly. The results showed that cadmium stress could cause changes in both bacterial diversity and community structure. There were 35 phyla, 97 classes, 205 orders, 315 families, and 506 genera in the rhizosphere soil of broccoli in this studied areas under different gradients of cadmium contamination. Low cadmium stress might raise the Chao1 index and Shannon index of soil bacterial community and high cadmium stress might reduce the Chao1 index and Shannon index of soil bacterial community. With the increase of Cd stress, the relative abundance of Actinobacteri and Planctorynyces in the soils of broccoli showed a downward trend all the time, while the relative abundance of Bacteroidetes and Gemmatimonadetes are on the increase all the time. The relative abundance of soil Proteobacteria and Patescibacteria decreased first and then increased. The relative abundances of Acidobacteria, Rokubacteria, Errucomicrobia, Nitrospirae and Firmicutes in soil are increased first and then decreased. Proteobacteria, Bacteroidetes, Patescibacteria and Gemmatimonadetes are the dominant groups in high Cd contamination. With the increase of Cd stress, the relative abundance of *Pseudarthrobacter*, *Muciaginibacter* and *Rhodopseudomonas* in the rhizosphere soil of broccoli showed a downward trend all the time, while the relative abundance of *Flavobacterium* is on the increase all the time. The relative abundance of soil *Rhodanobacter* decreased first and then increased. The relative abundances of *Sphingomonas* in soil were increased first and then decreased. This indicated that low cadmium stress might stimulate the growth and production of cadmium-sensitive bacteria, which made the community structure more complex and diverse. High concentration of cadmium significantly inhibited bacteria, resulting in the extinction of some species and the decrease of diversity. High cadmium contamination could induce cadmium-resistant bacteria such as *Rhodanobacter* to become dominant groups, and the community structure tended to be stable and single. The bacterial community structure had obvious response characteristics to different cadmium pollution stresses and could be used as a sensitive index for soil quality evaluation of cadmium contaminated fields. There were a large number of *Rhodanobacter*, *Gemmatimonadaceae-unclassified*, *Massilia*, *Candidate-Adlerbacteria-unclassified*, *Chitinophagaceae-unclassified*, *Alphaproteobacteria-unclassified*, *Flavobacterium* and *Duganella* in the Cd60 group, which could be used as a reference for microbial remediation of cadmium contaminated broccoli planting fields in coastal reclamation areas.

**Key words:** cadmium contamination ; bacterial community structure; high throughput sequencing; broccoli

近年来,土壤重金属污染已成为严重的环境问题,对作物生产、粮食安全和人类健康构成巨大威胁。镉(Cd)是一种人体非必需的元素,具有潜在的“致癌、致畸、致突变”效应,极易通过食物链进入人体从而伤害人体健康<sup>[1]</sup>。由于工业“三废”的日渐增多和含Cd肥料大量使用,大量的重金属Cd进入土壤后导致土壤中Cd污染日趋严重。由于其在环境中具有潜在的毒性和高流动性,使其成为重金属中毒性最大、分布最广泛的污染物之一<sup>[2]</sup>。其中蔬菜受重金属Cd污染的情况日益严重,Cd污染严重的土壤会抑制蔬菜的生长发育导致蔬菜作物减产和蔬菜可食部分Cd含量超标<sup>[3]</sup>。因此,对Cd污染蔬菜农田土壤的修复变得十分重要<sup>[4-5]</sup>。

农田土壤微生物是农田生态系统最活跃的部分,在促进土壤养分循环、维持生态系统平衡方面起着重要作用。微生物群落结构和多样性指数能够直接反映农田土壤的污染程度,其对环境条件的变化响应灵敏,能够真实评估各种污染物对农田生态系统的危害程度<sup>[6]</sup>。高通量测序能同时大批量对土壤样品微生物的优势菌群、稀有物种等进行检测<sup>[7]</sup>。DUAN等<sup>[8]</sup>采用高通量测序技术研究了不同浓度Cd污染对我国东北普通始成土细菌群落结构和多样性的影响,发现高浓度的Cd能提高农田土壤细菌群落的丰富度和多样性指数,罗尔斯通菌属(*Ralstonia*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、根微菌属(*Rhizomicrobium*)和阿菲波菌属(*Afipia*)是高抗Cd污染的细菌菌属。GUO等<sup>[9-10]</sup>采用高通量测序技术研究了陕西省商洛市被镉(Cd)、铅(Pb)和锌(Zn)污染的农田土壤的细菌群落结构,发现了对这些重金属敏感的细菌菌属如罗尔斯通菌属(*Ralstonia*)、芽单胞菌属(*Gemmatimona*)、罗思河小杆菌属(*Rhodanobacter*)、水恒杆菌属(*Mizugakiibacter*)。赵立君等<sup>[11]</sup>研究了砷(As)污染湿地土壤细菌多样性及群落

