

研究报告

DOI:10.14188/j.ajsh.20250210001

## 麦地卡高寒湿地退化对其土壤微生物群落结构的影响

扎西曲措<sup>1,2,3</sup>, 杨晶晶<sup>2,3</sup>, 刘振宇<sup>2,3</sup>, 彭晓娅<sup>2,3</sup>, 杨超越<sup>2,3</sup>, 彭方<sup>1,2,3\*</sup>

1. 西藏大学 生态环境学院, 西藏 拉萨 850000;
2. 武汉大学 中国典型培养物保藏中心, 湖北 武汉 430072;
3. 武汉大学 生命科学学院, 湖北 武汉 430072)

**摘要:** 湿地退化是全球变暖的后果之一, 湿地退化伴随着湿地生态系统和生物群落结构的变化。然而, 关于高寒湿地退化对土壤微生物群落影响的研究有限。因此, 在西藏麦地卡湿地6个不同退化程度的位点采集土壤样品, 通过高通量测序对不同土壤样品的微生物群落结构和多样性进行分析。结果表明, 随着湿地退化程度加深, 土壤含水量、总碳和硝态氮含量明显减少, 而铵态氮含量明显增加。湿地水潭和草地退化后, 微生物多样性变化趋势不同, 但是都与盐浓度和pH的变化呈负相关。湿地退化时, 土壤细菌中脱硫杆菌门(Desulfobacterota)和浮霉状菌门(Planctomycetota), 真菌的子囊菌门(Ascomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)的含量减少, 而细菌中的酸杆菌门(Acidobacteria)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、根瘤菌目(Rhizobiales)和绿弯菌门(Chloroflexi)的含量增加。随着湿地退化程度加深, 人类与动物病原菌(细菌及真菌)的相对丰度显著降低, 而光能自养细菌、植物病原真菌及地衣共生真菌的丰度呈上升趋势。通过研究西藏麦地卡湿地退化过程中微生物多样性的变化趋势, 以期为预测高寒湿地退化过程中微生物菌群变化可能造成的生态和生物安全影响提供基础数据。

**关键词:** 湿地; 土壤微生物; 多样性; 高通量测序

中图分类号: Q938.1

文献标志码: A

文章编号: 2096-3491(2025)02-0129-12

## Impact of degradation in Maidika alpine wetland on its soil microbial community structure

Zhaxi Qucuo<sup>1,2,3</sup>, Yang Jingjing<sup>2,3</sup>, Liu Zhenyu<sup>2,3</sup>, Peng Xiaoya<sup>2,3</sup>, Yang Chaoyue<sup>2,3</sup>, Peng Fang<sup>1,2,3\*</sup>

1. School of Ecology and Environment, Xizang University, Lhasa 850000, Xizang, China;
2. China Center for Type Culture Collection, Wuhan University, Wuhan 430072, Hubei, China;
3. College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan 430072, Hubei, China)

**Abstract:** Wetland degradation is one of the consequences of global warming, and wetland degradation is accompanied by changes in wetland ecosystems and biome structure. However, there are few studies on the effects of alpine wetland degradation on soil microbial communities. In this study, soil samples were collected from six sites with different degradation degrees in Maidika wetland, Xizang, and the microbial community structure and diversity in different soil samples were analyzed by high-throughput sequencing. The results showed that with the increase of wetland degradation, the water content, total carbon and nitrate nitrogen content in soil decreased significantly, while the ammonium nitrogen content increased significantly. Although degraded ponds and meadows in wetlands showed different trends in microbial di-

收稿日期: 2025-02-10 修回日期: 2025-03-26 接受日期: 2025-04-01

作者简介: 扎西曲措(1996-), 女, 硕士生, 研究方向为微生物学, E-mail: 2022252040011@whu.edu.cn

\* 通讯联系人: 彭方(1972-), 女, 博士, 教授, 研究方向为微生物分类, E-mail: pf-cctcc@whu.edu.cn

基金项目: 国家科技基础资源调查计划(2021FY100900); 国家科技部研发基础设施和设施发展计划(NIMR-2024-8); 国家自然科学基金(42076230)

引用格式: 扎西曲措, 杨晶晶, 刘振宇, 等. 麦地卡高寒湿地退化对其土壤微生物群落结构的影响[J]. 生物资源, 2025, 47(2): 129-140.

Zhaxi Qucuo, Yang Jingjing, Liu Zhenyu, et al. Impact of degradation in Maidika alpine wetland on its soil microbial community structure [J]. Biotic Resources, 2025, 47(2): 129-140.

iversity changes, both were negatively correlated with variations of salinity and pH. With the degradation of wetlands, the abundance of bacterial phyla Desulfobacterota and Planctomycetota, as well as fungal phyla Ascomycota and Chytridiomycota, decreased, while the abundance of bacterial phyla Acidobacteria, Cyanobacteria, Rhizobiales order and Chloroflexi phylum, increased. With the degradation of wetlands, the relative abundance of human and animal pathogens (bacteria and fungi) decreased significantly, while the abundance of photoautotrophic bacteria, plant pathogenic fungi, and lichen symbiotic fungi showed an increasing trend. This study investigates microbial diversity trends during the degradation of the Maidica wetland in Xizang to provide foundational data for predicting potential ecological and biosafety implications of microbial community changes in degrading alpine wetlands.

**Key words:** wetland; soil microorganisms; diversity; high-throughput sequencing

## 0 引言

湿地被誉为“地球之肾”。有学者指出,湿地与海洋、森林并列为地球三大生态系统,兼具多重生态功能与显著社会效益<sup>[1-2]</sup>,其在陆地和水生生态系统之间充当过渡区。有研究发现,湿地遍布在除南极洲外所有大陆的热带到冻原,是最重要的陆地生态系统之一<sup>[3]</sup>。西藏麦地卡湿地位于那曲市嘉黎县北部,面积43 496公顷,平均海拔5 000 m,属于高原湖泊沼泽草甸湿地,是黑颈鹤、赤麻鸭等多种珍稀鸟类的迁徙走廊和繁殖地。另外,麦地卡湿地作为典型高原沼泽湿地,具有丰富的高原鱼类资源,在水源涵养、土壤固持、季节性洪水调蓄等方面发挥着关键生态功能,是维系区域生态安全的重要屏障。因此,2016年5月,麦地卡湿地被列为国家级自然保护区。有研究发现,自然和人为因素使麦地卡湿地中部区域沼泽含水量逐步减少,出现草甸化、草原化甚至是沙化的现象<sup>[4]</sup>。湿地的水源主要是周边的冰雪融水、地下水和雨水,以高山冰雪融水为主。近几十年来,随着全球变暖,有学者发现,那曲地区温度和降水量增加,河流侵蚀作用加强,使地下水位降低,湿地趋向自然疏干而退化<sup>[5]</sup>;湿地周边的流动沙丘具有不稳定性,对湿地造成干扰和破坏,又因草原植被结构简单,其盐碱化日益严重,另外,过度放牧诱发草场板结和麦地卡湿地缺乏有效的保护措施,也是麦地卡湿地退化的原因之一<sup>[6]</sup>。

湿地微生物依赖湿地栖息繁衍,因此其多样性特征是评价湿地生态系统质量的重要指标。细菌是土壤微生物群落的重要组成部分,因为它们直接参与土壤生态系统的物质循环和能量流动<sup>[7]</sup>。土壤微生物在调节许多关键要素方面发挥着重要作用,包括土壤肥力、养分循环、生物多样性和植物健康<sup>[8-10]</sup>。土壤微生物群落结构与生境有关,其特征是众多环境因素共同作用的结果<sup>[11]</sup>。文献[12]对巴音布鲁克高寒湿地的研究表明,土壤水分和氮含量的变化显著影响土壤微生物群落的多样性和结构;文献[13]

