

董 静,邢锦城,温祝桂,等. 苏北滩涂盐碱地 3 种典型盐生植物根际土壤细菌多样性及群落结构分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(8):212-218.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.08.037

# 苏北滩涂盐碱地 3 种典型盐生植物根际土壤细菌多样性及群落结构分析

董 静,邢锦城,温祝桂,洪立洲,刘 冲,朱小梅,赵宝泉,贺亭亭,赵小慧

(江苏沿海地区农业科学研究所,江苏盐城 224002)

**摘要:**以苏北滩涂盐碱地 3 种典型盐生植物的非根际与根际土壤为研究对象,利用高通量测序技术对土壤细菌多样性特征及群落结构进行分析,并对土壤理化性质进行测定。结果表明:盐地碱蓬、盐角草和二色补血草根际土壤细菌群落分别由 15、16、17 门组成,其中装甲菌门只出现在二色补血草根际土壤中;非根际土壤主要由 18 门组成,其中广古菌门仅出现在盐地碱蓬非根际土壤中,衣原体门仅出现在二色补血草非根际土壤中。非根际土壤细菌酸杆菌门的相对丰度低于根际土壤,而非根际土壤中的放线菌门丰度有所提高。3 种植物根际土壤细菌群落的多样性与速效氮含量正相关,与土壤 pH 值、电导率、有机质含量、速效磷含量、有机碳含量及速效钾含量负相关;土壤电导率、速效氮含量和速效磷含量是影响其根际与非根际土壤细菌群落变化的主要因素。

**关键词:**盐生植物;根际微生物;土壤细菌;群落结构;土壤理化性质;苏北;滩涂盐碱地

**中图分类号:** S182 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)08-0212-07

盐生植物在适应盐碱地环境过程中形成了一系列独特的耐盐机制用以应对逆境的影响,除此以外,根际微生物对其耐盐性的提高也会起到一定的作用<sup>[1]</sup>。在自然条件下,植物与土壤根际微生物之间联系紧密,根际微生物种类繁多,作为地球上最

复杂的生态系统之一,它们对植物的生长和健康有重要影响<sup>[2]</sup>。植物可以通过根系代谢活动来改变根际微生物群落的组成,同时根际土壤也会受到其活动的影响,最终导致根际与非根际土壤理化性质及微生物群落结构存在显著差异<sup>[3-5]</sup>。因此,研究不同盐生植物对土壤细菌群落结构及多样性的影响,揭示植物耐盐碱性与土壤微生物之间的内在联系,具有重大意义。

土壤微生物对保持生物多样性以及维护生态系统功能均有着重要的作用<sup>[6]</sup>。近年来,盐碱区域土壤、植物及其根际微生物相互作用、盐碱地生态环境可持续发展等方面引起了国内外学者的重视<sup>[7-10]</sup>。我国苏北沿海滩涂面积广、盐分重,严重限制了植物的生存与分布,盐地碱蓬(*Suaeda*

收稿日期:2020-07-16

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金[编号: CX(19)3096];国家自然科学基金(编号:31800525);江苏现代农业产业技术体系项目[编号: JATS(2019)228];苏北科技专项(编号: SZ-YC2018059/SZ-YC2018060)。

作者简介:董 静(1988—),女,江苏盐城人,硕士,助理研究员,主要从事植物逆境生理相关研究。E-mail: dongjingyc@163.com。

通信作者:邢锦城,硕士,副研究员,主要从事土壤肥料与盐土农业工程相关研究。E-mail: sdauxxx@163.com。

[19]曲 艺,龙花楼. 基于开发利用与产出视角的区域土地利用隐性形态综合研究——以黄淮海地区为例[J]. 地理研究,2017,36(1):61-73.

[20]张雪靓,孔祥斌,赵 晶,等. 我国建设用集约利用水平时空变化规律[J]. 中国农业大学学报,2013,18(5):156-165.

[21]胡 涛,张安明,杨庆媛,等. 重庆市城镇建设用地经济密度时空差异及影响因素分析[J]. 西南大学学报(自然科学版),2020,42(2):55-65.