结构特征,发现细菌群落对 As 污染具有较为敏感的反应,在 As 浓度为  $400 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  时存在大量的假单胞菌科(*Pseudomonas*),可为 As 污染湿地微生物修复提供借鉴。但关于 Cd 污染条件下滨海滩涂围垦区土壤细菌群落结构特征的研究报道并不多见。

西兰花(*Brassica oleracea var. italica*)为十字花科芸薹属蔬菜,其原产地为欧洲。色泽深绿,因其口味独特、营养全面,深受消费者喜爱<sup>[12]</sup>。西兰花是我国在国际市场上比较有竞争力的蔬菜品种<sup>[13-14]</sup>,其作为浙江省的特色蔬菜,主要分布在浙江省沿海滩涂围垦区。本研究利用 Miseq 测序平台采用高通量测序技术分析不同浓度 Cd 污染条件下滨海滩涂湿地围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构组成及多样性指数变化特征,研究 Cd 污染对土壤细菌群落结构影响规律,并探索有利于 Cd 污染修复的抗 Cd 细菌菌群,以期为我国滨海滩涂地西兰花重金属污染土壤微生物修复提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设置

试验所用土壤采用浙江省临海市上盘镇磊石坑村西兰花种植基地土壤(表层 0~20 cm),底质为黏泥沙质,成土母质为新浅海沉积物。土壤 pH 值为 7.48,有机质(Organic matter)含量为  $15.52 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,土壤盐分含量为 0.11%,全氮(Total N) $0.98 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,有效磷(Available P) $105.13 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,速效钾(Available K) $257.05 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。先把土样自然晾干,再进行粉碎,过 2 mm 尼龙筛。取 10 kg 土样置于培养盆内,试验用盆规格为:内口径 44 cm,底径 32 cm,高 32 cm。共设置 3 个 Cd 污染浓度梯度,分别是 0, 3.5, 60  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,依次标记为 Cd0、Cd3.5、Cd60 组。具体做法是将  $\text{CdCl}_2 \cdot 2.5\text{H}_2\text{O}$  按照 0, 3.5, 60  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  的浓度梯度(浓度以纯 Cd 计,Cd 的起始浓度参考国家土壤环境质量二级标准)配成水溶液,均匀浇灌于盆土中(渗出液反复回收浇灌,直到 Cd 离子与盆栽土壤均匀混合),以浇清水作对照为 Cd0,每个处理 5 次重复<sup>[15]</sup>。其中 Cd3.5 为我国受重金属污染较严重地区土壤 Cd 污染浓度的平均值<sup>[16]</sup>。于 2022 年 4 月 10 日选取生长旺盛且大小均匀一致的西兰花幼苗种植到试验盆里。每个试验盆内栽植 5 株西兰花幼苗,每个处理重复 3 个平衡试验。全部试验用盆置于浙江省台州农业科学院人工气候室内,肥水管理和其他措施包括除草等均一致。培养 3 个月后进行土样取样,取样前让试验盆自然落干,在土壤表层 0~10 cm 处采集直径小于 0.1 cm 各植株细根,用抖落法<sup>[17-18]</sup>收集黏附在植株细根上的土壤作为西兰花根际土壤样品,取土样时进行 3 次重复,将土样混合均匀、去杂和过筛后,取 10 g 土样置于冰盆内直接寄往杭州联川生物公司。

### 1.2 土壤细菌高通量测序

采用 E.Z.N.A. Soil DNA Kit 试剂盒(D5625, Omega, Inc., USA)提取土样的总 DNA。使用上下引物分别为 341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') 和 805R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3'),对 16S rDNA 基因的(V3-V4)进行 PCR 扩增。PCR 扩增产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,并对目标片段进行切胶回收,回收采用 AXYGEN 公司的凝胶回收试剂盒。测序在 Illumina Miseq PE300 平台上进行。