对湿地退化的研究表明,湿地退化可能会导致土壤结构和微生物性能发生大规模改变。

本文以西藏麦地卡湿地土壤细菌和真菌为研究对象,利用高通量测序技术分析高寒湿地不同退化程度的土壤中的微生物多样性、结构及功能的变化特征及其与土壤环境因素的耦合关系,探究高寒湿地退化后微生物群落结构的变化规律及其变化可能对环境和生态产生的影响,以期对西藏麦地卡湿地的生物多样性以及生态环境保护提供基础数据,为湿地生态系统的可持续发展提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 采样地概况

麦地卡湿地位于西藏那曲市嘉黎县,是藏北典型的高原湖泊沼泽草甸湿地。麦地卡在藏语中的意思是“像马蹄印的地方”,形象地描述了湿地内大小不一的水潭如同马蹄踏出的小水洼,因此,麦地卡湿地中存在湿地水潭和湿地草地。2021年7月,本研究在麦地卡湿地的一个区域内选取6个退化程度不同的湿地水潭或湿地草地进行采样,见图1。这6个采样点集中于31.137 368°E, 93.137 843°N,海拔4 975.67 m的周边。由于水塘深度或者坡度不同,其蓄水量不同,因此虽然在同一个区域,退化程度却不一样。其中,样品A15采自湿地水潭底部的沉积泥,样品A16和A12采自半干涸状态的凹坑中,样品A13采自略鼓起的土包上。地貌上,A15是正常的湿地水潭;A16和A12水潭是半干涸状态,且有稀疏的植被生长;A11是湿地水潭干涸较严重的状态;A14和A13是植被覆盖度较高的湿地草地,而A13是湿地草地干涸退化后的状态。采样点图片(图1)中,A15和A14土壤分别为湿地中正常的水潭和草地,其余的是不同退化程度的周边区域。

### 1.2 样品采集和处理

本研究采用多点采集法在6个采样点处采集了18个土壤样品(每个位点取3个平行样品)。将样品分成两部分进行处理:(1)装在含有土壤保护液的无

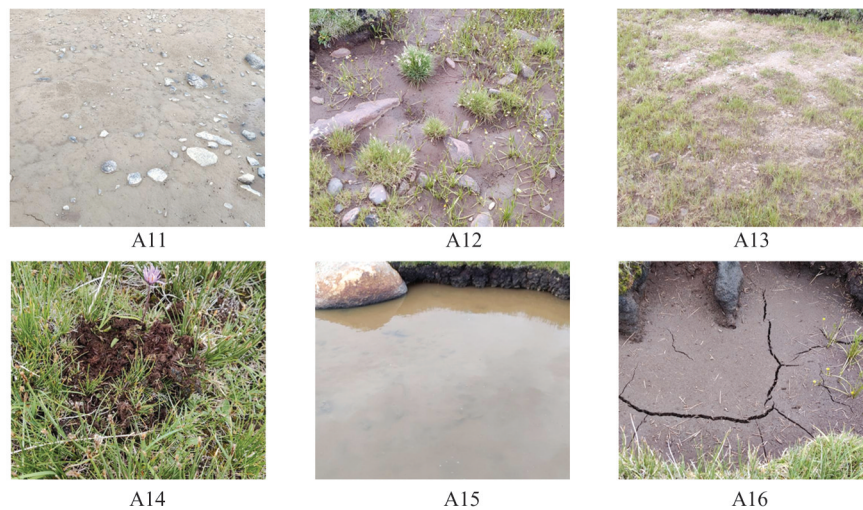


图1 6个采样点

Figure 1 Six sampling points

菌样品管中低温运回实验室,并储存在 $-80^{\circ}\text{C}$ 的冰箱中,用于土壤微生物总DNA提取;(2)低温运回实验室,风干后用于测定土壤的理化指标。

### 1.3 土壤理化性质的检测和土壤微生物总DNA的提取

将5 g土壤和10 mL去离子水混合均匀,使用pH计测量土壤的pH值,使用盐度计测量土壤的盐浓度。将土壤样品放入干燥箱,在 $105^{\circ}\text{C}$ 下烘干至恒重,计算土壤的含水量。使用总有机碳(total organic carbon, TOC)分析仪对土壤的总碳含量进行分析。向土壤样品中加入2 mol/L KCl溶液,在常温条件下振荡1 h,静置分层后吸取上清液过 $0.45\ \mu\text{m}$ 滤膜,用流动注射分析仪分析土壤的铵态氮( $\text{NH}_4^+$ )和硝态氮( $\text{NO}_3^-$ )含量。采用SPSS 23.0软件中的单因素方差分析法对不同样本土壤的理化性质进行显著性差异分析( $P < 0.05$ )。使用DNeasy Power-Soil Kit试剂盒(QIAGEN)提取土壤微生物总DNA,使用1%的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA的质量,使用NanoDrop2000(美国Thermo Scientific公司)测定DNA浓度和纯度。

### 1.4 土壤微生物群落的高通量测序和数据分析

土壤微生物总DNA提取完成后,将质量和纯度合格的DNA送至上海美吉生物医药科技有限公司,质检合格后,进行聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)。细菌选择引物ArBa515F\_907R扩增16S rRNA基因的V4区域片段,真菌选择ITS 5-1737F和ITS 2-2043R引物扩增ITS1区域片段。对PCR产物进行荧光定量,并用Illumina Miseq构建文库,用Miseq进行双末端(paired-end, PE)的测序,根据overlap关系对Miseq测序得到的FE

reads进行拼接,同时对序列的质控和过滤。样本区分后,采用RDP classifier贝叶斯算法,选择Silva 16S rRNA基因数据库和Unite 8.0 ITS基因数据库对具有97%相似性的细菌和真菌的OUT代表序列分别进行比对和注释,从而得到每个OUT对应的物种分类信息。在R 3.3.1软件中,基于Mothur 1.30.2,利用多次重抽样获得的各样本微生物 $\alpha$ 多样性指数可构建反映测序深度与多样性关系的稀释曲线。基于单样本的 $\alpha$ 多样性分析中,Chao与Ace指数用于量物种丰度,Shannon指数和Simpson指数则用于评估物种分布异质性,共同解析环境群落的生物多样性结构。基于R 3.3.1的vegan 2.4.3程序包,用基于距离的冗余分析(distance-based redundancy analysis, db-RDA)和线性回归模型对湿地样本的群落结构与环境因子的相关性进行解析。采用Kruskal-Wallis非参数秩和检验评估多组间物种差异显著性,利用LefSe工具基于分类学数据进行线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA),筛选具有组间区分能力的标志性生物类群。通过Bug-Base完成细菌功能注释,借助Funguild 1.0数据库实现真菌功能预测。

## 2 结果分析

### 2.1 不同退化程度湿地样品的环境因素

表1展示了湿地土壤的环境因素,采用SPSS软件中的单因素方差分析法对其差异进行显著度计算,发现在pH方面,A14与其他湿地样品间存在显著差异。样品含水量由高到低排序为A14、A15、A12、A16、A11、A13,其中水潭样品A15测的是其中沉积泥的含水量;A14是正常的草地,其植被覆盖

率最高,含水量也最高。根据样品采集地的地貌和含水量(A12和A16的含水量差别很小),湿地退化的顺序应为A15、A16、A12、A11、A13,其中的A11和A13样品明显干旱。从湿地的盐浓度来看,A11和A12样品的含盐量较少。样品中,总碳含量最高的是植被丰茂区域A14,而干旱退化区A11和A13样品的总碳含量和硝态氮含量明显低于其他区域样品的含量,但是铵态氮含量却明显高于其他区域样品的含量。由此可见,随着湿地退化,土壤含水量、总碳含量和硝态氮含量下降,但铵态氮含量增加。

2.2 湿地退化对微生物群落结构的影响

基于湿地样品高通量测序数据绘制其稀疏曲线(见图2),以检验数据量是否足够反映样本中微生物的多样性。6个样品的有效序列在抽平后的数量达到20 000时,各个样品的稀疏曲线逐渐趋于平坦,被检测到的OTU的数目也不再增加,表明测序数据足以覆盖样品中的大部分微生物信息,能够较全面