### 1.3 生物信息处理

根据 Barcode 序列拆分各样品数据,然后使用 FLASH 对截取 Barcode 和引物的序列进行拼接<sup>[19]</sup>;采用根据 fqtrim(v0.94)对原始序列进行过滤、拼接和嵌合体去除<sup>[20]</sup>,以获得高质量的 clean 标签。使用 Vsearch 软件对嵌合序列进行过滤(v2.3.4)。根据 SILVA(release 132)分类器,利用每个样本的相对丰度对特征丰度进行归一化。利用 QIIME2 软件分别对每个样本计算细菌的 Alpha 多样性指数。采用 Blast 进行序列比对,每个代表性序列用 SILVA 数据库对特征序列进行注释。其他图使用 R 包实现(v3.5.2)。所得到的数据用 SPSS 16.0 进行统计和差异显著性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 Cd 污染条件下西兰花根际土壤细菌多样性特征

Miseq 测序所得土壤样品经质检后,获得了各处理样品的细菌有效序列数。由表 1 可知,西兰花根际土壤细菌有效序列以 Cd3.5 即 Cd 浓度为  $3.5 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  的处理组为最高,其次是 Cd60 即 Cd 浓度为  $60 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  的处理组,而以对照组即不设 Cd 污染的西兰花根际土壤细菌有效序列最低。各处理及对

照的有效序列比例均大于 71%。序列长度在 400~500 bp 和 300~400 bp 的分别占 99.90% 和 0.08%，总计大于 99.98%，符合分析要求。

表1 不同程度Cd污染西兰花根际土壤细菌有效序列读数及OTUs数

Table 1 The sequence readings and OTUs of soil bacterial of rhizosphere of broccoli under different gradients of cadmium contamination

Cd 浓度 Cd concentration	原始序列读数 Raw-tags	有效序列读数 Valid-tags	有效序列比例/% Effectively	OTUs 数 The number of OTUs
Cd0	55 805	47 012	84.24	1 065
Cd3.5	86 836	75 037	86.41	1 687
Cd60	82 079	58 939	71.81	419

经质控和去除嵌合体后,所得有效序列以 97% 的一致性聚类成 OTUs,各处理及对照组的 OTUs 数为 419~1 687 个,共计 2 577 个。其中以 Cd3.5 即 Cd 浓度为 3.5 mg·kg<sup>-1</sup> 的样品 OTUs 数最多,为 1 687 个,其次是对照组样品,OTUs 数为 1 065 个,而以 Cd60 组样品的 OTUs 数最少,只有 419 个。这三者之间的差异均达显著水平( $p < 0.05$ )。

不同 Cd 浓度污染下西兰花根际土壤细菌共有的 OTUs 数是 96 个,占总数的 3.73%; Cd3.5 组样品特有的细菌 OTUs 数为 1 216 个,占总数的 47.18%; Cd60 组样品特有的细菌 OTUs 数为 229 个,占总数的 8.89%; 而对照组 Cd0 样品特有的细菌 OTUs 数为 634 个,占总数的 24.60%。Cd3.5 组样品土壤细菌特有 OTUs 数比对照增加 191.80%,而 Cd60 组样品土壤细菌特有 OTUs 数比对照减少 63.88%(图 1)。

土壤微生物 Chao1 指数和 Shannon 指数用来表示其丰富度和多样性。由表 2 可知,不同程度 Cd 污染对西兰花根际土壤细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数的影响程度是不同的。Chao1 指数和 Shannon 指数均以 Cd3.5 处理组样品为最高,其值分别为 1 623.31 和 9.26,比对照的 1 029.12 和 8.37 分别增加 57.74% 和 10.63%,而 Cd60 处理组样品的 Chao1 指数和 Shannon 指数下降至 403.02 和 6.93,分别比对照降低 60.85% 和 17.21%,3 个处理的差异程度均达显著水平( $p < 0.05$ )。

表2 不同程度Cd污染西兰花根际土壤细菌Alpha多样性指数

Table 2 Alpha diversity in soil bacterial communities of rhizosphere soils of broccoli under different gradients of cadmium contamination

处理 Treat	物种数 Number of species	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	覆盖率/% Goods coverage
Cd0	1012	1029.12±10.22 <sup>b</sup>	8.37±0.02 <sup>c</sup>	98.21
Cd3.5	1579	1623.31±12.32 <sup>a</sup>	9.26±0.05 <sup>a</sup>	97.01
Cd60	396	403.02±9.98 <sup>c</sup>	6.93±0.03 <sup>b</sup>	96.09

注: 同列不同小写字母表示不同处理间差异达显著水平。

Note: Data with different lowercase letters indicated significant difference( $p < 0.05$ ).

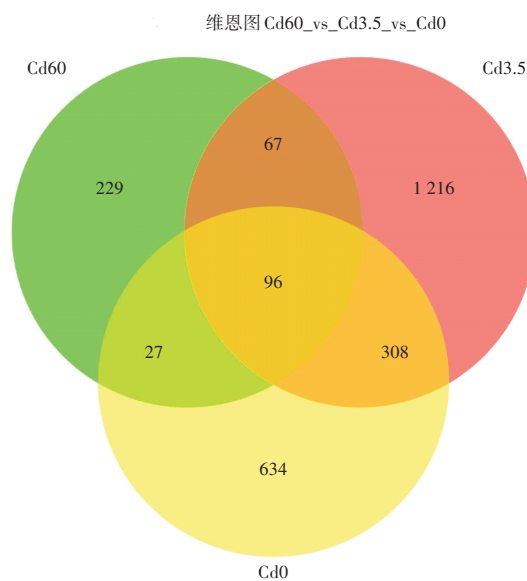


图1 基于OTU丰度的不同浓度Cd污染条件下西兰花根际土壤细菌群落维恩图

Figure 1 Venn diagram of soil bacterial communities in rhizosphere soils of broccoli under different gradients of cadmium contamination

## 2.2 Cd污染对西兰花根际土壤细菌群落结构在门水平上组成的影响

通过对测序结果的物种注释,各处理组土壤样品中所检测到的细菌菌群分属于 35 门、97 纲、205

目、315科、506属。在门水平上,各处理组土壤细菌群落组成均以变形菌门(Proteobacteria, 48.26%~60.38%)为主,其次是放线菌门(Actinobacteria, 4.78%~19.50%),其他占比较大的还有酸杆菌门(Acidobacteria, 3.56%~10.31%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 4.24%~8.54%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 3.21%~4.88%)、骸骨菌门(Patescibacteria, 1.02%~8.57%)、绿湾菌门(Chloroflexi, 2.62%~4.60%)、棒状杆菌门(Rokubacteria, 2.37%~3.14%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 0.77%~3.38%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 1.27%~2.56%)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae, 0.70%~1.48%)、厚壁菌门(Firmicutes, 0.20%~1.62%)。

不同程度Cd污染条件下,西兰花根际土壤细菌群落组成在门水平上发生了明显的变化。由图2可知,在门水平上,未经Cd污染处理的Cd0组土壤变形菌门的相对丰度为48.92%,经Cd3.5组处理后,变形菌门的相对丰度稍有下降,但与Cd0相比差异不显著( $p>0.05$ )。当Cd浓度增加到 $60\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 时,土壤变形菌门的相对丰度增加到60.38%,增加23.43%,与Cd0和Cd3.5组的差异均达显著水平( $p<0.05$ )。土壤放线菌门的相对丰度随着Cd浓度的上升呈下降趋势,Cd3.5组比Cd0组下降30.62%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ ),Cd60组比Cd0组下降75.49%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ )。土壤酸杆菌门的相对丰度在低浓度Cd污染时呈上升趋势,在Cd3.5组样品其相对丰度比Cd0时增加30.34%,其差异程度达极显著水平( $p<0.01$ ),而在高浓度Cd污染时呈下降趋势,Cd60组样品酸杆菌门相对丰度比Cd0时降低54.99%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ )。土壤拟杆菌门的相对丰度在低浓度Cd污染时上升幅度不大,与对照差异未达显著水平( $p>0.05$ ),而在高浓度Cd污染时上升幅度较大,比对照Cd0增加101.42%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ )。土壤芽单胞菌门的相对丰度也随着Cd污染程度的加剧而呈升高的趋势,Cd60组的比对照升高52.03%,其差异达显著水平( $p<0.05$ )。土壤绿湾菌门的相对丰度在低浓度Cd污染时呈上升趋势,Cd3.5组样品其相对丰度比对照Cd0组增加27.42%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ ),在高浓度Cd污染时呈下降趋势,Cd60组样品其相对丰度比对照Cd0组的下降27.42%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ )。棒状杆菌门的相对丰度在低浓度Cd污染时呈上升趋势,Cd3.5组比Cd0组增加30.83%,差异程度达极显著水平( $p<0.01$ ),而在高浓度Cd污染时呈下降趋势,但Cd60组与对照Cd0相比差异未达显著水平( $p>0.05$ )。浮霉菌门的相对丰度随着Cd污染程度的加剧一直呈下降趋势,在Cd3.5时下降26.33%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ ),而到Cd60时下降77.22%,其差异达极显著水平( $p<0.01$ )。土壤疣微菌门的相对丰度在低浓度Cd污染时呈上升趋势,Cd3.5组样品其相对丰度比对照虽有增加,但差异未达显著水平( $p>0.05$ ),在高浓度Cd污染时呈下降趋势,Cd60组样品其相对丰度比对