地反映研究土壤中微生物群落的组成,并能够进行进一步的多样性分析。

$\alpha$ 多样性通过多个指数来评估环境样品中微生物群落的丰富度和多样性等信息。反映群落丰富度的指数包括Ace指数和Chao指数,而反映群落多样性的指数包括Simpson指数和Shannon指数。其中,Shannon指数结合了群落的均匀度和丰富度,能够更全面地反映群落的多样性特征。Ace指数和Chao指数越高,表明群落的丰富度越高;Shannon指数越高,表明群落的多样性越高。而Simpson指数则相反,其值越高,表明群落多样性越低。表2展示了不同样品中细菌和真菌的 $\alpha$ 多样性,可以看出,在湿地退化过程中,水潭中的细菌丰富度总体呈增加趋势,而水潭真菌以及草地的细菌和真菌丰富度均减少。在湿地退化过程中,湿地草地和湿地水潭的微生物多样性变化存在差异,具体表现为水潭的细菌和真菌多样性呈增加趋势,而草地的细菌和真菌

表1 不同退化程度样品中的环境因素

Table 1 Environmental factors in samples with different degrees of degradation

| 样品号 | pH                      | 含水量/%                       | 盐浓度/%                       | 总碳含量/(g·kg <sup>-1</sup> ) | 硝态氮含量/(mg·g <sup>-1</sup> ) | 铵态氮含量/(mg·g <sup>-1</sup> ) |
|-----|-------------------------|-----------------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| A15 | 7.67±0.240 <sup>a</sup> | 57.06±0.025 0 <sup>ab</sup> | 1.93±0.025 00 <sup>bc</sup> | 6.18±0.210 <sup>d</sup>    | 0.37±0.024 0 <sup>a</sup>   | 0.014±0.001 80 <sup>b</sup> |
| A16 | 7.63±0.430 <sup>a</sup> | 54.77±0.049 0 <sup>b</sup>  | 2.27±0.001 10 <sup>a</sup>  | 9.22±0.450 <sup>c</sup>    | 0.57±0.003 2 <sup>a</sup>   | 0.001±0.000 08 <sup>c</sup> |
| A12 | 7.49±0.227 <sup>a</sup> | 55.26±0.017 0 <sup>b</sup>  | 1.70±0.002 10 <sup>c</sup>  | 9.56±0.110 <sup>b</sup>    | 0.36±0.001 2 <sup>a</sup>   | 0.018±0.001 10 <sup>b</sup> |
| A11 | 7.47±0.287 <sup>a</sup> | 20.88±0.011 0 <sup>c</sup>  | 1.75±0.000 65 <sup>c</sup>  | 0.61±0.037 <sup>e</sup>    | 0.08±0.007 9 <sup>b</sup>   | 0.032±0.000 42 <sup>a</sup> |
| A13 | 7.53±0.230 <sup>a</sup> | 12.42±0.021 0 <sup>d</sup>  | 2.26±0.000 38 <sup>a</sup>  | 0.54±0.042 <sup>e</sup>    | 0.04±0.002 5 <sup>b</sup>   | 0.029±0.000 16 <sup>a</sup> |
| A14 | 7.44±0.120 <sup>b</sup> | 61.34±0.009 5 <sup>a</sup>  | 2.09±0.009 50 <sup>ab</sup> | 14.34±0.830 <sup>a</sup>   | 0.86±0.310 0 <sup>a</sup>   | 0.003±0.009 60 <sup>b</sup> |

注:同列不同的小写字母表示在相同的环境因素下不同样品多样性之间差异显著(P<0.05)。

Note: Different lower case letters in the same column indicate significant differences between the diversity of different samples under the same environmental factors.

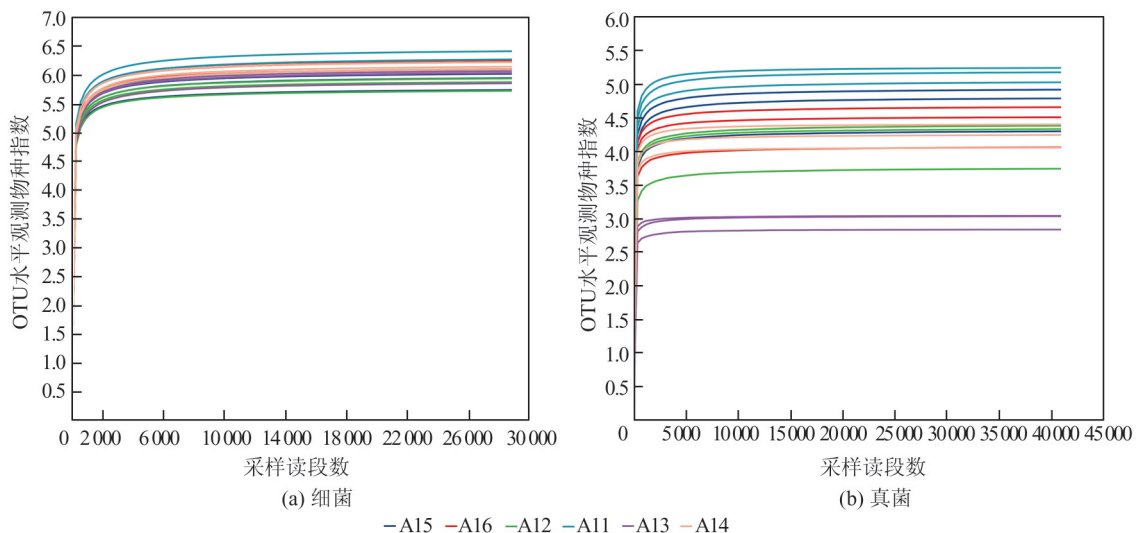


图2 稀疏曲线

Figure 2 Rarefaction curves

多样性则呈减少趋势。

研究不同样本群落结构的相似性或差异关系,可对样本群落距离矩阵进行聚类分析,构建样本层级聚类树,对样本进行分组。层级聚类树如图3所示,不管是细菌水平还是真菌水平,湿地水潭样品A15、A16、A12和A11都聚类在同一支;而湿地草地样品A13和A14在细菌水平聚类在一起。总体而言,微生物群落的层级聚类与样品采集地的湿地地貌特征一致,即A15、A16、A12、A11反映了湿地水潭的退化,而A13和A14反映了湿地草地的退化。但是,在细菌的样本层级聚类树上,A11在水潭样品的最外侧,而在真菌的样本层级聚类树上,A11和A15聚在同一支。

通过PCoA分析不同生境微生物群落间的物种多样性,揭示样本间群落组成的差异。如图4所示,退化程度较低且含水量较高的样品A15、A16、A12较集中地聚类在一起,退化程度较高且较干旱的样

品A11、A13聚类在一个象限,而含水量高、植被丰茂的草地样品A14单独在另一个象限。真菌群落中退化程度较高且干旱的样品A11和A13也聚在了一起,样品A14单独在一个象限,但是水潭退化前后样品之间的差异比细菌群落小。利用PCoA提取群落空间分布信息,结合线性回归中的 $R^2$ 值,可评估目标环境因子对微生物组成差异的贡献率。该系数反映环境变量与PCoA主坐标轴数据变异的协变程度,为识别关键环境驱动因子提供量化指标。表3的线性回归分析结果显示,土壤中的细菌群落与土壤含水量相关性最高,其次是pH、盐度、铵态氮和硝态氮,而与土壤总碳含量的相关性最低。土壤真菌群落则与土壤pH的相关性最高,其次是盐度、土壤含水量、铵态氮和总碳含量,与硝态氮的相关性最低。在PCoA分析的基础上,再引入具有环境因素约束性的db-RDA,其中,环境因素箭头的长度反映该环境因素对物种数据的影响程度,而环境因素箭