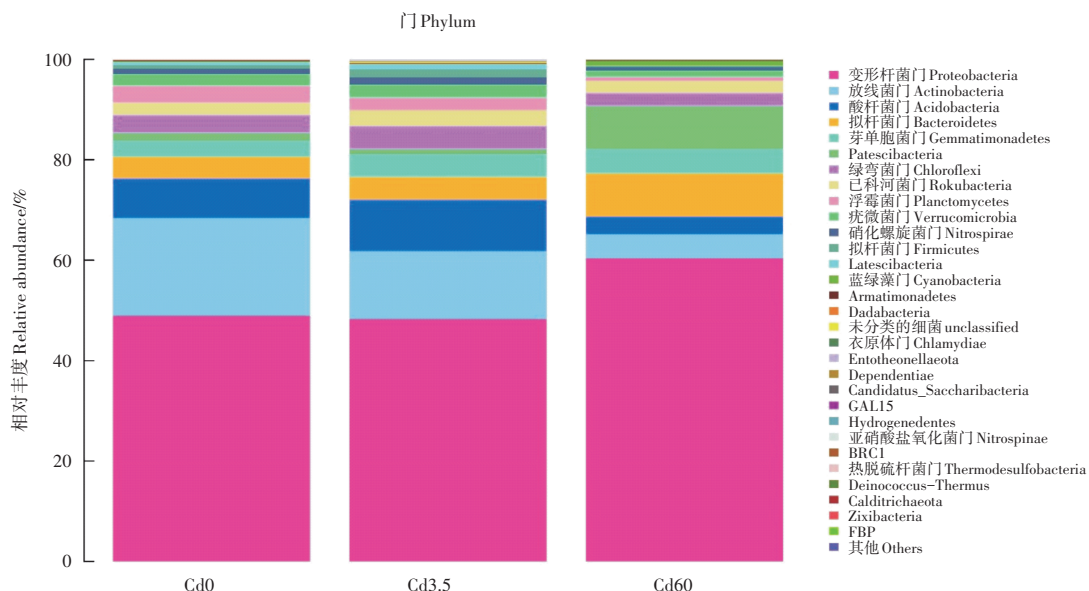


图2 门水平上不同浓度Cd污染条件下西兰花根际土壤细菌群落结构

Figure 2 The bacterial communities at phylum level in rhizosphere soils of broccoli under different gradients of cadmium contamination

照降低 45.02%, 其差异达极显著水平( $p < 0.01$ )。土壤硝化螺旋菌门和厚壁菌门的相对丰度也呈同样的趋势, 在低浓度 Cd 污染时其相对丰度分别比对照增加 37.04% 和 110.39%, 并且差异均达极显著水平( $p < 0.01$ ), 而在高浓度 Cd 污染时其相对丰度呈急剧下降趋势, 分别比对照降低 35.19% 和 74.03%, 其差异均达极显著水平( $p < 0.01$ )。

### 2.3 Cd 污染对西兰花根际土壤细菌群落结构在属水平上组成的影响

在属水平上, 各处理组土壤样品中细菌群落均以罗思河小杆菌属(*Rhodanobacter*, 4.52%~21.25%) 为主, 其次为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 2.45%~4.83%)、马赛菌属(*Massilia*, 1.59%~4.03%)、未分类的噬几丁质科(*Chitinophagaceae-unclassified*, 1.42%~2.56%), 其他相对丰度较大的还有假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*, 0.36%~3.22%)、未分类的  $\alpha$ -变形菌(*Alphaproteobacteria-unclassified*, 1.07%~2.08%)、黏液杆菌属(*Mucilagibacter*, 0.97%~2.12%)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*, 1.08%~1.54%)、链霉菌属(*Streptomyces*, 0.18%~1.86%)、黄杆菌属(*Flavobacterium*, 0.20%~2.78%)、杜擗氏菌属(*Duganella*, 0.62%~1.49%)、红假单胞菌属(*Rhodopseudomonas*, 0.46%~1.87%)、硝化螺旋菌属(*Nitospira*, 0.70%~1.32%)、亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*, 0.49%~1.06%)、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*, 0.73%~0.91%)、火山岩海球菌属(*Marmoricola*, 0.63%~0.82%)、诺卡氏菌属(*Nocardioides*, 0.19%~1.27%)。

不同程度 Cd 污染条件下, 西兰花根际土壤细菌群落结构在属水平上发生了明显变化。由图 3 可知, 未经 Cd 污染处理的土样罗思河小杆菌属相对丰度为 8.84%, 经 Cd3.5 组处理后, 其相对丰度大幅度下降, 下降幅度为 48.87%, 其差异达极显著水平( $p < 0.01$ )。当 Cd 浓度增加到  $60 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  时, 土壤罗思河小杆菌属相对丰度增加到 21.25%, 增加 140.38%, 其差异达极显著水平( $p < 0.01$ )。土壤鞘氨醇单胞菌属的相对丰度在低浓度 Cd 污染时呈上升趋势, 但上升幅度只有 5.69%, 与对照的差异程度不明显, 在高浓度 Cd 污染时呈下降趋势, 下降幅度达 46.39%, 其差异程度达极显著水平( $p < 0.01$ )。土壤假节杆菌属、黏液杆菌属以及红假单胞菌属的相对丰度随着 Cd 浓度的增加一直呈下降趋势。土壤黄杆菌属的相对丰度随着 Cd 污染程度的加剧呈一直升高的趋势, 其 Cd60 组的相对丰度比对照增加 1290.00%, 其差异达极显著水平( $p < 0.01$ )。

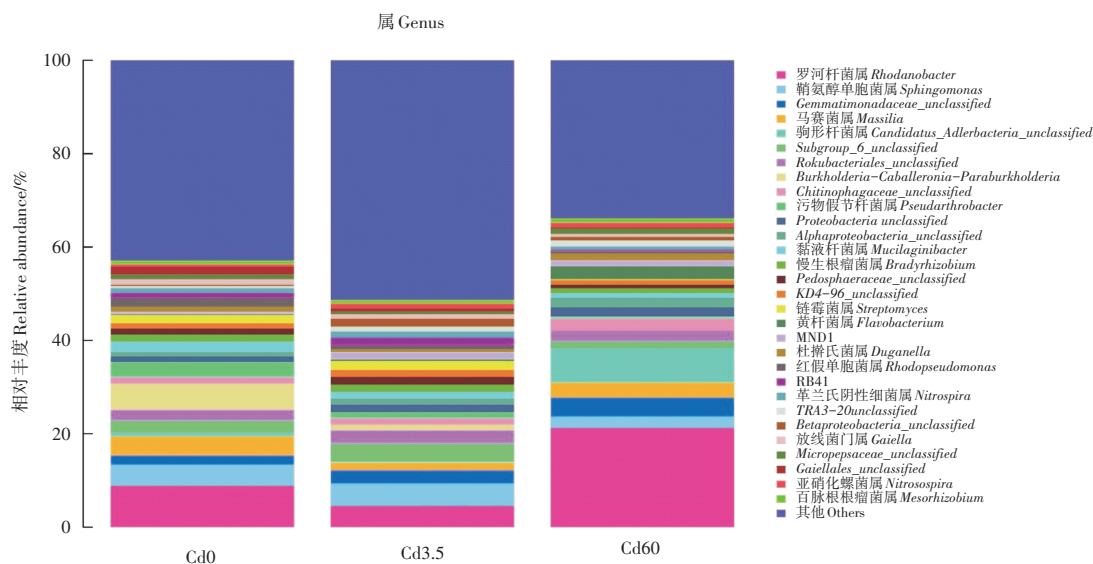


图3 属水平上不同浓度Cd污染条件下西兰花根际土壤细菌群落结构

Figure 3 The bacterial communities at genus level in rhizosphere soils of broccoli under different gradients of cadmium contamination

## 3 讨论与结论

曾经有学者认为, 重金属污染会对土壤微生物多样性的变化产生影响, 随着污染的加重, 土壤微生物多样性会出现拱桥形的变化趋势<sup>[21]</sup>。当重金属污染剂量较低时, 会产生抑制优势种群的竞争性排除效应, 而促进劣势种群的生长和繁殖, 导致微生物多样性升高。而重金属污染剂量较高时, 会对