表2 不同退化程度湿地样品的细菌和真菌的 $\alpha$ 多样性

Table 2  $\alpha$  diversity of bacteria and fungi in wetland samples with different degrees of degradation

| 样品  | Chao 指数            |                    | Ace 指数             |                    | Shannon 指数           |                      | Simpson 指数                |                         |
|-----|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|----------------------|----------------------|---------------------------|-------------------------|
|     | 细菌                 | 真菌                 | 细菌                 | 真菌                 | 细菌                   | 真菌                   | 细菌                        | 真菌                      |
| A15 | 2 820.7±<br>260.34 | 2 025.5±<br>75.13  | 2 757.8±<br>264.12 | 2 027.1±<br>93.57  | 5.901 5±<br>0.145 24 | 4.664 9±<br>0.326 79 | 0.007 644 7±<br>0.001 183 | 0.053 99±<br>0.011 476  |
| A16 | 3 108.8±<br>211.17 | 1 634.6±<br>52.99  | 3 085.9±<br>183.30 | 1 648.4±<br>53.77  | 6.196 6±<br>0.084 17 | 4.404 8±<br>0.310 84 | 0.005 745±<br>0.000 545   | 0.046 064±<br>0.019 394 |
| A12 | 2 624.9±<br>188.84 | 1 759.1±<br>129.19 | 2 598.5±<br>197.78 | 1 788.9±<br>121.00 | 5.846±<br>0.110 44   | 4.148 6±<br>0.356 16 | 0.010 345±<br>0.002 296   | 0.087 571±<br>0.038 492 |
| A11 | 3 380.3±<br>57.03  | 1 620.5±<br>417.17 | 3 751.6±<br>322.99 | 1 622±<br>455.02   | 6.262 8±<br>0.153 04 | 5.145 1±<br>0.109 69 | 0.004 917 7±<br>0.001 025 | 0.024 245±<br>0.006 424 |
| A13 | 2 727±<br>90.20    | 473.89±<br>29.03   | 2 709.4±<br>93.35  | 471.89±<br>40.77   | 5.986 3±<br>0.114 77 | 2.967 3±<br>0.115 88 | 0.009 546 7±<br>0.001 946 | 0.120 84±<br>0.033 372  |
| A14 | 2 837.1±<br>136.78 | 978.61±<br>64.39   | 2 817.4±<br>92.56  | 1 052.0±<br>41.48  | 6.156 7±<br>0.059 89 | 4.230 6±<br>0.173 78 | 0.007 517±<br>0.001 692   | 0.047 708±<br>0.009 158 |

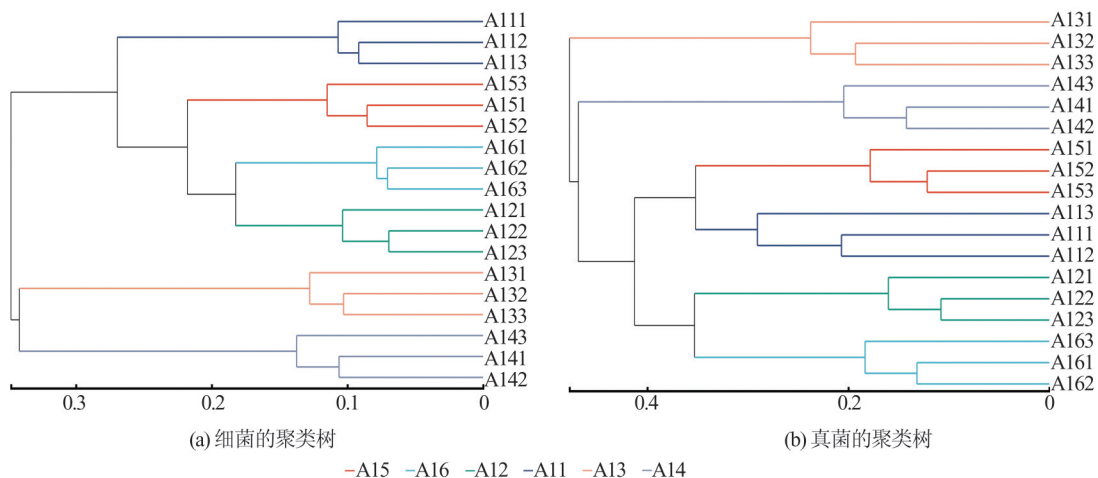


图3 在OUT水平的样本层级聚类树

Figure 3 Sample hierarchical clustering trees at OUT level

头之间的夹角则表征了它们之间的相关性(锐角表示正相关,钝角表示负相关,直角表示无相关性)。如图4所示,湿地样品A15、A16、A12和A14的细菌群落分布与含水量、总碳含量、硝态氮含量呈正相关,A11、A13和铵态氮含量呈正相关;样品A14、A16、A12的真菌群落分布与含水量、总碳含量、硝态氮含量、盐浓度呈正相关,样品A15、A11及A13与铵态氮含量呈正相关;此外,A15和A11与pH呈正相关。

表3 土壤微生物与环境因素间的线性回归分析  
Table 3 Linear regression analysis between soil microorganisms and environmental factors

| 环境因素  | 细菌R <sup>2</sup> 值 | 真菌R <sup>2</sup> 值 |
|-------|--------------------|--------------------|
| pH    | 0.228 3            | 0.312 9            |
| 盐度值   | 0.174 2            | 0.265 7            |
| 土壤含水量 | 0.269 4            | 0.069 7            |
| 总碳含量  | 0.040 6            | 0.007 5            |
| 硝态氮   | 0.046 8            | 0.000 2            |
| 铵态氮   | 0.125 8            | 0.009 5            |

样品间的物种显著性差异见图5。通过微生物群落丰度分析及组间显著性差异检验,发现在细菌门水平,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和绿弯菌门(Chloroflexi)为优势门。拟杆菌门、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度在湿地水潭退化后降低,而酸杆菌门、浮霉状菌门(Planctomycetota)、蓝细菌门(Cyanobacteria)和出芽单胞菌门(Gemmatimonadota)的相对丰度在湿地水潭退化后增加;随着

湿地草地退化,其中的浮霉状菌门、蓝细菌门和硬单胞菌门(Armatimonadota)的相对丰度降低,而硝化螺菌门(Nitrospirota)、脱硫杆菌门、出芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteriota)的相对丰度增加。真菌的子囊菌门(Ascomycota)在湿润且有植被的湿地中的丰度高于没有植被覆盖的湿地,即子囊菌在有植被覆盖的环境中丰度更高,且在植被覆盖度最高的湿地草地中含量最高。担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)在湿地中的相对丰度较高,且在无植被覆盖的湿地中丰度更高。湿地水潭退化后,罗兹菌门(Rozellomycota)的相对丰度变高。

通过LEfSe多级物种差异判别分析,用LDA值衡量各样品中物种的差异,结果见图6。A15样品的特征细菌主要是变形菌门(Proteobacteria)和其中的伽马变形菌纲(Gammaproteobacteria)、伯克霍尔德里菌目(Burkholderiales)、固醇杆菌(Steroidobacteraceae),以及脱硫杆菌门、拟杆菌纲(Bacteroidia)、SC-I-84科。A16样品的特征细菌主要是放线菌门的弗兰克氏菌科(Frankiaceae)、动孢囊菌科(Kineosporiaceae)、中村氏菌属(*Nakamurella*),变形菌门的阿尔法变形菌纲(Alphaproteobacteria)、黄色杆菌科(Xanthobacteraceae)、根瘤菌目(Rhizobiales)。A12样品的特征菌主要是拟杆菌科的vadinHA17,慢生微菌科(Lentimicrobiaceae),碱扰菌属(*Alkaliflexus*),绿弯菌门(Chloroflexi)以及其中的厌氧绳菌科(Anaerolineaceae)。A11样品的特征细菌主要是酸杆菌门(Acidobacteriota)的全噬菌纲(Holophagae)、芽球菌纲(Blastocatellia)和Subgroup\_7