微生物产生毒性,某些造成微生物物种消亡,而致使微生物多样性下降。邢奕等<sup>[22]</sup>研究了密云水库上游铁矿重污染对土壤微生物群落的影响,发现细菌、放线菌的种群多样性水平随着重金属污染程度的加强呈先上升再下降的趋势。郑涵等<sup>[23]</sup>的研究发现低浓度 Zn 胁迫( $200 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )促进微生物群落数量的增加,提高了群落结构多样性,而高浓度 Zn 胁迫( $>800 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )时,较严重程度的锌胁迫对微生物产生了明显的抑制作用。赵立君等<sup>[11]</sup>研究了砷(As)胁迫对湿地生境下土壤微生物生物多样性及群落结构特征,发现低浓度砷(As)胁迫会在一定程度上刺激 As 敏感微生物的生长繁殖,造成微生物多样性增加,而高浓度 As 胁迫会对微生物产生明显的抑制作用,导致某些物种消亡而微生物多样性下降。本研究在滨海滩涂湿地围垦区西兰花根际土壤上的研究也表明了低浓度 Cd 污染时西兰花根际土壤细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数与对照相比大幅度上升( $p < 0.01$ ),而高浓度 Cd 污染时西兰花根际土壤细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数大幅度下降( $p < 0.01$ )。各样品土壤细菌特有的 OTUs 数变化也呈同样的趋势( $p < 0.01$ ),即低浓度 Cd 污染时土壤细菌特有的 OTUs 数与对照相比呈大幅度增加趋势,而在高浓度 Cd 污染时土壤细菌特有的 OTUs 数与对照相比呈大幅度减少趋势( $p < 0.01$ )。本研究结果与上述学者的结论一致。

赵立君等<sup>[11]</sup>在研究砷污染湿地生境下土壤细菌群落结构特征时检测到,在高浓度砷(As)污染条件下,土壤变形菌门的相对丰度为 75.00%,而厚壁菌门的相对丰度只有 7.00%。本研究结果也表明了高浓度 Cd 污染下土壤变形菌门的相对丰度升高至 60.38%,而厚壁菌门的相对丰度下降至 0.20%,这说明土壤变形菌门是能够在高浓度 Cd 污染条件下生存下来的耐 Cd 微生物,并能成为土壤细菌群落的主导,这一点与赵立君等<sup>[11]</sup>的研究结果相一致。另外,土壤酸杆菌门、绿湾菌门、疣微菌门、硝化螺旋菌门、棒状杆菌门在低浓度 Cd 污染时其相对丰度增加,而在高浓度 Cd 污染时其相对丰度降低,说明在这些菌门中可能存在大量的对 Cd 敏感的细菌群落在 Cd 刺激下大量出现,而随着 Cd 浓度的升高,Cd 对土壤细菌产生毒性,大量对 Cd 敏感的细菌逐渐消失,而使群落结构趋于单一、稳定。

Cd 污染使滨海滩涂湿地围垦区西兰花根际土壤细菌群落结构在门水平上发生了变化。随着 Cd 污染程度的加重,农田土壤放线菌门和浮霉菌门的相对丰度呈一直下降的趋势,拟杆菌门和芽单胞菌门的相对丰度呈一直升高的趋势,土壤变形菌门和骸骨菌门的相对丰度则呈先下降后上升的趋势。而酸杆菌门、棒状杆菌门、疣微菌门、硝化螺旋菌门和厚壁菌门的相对丰度均呈先上升后下降的趋势,说明这 5 个菌门中可能存在大量对 Cd 敏感的菌群,在 Cd 的刺激下大量出现,群落结构变得复杂多样,导致这些菌群的相对丰度上升。而当 Cd 污染程度继续加重时,这些菌门的相对丰度呈下降趋势,这说明随着 Cd 污染程度的增强,Cd 对土壤细菌产生了毒性,大量对 Cd 敏感的细菌不断消失,而使变形菌门、拟杆菌门、骸骨菌门、芽单胞菌门这些能够在高浓度 Cd 污染环境下能够生存下来的耐 Cd 细菌门成为农田土壤细菌的主体。

不同程度 Cd 污染条件下,西兰花根际土壤细菌群落结构在属水平上发生了明显变化。土壤罗思河小杆菌属相对丰度在低浓度 Cd 污染时呈下降趋势,而在高浓度 Cd 污染时呈升高趋势,土壤鞘氨醇单胞菌属的相对丰度在低浓度 Cd 污染时呈上升趋势,在高浓度 Cd 污染时呈下降趋势。土壤假节杆菌属、黏液杆菌属以及红假单胞菌属的相对丰度随着 Cd 浓度的增加一直呈下降趋势。土壤黄杆菌属的相对丰度随着 Cd 污染程度的加剧呈一直升高的趋势。在高浓度 Cd 污染处理下,西兰花根际土壤细菌群落结构趋于简单、稳定,耐 Cd 的细菌菌群占据主导地位。在高浓度 Cd 污染处理下在属水平上仍然具有高丰度的菌群有罗思河小杆菌属,以及 *Gemmatimonadaceae-unclassified*、马赛菌属、*Candidatus-Adlerbacteria-unclassified*、*Chitinophagaceae-unclassified*、*Alphaproteobacteria-unclassified*、黄杆菌属、杜榭氏菌属,这些菌属可以被认为是在滨海滩涂湿地西兰花种植田土壤上高抗 Cd 污染的细菌菌群。