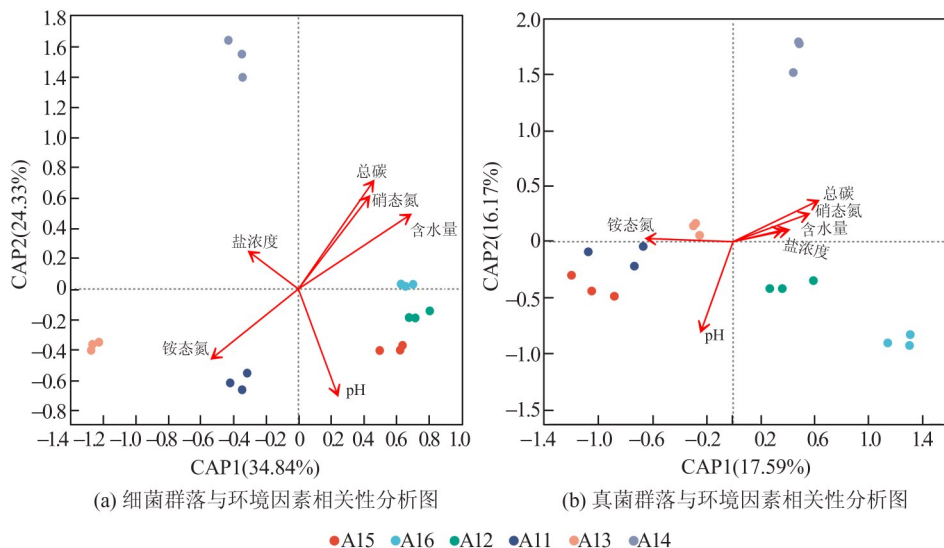


图4 OTU水平上微生物群落与环境因素相关性分析

Figure 4 Correlation analysis between microbial communities and environmental factors at OUT level

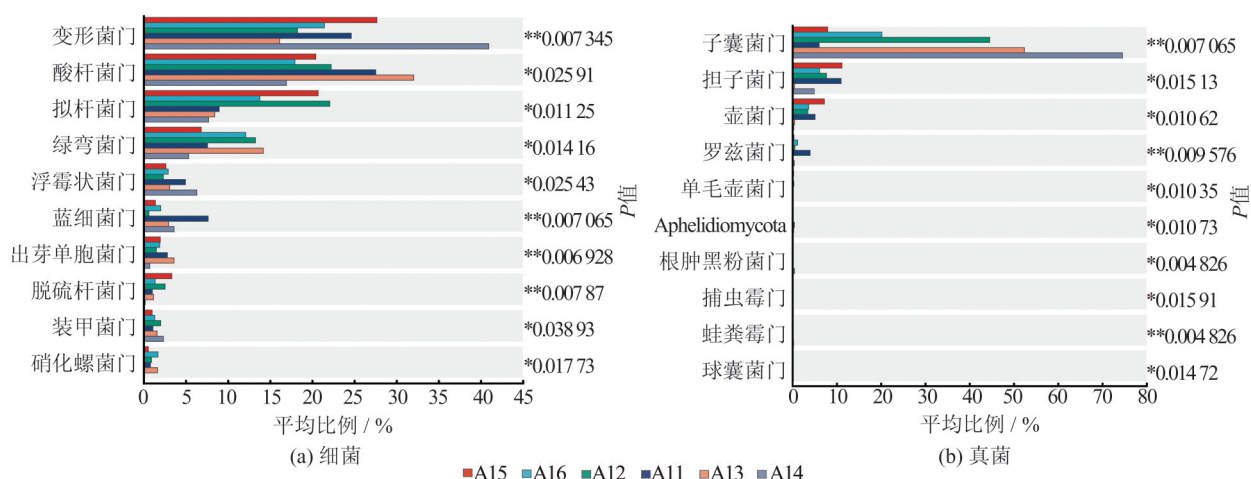


图5 克氏秩和检验条形图  
Figure 5 Bar plot of Kruskal-Wallis H test

目,蓝细菌门(Cyanobacteria)及蓝细菌纲(Cyanobacteriia),变形菌门的黄单胞菌目(Xanthomonadales)、黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)。A14样品的特征细菌主要是变形菌门(Proteobacteri)以及其中的伽马变形菌纲(Gammaproteobacteria)、阿尔法变形菌纲(Alphaproteobacteria)、伯克霍尔德氏菌目(Burkholderiales)、耶尔森氏菌科(Yersiniaceae)、Yersinia\_pestis、耶尔森氏菌属(Yersinia)、肠杆菌目(Enterobacteriales)、根瘤菌目(Rhizobiales)和丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)。A13样品的特征细菌主要是酸杆菌门(Acidobacteriota)以及其中的全噬菌纲(Holophagae)、酸杆菌目(Acidobacteriales)、Subgroup\_7,绿弯菌门(Chloroflex)。由此可见,无论是湿地水潭还是湿地草地,退化前的特征菌为厌氧菌(脱硫杆菌)和微需氧菌(根瘤菌),而退化后,酸杆菌和能进行光合作用的细菌(如蓝细菌和绿弯菌)是其特征类群。

A15样品的特征真菌主要由担子菌门的Tremellomycetes纲、Cystofilobasidiales目、Filobasidiales目、Filobasidiaceae科,子囊菌门的Alphamyceataceae科、Dothideomycetes纲、Sporormiaceae科和壶菌门的Rhizophydiales纲、Rhizophydiales目和Beta-myces属组成,其特征菌主要是担子菌、子囊菌和壶菌。A16样品的特征真菌主要是担子菌门和其中的Phaeotremellaceae科、Phaeotremella属、银耳科(Tremellaceae)和隐球菌属(Cryptococcus),子囊菌门的Leptosphaeria属、Acephala属和Fimetariella属,GS08。A12样品的特征真菌主要是子囊菌门和其中的Sordariomycetes纲、Sordariales目、Sordariaceae科,Helotiales目、Helotiaceae科、Dermateaceae科、Scutellinia属、Dimorphospora属和担子菌门的

Mrakiaceae科。A11样品的特征真菌主要是担子菌门的冰冻酵母属(Glaciozyma)、Camptobasidiaceae科、Microbotryomycetes纲、Aphelidiomycota门、Aphelidiomycetes纲、GS16目,子囊菌门的Kriegeriales目、Pseudeurotiaceae科和Pseudogymnoascus属,罗兹菌门。A14样品的特征真菌有子囊菌门和子囊菌门的Eurotiomycete纲、Sordariomycetes纲、Sporormiaceae科、Sordariales目、Sporormiella属、Teratosphaeriaceae科、Cladosporiaceae科,担子菌门(Basidiomycota)以及担子菌门的Agaricomycetes纲。A13样品的特征真菌中,前十种均属于子囊菌门,分别为Leotiomycetes纲、Helotiales目、Dermateaceae科、Mycosphaerellaceae科、Mycocentrospora属、Lachnum属、Laburnicola属、Verrucariales目、Verrucariaceae科和Verrucaria属。总体而言,担子菌门和子囊菌门是湿地最主要的真菌类群,湿地水潭退化前后最显著的区别是壶菌门和罗兹菌门。

通过FAPROTAX预测细菌群落的功能,结果见图7(a),湿地水潭和湿地草地退化后,可能对动物或人有致病作用的细菌(animal\_parasites\_or\_symbionts、human\_pathogens\_all)减少,具有光合作用的细菌(phototrophy, photoautotrophy, oxygenic\_photoautotrophy)都增加。通过FUNGuild预测真菌群落的功能,结果见图7(b),植物腐生菌(Dung Saprotroph-Plant Saprotroph、Dung Saprotroph-Plant Saprotroph-Wood Saprotroph)随植被覆盖度的增加而增加。另外,湿地(水潭和草地)退化后,一些未定义腐生真菌(Undefined Saprotrophs)和动物病原真菌(Animal Pathogen-Endophyte-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Wood Saprotroph)减少。湿地水潭退化后,土壤腐生菌(Endophyte-Litter Saprotroph-Soil

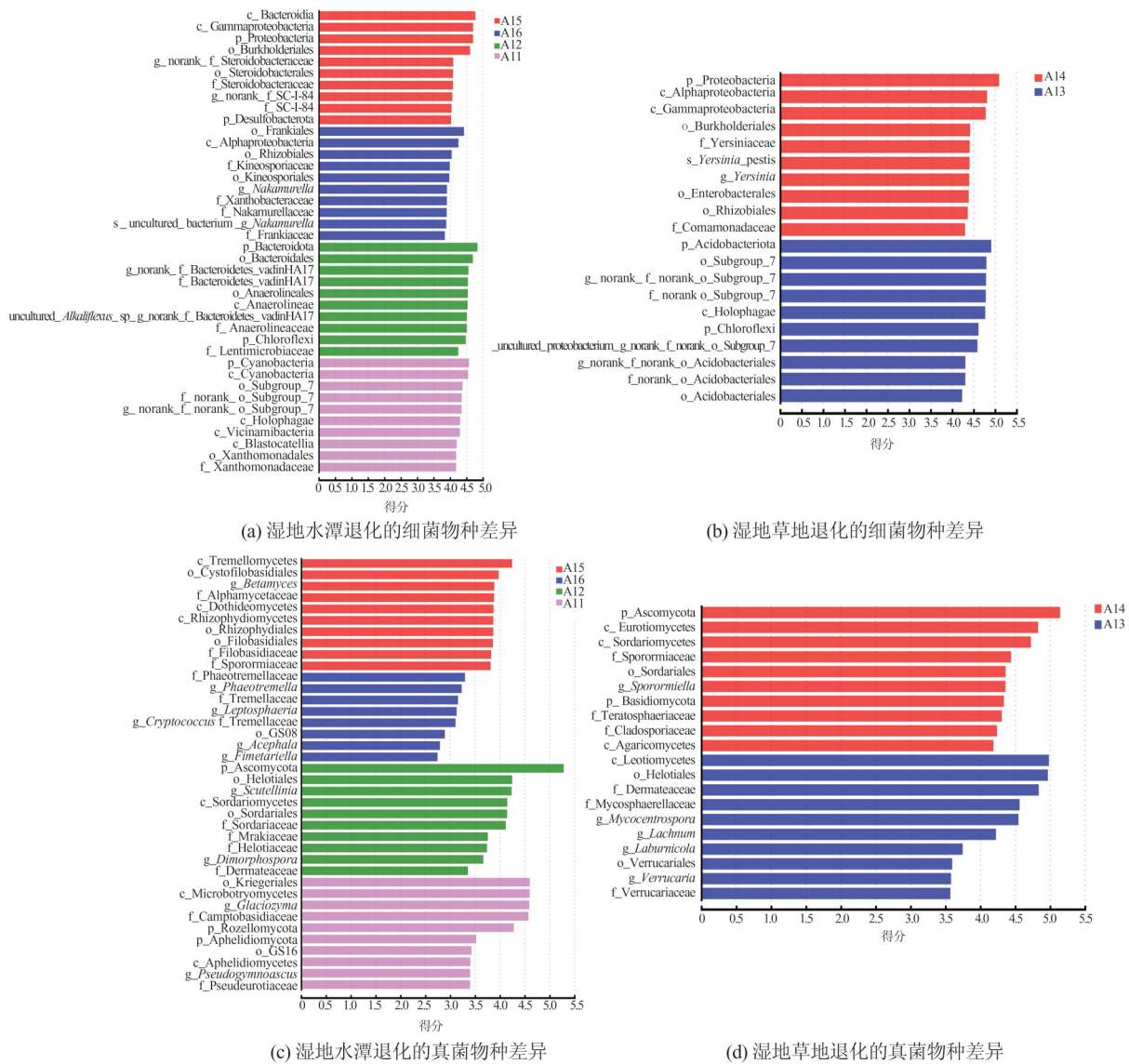


图6 微生物差异丰度LDA评分的柱形图

Figure 6 Histogram of LDA scores of microbial differential abundance

Saprotroph-Undefined Saprotroph)和一些未定义的内生腐生菌(Dung Saprotroph-Endophyte-Undefined Saprotroph)增加,而水生真菌(*Betamyces*)减少。湿地草地干涸退化后,植物病原菌(Plant Pathogen、Plant Pathogen-Plant Saprotroph)和地衣共生菌(Endophyte-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Undefined Saprotroph)都增加。

### 3 讨论

有研究发现,气候变化导致降水增加,河道侵蚀作用加强,地下水位降低;温度升高导致湿地水分蒸发快,含水量减少,出现退化<sup>[4-5]</sup>。水潭深浅和坡度的不同导致蓄水量不同,因此,同一区域出现了不同的退化程度。本研究的6个湿地区域中,A15、A16、A12、A11在地貌上显示为湿地水潭的不同退化程

度。其中,A15是正常的湿地水潭形态,A16和A12是湿地退化半干涸的状态,其含水量比A15低,且有少量植被覆盖,而A11是干涸程度较为严重的湿地水潭。A14和A13在地貌上为植被覆盖度较高的湿地草地,A14是正常的湿地草地,与A14相比,A13的含水量低,植被覆盖度低。因此,将麦地卡湿地的退化分成湿地草地的退化和湿地水潭的退化进行讨论。

通过对菌群 $\alpha$ 多样性的分析,发现湿地水潭退化后细菌和真菌的多样性都增加,而湿地草地的多样性降低。已有研究表明,土壤理化参数对微生物群落具有关键调控作用;有学者证实湿地土壤特性是微生物群落演替的主要驱动因子<sup>[14]</sup>;还有学者进一步揭示了pH值与盐度是影响微生物丰度分布的关键环境因素<sup>[15-16]</sup>。本研究发现,随着湿地水潭退

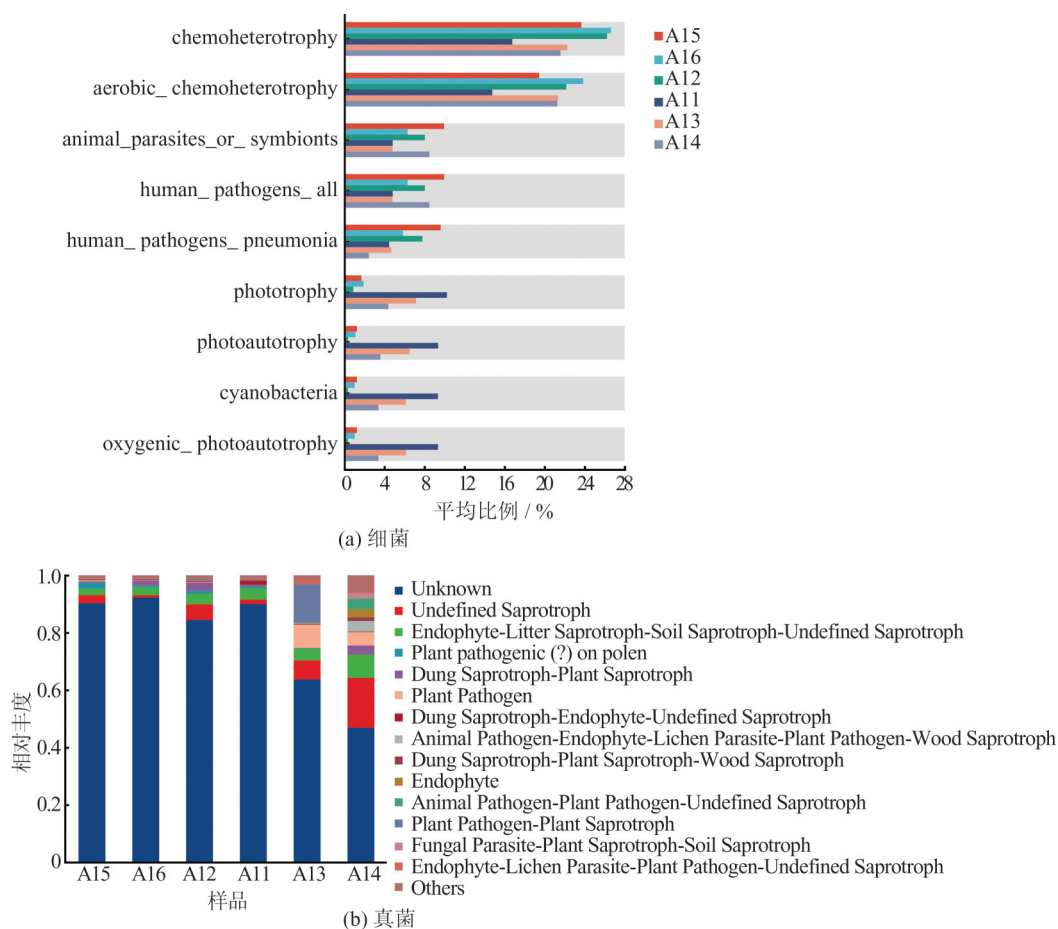


图7 功能预测分析

Figure 7 Functional predictive analysis

化,其pH和盐度总体呈降低趋势,而细菌和真菌多样性增加;但是随着湿地草地退化,pH和盐度增加,细菌和真菌的多样性降低,表明土壤的pH和盐度与湿地微生物的多样性呈负相关。这与文献[17]中报道的土壤pH与细菌多样性之间存在显著负相关关系的结果相符。草地退化后,植被减少,腐殖酸减少,导致pH上升,水分浓缩后盐分积累导致盐浓度增加,与通常报道的土壤干旱后盐碱化规律一致。相反,水潭干涸后,其中的硫化物暴露在氧气中产生酸性物质,而且水潭中的浮游动物死亡后被分解,有机酸增加并且螯合盐基离子,导致pH和盐浓度下降。