#### 参考文献:

- [1] 张云霞,周浪,肖乃川,等.鬼针草(*Bidens pilosa* L.)对镉污染农田的修复潜力[J].生态学报,2020,40(16):5805-5813.
- [2] 樊金娟,刘宇,曹樱迪,等.玉米对 Cd 胁迫的响应及其耐镉机制研究进展[J].沈阳农业大学学报,2018,49(5):633-640.
- [3] 吴雪,方波,悦晓孟,等.蔬菜重金属镉污染现状及生理阻隔剂研究进展[J].南京农业大学学报,2020,43(6):988-

- 997.
- [4] CHEN H P, YANG X P, WANG P, et al. Dietary cadmium intake from rice and vegetables and potential health risk: A case study in Xiangtan, Southern China[J]. *The Science of the Total Environment*, 2018, 639: 271-277.
- [5] PHILIPP R, HUGHES A. Health risks from exposure to cadmium in soil[J]. *Occupational and Environmental Medicine*, 2000, 57(9): 647-648.
- [6] CHEN J H, HE F, ZHANG X H, et al. Heavy metal pollution decreases microbial abundance, diversity and activity within particle-size fractions of a paddy soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, 87(1): 164-181.
- [7] ZHANG J X, YANG Y Y, ZHAO L, et al. Distribution of sediment bacterial and archaeal communities in plateau freshwater lakes[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(7): 3291-3302.
- [8] DUAN C W, LIU Y, ZHANG H G, et al. Cadmium pollution impact on the bacterial community of Haplic Cambisols in Northeast China and inference of resistant Genera[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2020, 20(3): 1156-1170.
- [9] GUO H H, NASSIR M, LV J L, et al. Understanding the variation of microbial community in heavy metals contaminated soil using high throughput sequencing[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2017, 144: 300-306.
- [10] WANG Z, YANG Y Y, HE T, et al. Change of microbial community structure and functional gene abundance in nonylphenol-degrading sediment[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(7): 3259-3268.
- [11] 赵立君, 任伟, 郑毅, 等. 砷污染湿地生境下土壤微生物多样性及群落结构特征[J]. *环境科学研究*, 2019, 32(1): 150-158.
- [12] 陈海生, 刘守平, 梁国钱, 等. 3种西兰花种植方式对根际土壤细菌群落结构和多样性的影响研究[J]. *核农学报*, 2021, 35(6): 1457-1465.
- [13] 孙彩霞, 戚亚梅, 杨桂玲, 等. 西兰花出口的技术性贸易措施分析[J]. *农产品质量与安全*, 2013(1): 55-57.
- [14] 陈剑, 檀国印, 朱良其, 等. 不同品种西兰花对土壤重金属铅镉汞的吸收规律[J]. *浙江农业科学*, 2017, 58(5): 764-766.
- [15] 曾成城, 陈锦平, 马文超, 等. 水淹生境下秋华柳对镉污染土壤的修复能力[J]. *生态学报*, 2016, 36(13): 3978-3986.
- [16] 李磊, 韩成, 王宵宵, 等. 镉胁迫下转基因水稻对根际土壤微生物的影响[J]. *江苏农业科学*, 2019, 47(14): 282-287.
- [17] 陈海生, 刘守平, 杨万勤, 等. 雅鲁藏布江下游沿岸湿地建群种植物根际土壤细菌群落结构和多样性特征[J]. *生态学报*, 2022, 42(4): 1527-1537.
- [18] CAPORASO J G, LAUBER C L, WALTERS W A, et al. Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(8): 1621-1624.
- [19] MEGOČ T, SALZBERG S L. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [20] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335-336.
- [21] GILLER K E, WITTER E, MCGRATH S P. Heavy metals and soil microbes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(10): 2031-2037.
- [22] 邢奕, 司艳晓, 洪晨, 等. 铁矿区重金属污染对土壤微生物群落变化的影响[J]. *环境科学研究*, 2013, 26(11): 1201-1211.
- [23] 郑涵, 田昕竹, 王学东, 等. 镉胁迫对土壤中微生物群落变化的影响[J]. *中国环境科学*, 2017, 37(4): 1458-1465.

[责任编辑 亓国]