对组间微生物群落丰度进行显著性差异检验,发现变形菌门是湿地中最丰富的门,这与文献[18]中报道的变形菌门是植物根际、土壤和湿地中的优势菌的研究结果一致。另外,文献[19]的研究表明,变形菌门在氮循环中发挥着重要作用,可以促进植物生长、提高产量、改善果实和种子质量。变形菌门功能多样,其适应环境变化的能力强,这或许是湿地退化前后其丰度差异不明显的原因。文献[20]的研究表

明,拟杆菌门广泛存在于土壤生态系统中,是农业土壤的敏感生物指标。拟杆菌门还具有调节碳循环和微生物群落的功能。文献[21]的研究表明,拟杆菌门与有机物的降解密切相关。环境中的拟杆菌门多为兼性厌氧菌且适宜在中性或弱碱性环境中生长,这与拟杆菌门随湿地水潭退化而减少的结果相对应。有学者发现,出芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)在磷酸盐代谢中发挥作用,其特点是较耐旱且偏好寡营养的环境<sup>[22]</sup>,这与本研究中出芽单胞菌门的相对丰度在湿地退化后增多的结果一致。有研究发现,子囊菌门是最多样化的真菌门,包含大多数植物病原体<sup>[23]</sup>。大多数腐生真菌是子囊菌属,它们生长在死亡的生物上,并导致其腐烂<sup>[24]</sup>。子囊菌门可产生多种抗菌剂,有利于保护植物免受病原体侵害<sup>[25]</sup>。这些结果与本研究中子囊菌的相对丰度与植被覆盖度呈正相关,且随着湿地退化,子囊菌门相对丰度降低的结果相对应。壶菌门大多水生,腐生在动植物残体上或寄生于水生植物、藻类、小动物和其他真菌上,比如,寄生在藻类或植物残体上的 *Chytridium* 属,专性寄生在浮游生物的 *Kappamyces* 属,分布于

淡水、土壤或两栖动物表皮环境中,且部分种类为两栖类病原体的 Spizellomycetaceae 科。这与本研究中壶菌门在湿地水潭退化后丰度减少的结果相对应。在退化程度较高的湿地中,酸杆菌门的相对丰度高。这一发现与文献[26]的研究结论吻合:在低温、酸性且纤维素降解菌难以存活的极端环境中,酸杆菌门能够高效发挥纤维素降解功能。因此,相较于其他菌群,酸杆菌门在营养贫瘠且pH较低的湿地环境中展现出显著的竞争优势。另外,本研究还发现,随着湿地退化,土壤的总碳含量和硝态氮含量减少,而铵态氮含量增加,表明湿地退化时碳源和氮源营养流失。有研究表明,有些绿弯菌门(Chloroflexi)能够光合固碳,在土壤聚集中发挥作用<sup>[27]</sup>,这与本研究中的随湿地土壤退化,绿弯菌门的相对丰度升高的结果相对应。这可能是由于干旱后的环境较恶劣,土壤较贫瘠,使得土壤中的微生物更趋向于自养微生物。湿地水潭退化后,有固氮功能的蓝细菌门(Cyanobacteria)增加;湿地草地退化后,变形菌门中的根瘤菌目(Rhizobiales)增加,这与湿地退化时铵态氮含量增加的结果相对应。此外,土壤干燥条件下,氨化作用可能相对增强,并且铵态氮在土壤颗粒上的吸附能力较强,容易在土壤中积累,从而使铵态氮含量呈增加趋势。在本研究中,湿地水潭和湿地草地退化后,严格厌氧的脱硫杆菌门和能进行氨氧化作用的浮霉状菌门相对丰度减少,这与湿地退化使硝态氮含量降低的结果相对应,因为脱硫杆菌的减少使得反硝化菌更加活跃。这些变化对土壤肥力和植物生长有重要影响,因此在农业管理中要加以关注。

本研究还发现,湿地退化过程中出现动物病原菌减少和植物病原菌增多的趋势,文献[28]报道的人类病原菌诺克氏菌属(*Nocardia*)和文献[29]报道的海洋生物的致病拟杆菌(*Bacteroidota*)随湿地退化减少,而文献[30]中报道的通过分泌有毒物质使植物病变的变形菌门假单胞菌属中的丁香假单胞菌(*Pseudomonas syringae*)和文献[31]中显示能使植物致病的变形菌门的黄单胞菌属(*Xanthomonas*)随湿地退化增加。随着湿地草地退化,植物病原真菌和植物腐生真菌呈现出上升趋势,包括文献[32]中报道的罗兹菌门(Rozellomycota)植物致病菌,文献[33]中报道的植物致病菌 Mycosphaerellaceae 科中的 *Cladosporium fulvum*,文献[34]中报道的能使橡胶得南美枯叶病的 Lophiostomataceae 科和文献[35]中的常见植物病原菌的名录中壶菌门的油壶菌科(Synchytriaceae)等真菌。随着湿地退化,这些病原

菌的丰度改变,可能是因为需要湿润环境的动物病原菌无法生存,其次,随着湿地退化,其厌氧环境的减少也会抑制某些动物病原菌的生长。湿地退化可能减缓有机质分解,导致植物残体堆积,为腐生型植物病原菌提供营养,另外湿地退化使土壤酸化,可能促进某些偏好酸性土壤的植物病原菌生长。

#### 4 结 论

本文对不同退化程度湿地土壤样品的理化性质与微生物群落结构进行分析,揭示了西藏麦地卡湿地退化后环境因素和微生物群落结构的变化。湿地水潭和湿地草地退化后,微生物多样性变化趋势不同,与其盐度和pH的变化呈负相关;同时土壤含水量、总碳及硝态氮含量降低与铵态氮含量升高的理化改变,直接影响土壤肥力并关联微生物的变化。湿地退化时,湿地水潭中的脱硫杆菌门、真菌的子囊菌门和壶菌门,湿地草地中的浮霉状菌门、真菌的子囊菌门的含量都降低,而湿地水潭中的酸杆菌门、蓝细菌门,湿地草地中的根瘤菌目和绿弯菌门的含量增加。这些改变与湿地土壤的含水量、pH等因素的变化相关。通过功能预测,湿地退化后,光合微生物和对植物有致病作用的微生物增加,而对动物及人有致病作用的微生物减少。因此,湿地退化对人类产生的潜在病害风险减弱,应该着重防范其对植物的病害。湿地土壤微生物群落的差异可能是湿地退化程度加深的结果,这些差异能够反映湿地退化的特征,并为了解湿地退化程度与采取湿地保护措施提供科学参考。

#### 参考文献

- [1] Dang A T N, Kumar L, Reid M, et al. Remote sensing approach for monitoring coastal wetland in the Mekong delta, Vietnam: change trends and their driving forces [J]. Remote Sensing, 2021, 13(17): 3359.
- [2] Salimi S, Almuktar S A A A N, Scholz M. Impact of climate change on wetland ecosystems: a critical review of experimental wetlands [J]. Journal of Environmental Management, 2021, 286: 112160.
- [3] Finlayson M C, Cruz R D, Davidson N C, et al. Millennium ecosystem assessment: ecosystems and human well-being: wetlands and water synthesis [M]. Washington DC: World Resources Institute, 2005.
- [4] 沈永平. 麦地卡湿地 [J]. 西藏人文地理, 2019(2): 142-149, 8-10.  
Shen Y P. The Maidika Wetland [J]. Xizang Geographic, 2019(2): 142-149, 8-10.
- [5] 韩大勇, 杨永兴, 杨杨, 等. 湿地退化研究进展 [J].

- 生态学报, 2012, 32(4): 289-303.
- Han D Y, Yang Y X, Yang Y, et al. Recent advances in wetland degradation research[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(4): 289-303.
- [ 6 ] 曾双贝, 张天星. 西藏麦地卡湿地现状及其保护对策分析[J]. *中国资源综合利用*, 2023, 41(11): 139-141.
- Zeng S B, Zhang T X. Analysis on the current situation and protection countermeasures of Maidika Wetland in Xizang [J]. *China Resources Comprehensive Utilization*, 2023, 41(11): 139-141.
- [ 7 ] Bertini S C B, Azevedo L C B. Soil microbe contributions in the regulation of the global carbon cycle[M]// Kumar A, Singh J, Ferreira L F R. *Microbiome under changing climate*. Amsterdam: Elsevier, 2022: 69-84.
- [ 8 ] Sathya A, Vijayabharathi R, Gopalakrishnan S. Soil microbes: the invisible managers of soil fertility[M]// Singh P D, Singh H B, Prabha R. *Microbial Inoculants in Sustainable Agricultural Productivity*. New Delhi: Springer India, 2016: 1-16.
- [ 9 ] Verma K K, Song X P, Li D M, et al. Interactive role of silicon and plant-rhizobacteria mitigating abiotic stresses: a new approach for sustainable agriculture and climate change[J]. *Plants*, 2020, 9(9): 1055.
- [ 10 ] Kumari A, Dash M, Singh S K, et al. Soil microbes: a natural solution for mitigating the impact of climate change [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2023, 195(12): 1436.
- [ 11 ] 姚槐应, 何振立, 黄昌勇. 不同土地利用方式对红壤微生物多样性的影响[J]. *水土保持学报*, 2003, 17(2): 51-54.
- Yao H Y, He Z L, Huang C Y. Effect of land use history on microbial diversity in red soils[J]. *Journal of Soil Water Conservation*, 2003, 17(2): 51-54.
- [ 12 ] 买迪努尔·阿不来孜. 巴音布鲁克高寒湿地土壤微生物群落对退化的响应机制[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2022.
- Maidinuer·Abulaizi. Response mechanism of soil microbial community to degradation in Bayinbuluke Alpine Wetland [D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2022.
- [ 13 ] Wen Y, Zang H D, Freeman B, et al. Microbial utilization of low molecular weight organic carbon substrates in cultivated peats in response to warming and soil degradation[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 139: 107629.
- [ 14 ] Wang C Y, Yu J Q, Zhang J Y, et al. A review of factors affecting the soil microbial community structure in wetlands[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2024, 31(34): 46760-46768.
- [ 15 ] Li H, Chi Z F, Li J L, et al. Bacterial community structure and function in soils from tidal freshwater wetlands in a Chinese delta: potential impacts of salinity and nutrient [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 696: 134029.
- [ 16 ] Zhang G L, Bai J H, Tebbe C C, et al. Salinity controls soil microbial community structure and function in coastal estuarine wetlands [J]. *Environmental Microbiology*, 2021, 23(2): 1020-1037.
- [ 17 ] Tan W J, Wang J M, Bai W Q, et al. Soil bacterial diversity correlates with precipitation and soil pH in long-term maize cropping systems [J]. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 6012.
- [ 18 ] Li W B, Lü X F, Ruan J C, et al. Variations in soil bacterial composition and diversity in newly formed coastal wetlands[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 9: 3256.
- [ 19 ] Zhang H, Ullah F, Ahmad R, et al. Response of soil proteobacteria to biochar amendment in sustainable agriculture—a mini review [J]. *Journal of Soil, Plant and Environment*, 2022, 1(2): 16-30.
- [ 20 ] Pan X Y, Raaijmakers J M, Carrión V J. Importance of Bacteroidetes in host-microbe interactions and ecosystem functioning[J]. *Trends in Microbiology*, 2023, 31(9): 959-971.
- [ 21 ] Lidbury I D E A, Borsetto C, Murphy A R J, et al. Niche-adaptation in plant-associated Bacteroidetes favours specialisation in organic phosphorus mineralisation [J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(4): 1040-1055.
- [ 22 ] Rani A, Chauhan M, Kumar Sharma P, et al. Microbiological dimensions and functions in constructed wetlands: a review [J]. *Current Research in Microbial Sciences*, 2024, 7: 100311.
- [ 23 ] Ohkuma M. Termite symbiotic systems: efficient biorecycling of lignocellulose [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2003, 61(1): 1-9.
- [ 24 ] Tokuda G, Lo N, Watanabe H, et al. Major alteration of the expression site of endogenous cellulases in members of an apical termite lineage [J]. *Molecular Ecology*, 2004, 13(10): 3219-3228.
- [ 25 ] 张二豪, 杨雪, 张鑫, 等. 藏东南产区苹果表皮及根际土壤微生物多样性研究[J]. *中国酿造*, 2022, 41(5): 118-123.
- Zhang E H, Yang X, Zhang X, et al. Microbial diversity of apple pericarp and rhizosphere soil in Southeast Tibet [J]. *China Brewing*, 2022, 41(5): 118-123.
- [ 26 ] Pankratov T A, Ivanova A O, Dedysh S N, et al. Bacterial populations and environmental factors controlling

- cellulose degradation in an acidic *Sphagnum* peat [J]. *Environmental Microbiology*, 2011, 13 (7) : 1800-1814.
- [27] Yang L Y, Barnard R, Kuzyakov Y, et al. Bacterial communities drive the resistance of soil multifunctionality to land-use change in Karst soils [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2021, 104: 103313.
- [28] Wang H, Zhu Y, Cui Q Z, et al. Epidemiology and antimicrobial resistance profiles of the *Nocardia* species in China, 2009 to 2021 [J]. *Microbiology Spectrum*, 2022, 10(2): e0156021.
- [29] Hudson J, Egan S. Opportunistic diseases in marine eukaryotes: could bacteroidota be the next threat to ocean life? [J]. *Environmental Microbiology*, 2022, 24(10): 4505-4518.
- [30] Misas-Villamil J C, Kolodziejek I, Crabill E, et al. *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* uses proteasome inhibitor syringolin A to colonize from wound infection sites [J]. *PLoS Pathogens*, 2013, 9(3): e1003281.
- [31] Timilsina S, Potnis N, Newberry E A, et al. *Xanthomonas* diversity, virulence and plant-pathogen interactions [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2020, 18(8): 415-427.
- [32] Zhang Z F, Pan Y P, Liu Y, et al. High-level diversity of basal fungal lineages and the control of fungal community assembly by stochastic processes in mangrove sediments [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2021, 87(17): e0092821.
- [33] Thomma B P H J, VAN Esse H P, Crous P W, et al. *Cladosporium fulvum* (syn. *Passalora fulva*), a highly specialized plant pathogen as a model for functional studies on plant pathogenic Mycosphaerellaceae [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2005, 6(4): 379-393.
- [34] da Hora Júnior B T, de Macedo D M, Barreto R W, et al. Erasing the past: a new identity for the Damoclean pathogen causing South American leaf blight of rubber [J]. *PLoS One*, 2014, 9(8): e104750.
- [35] 王科, 刘芳, 蔡磊. 中国农业植物病原菌物常见种属名录 [J]. *菌物学报*, 2022, 41(3): 361-386.  
Wang K, Liu F, Cai L. A name list of common agricultural phytopathogenic fungi in China [J]. *Mycosystema*, 2022, 41(3): 361-386.