[22]刘纪远,刘文超,匡文慧,等. 基于主体功能区规划的中国城乡建设用地扩张时空特征遥感分析[J]. 地理学报,2016,71(3):355-369.

[23]陈 阳,李伟芳,任丽燕,等. 空间统计视角下的农村居民点分布变化及驱动因素分析——以鄞州区滨海平原为例[J]. 资源科学,2014,36(11):2273-2281.

[24]冯应斌,杨庆媛. 1980—2012 年村域居民点演变特征及其驱动力分析[J]. 农业工程学报,2016,32(5):280-288.

[25]陈 诚,金志丰. 经济发达地区乡村聚落用地模式演变——以无锡市惠山区为例[J]. 地理研究,2015,34(11):2155-2164.

[26]刘盛和,吴传钧,沈洪泉. 基于 GIS 的北京城市土地利用扩展模式[J]. 地理学报,2000,55(4):407-416.

[27]张 珂,赵耀龙,付迎春,等. 滇池流域 1974 年至 2008 年土地利用的分形动态[J]. 资源科学,2013,35(1):232-239.

salsa)、盐角草(*Salicornia europaea*)和二色补血草(*Limonium bicolor*)是 3 种广泛分布于苏北沿海滩涂盐碱地的典型盐生植物,均具有极强的耐盐碱性,是适合盐渍地修复的类群。为研究盐生植物抗逆性及环境适应机制,本研究通过高通量测序对几种滩涂典型盐生植物的非根际与根际土壤细菌群落结构进行探讨,分析土样中细菌类群多样性和优势种群及其与环境因子的相关性,以期为揭示根际微生物对盐生植物耐盐碱性的作用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

土壤样品于 2019 年 5 月 21 日采自江苏黄海湿地大丰麋鹿国家级自然保护区的盐碱地,该地属于亚热带季风气候,降雨主要集中在 6—8 月。分别在盐地碱蓬(JP)、盐角草(HP)和二色补血草(BX)居群中选择长势相同的植株作为样本,每种植物采集 15 株作为重复。完整挖出植株根系,采集根部附着的与根系结合较为紧密的土壤(1 mm),混合均匀,作为根际土壤;同时撇去表层土,采集距离根系 0 ~ 30 cm 的土壤,作为非根际土壤,所取土样均装入无菌离心管中,置于冰盒中带回实验室,4 ℃ 暂存待测。

1.2 方法

土壤样品的理化性质测定指标包括土壤 pH 值、有机碳(TOC)含量、电导率(EC)、有机质

(SOM)含量、速效氮(AN)含量、有效磷(AP)含量、速效钾(AK)含量<sup>[11-12]</sup>。

按照 DNA 提取试剂盒(QIAGEN)操作步骤提取土壤样品 DNA。参照刘国丽等的方法<sup>[12]</sup>,由微分(上海)基因科技有限公司进行 DNA 文库构建及测序。

通过 QIIME 软件计算 α 多样性指数。利用 UniFrac 计算样本距离并绘制聚类树。通过典范对应分析(CCA)筛选出对细菌群落结构产生影响的主要环境因子。

2 结果与分析

2.1 不同土壤理化参数

由表 1 可知,3 种盐生植物之间的 pH 值、EC 值以及 TOC、SOM、AN、AP、AK 含量在不同植物的非根际及根际土壤中均有差异。除盐地碱蓬根际土壤 pH 值显著小于非根际土壤外( $P < 0.05$ ),其余 2 种植物中均无显著差异。3 种植物根际土壤的 EC 值均显著小于非根际土壤( $P < 0.05$ )。TOC 及 SOM 在根际与非根际土壤之间均无显著差异,其中二色补血草根际土壤中 TOC 与 SOM 含量均显著高于其余 2 种植物。盐地碱蓬非根际 AN 含量显著低于根际土壤,而其根际土壤 AN 含量显著高于盐角草、二色补血草根际土壤。非根际土壤 AP 与 AK 含量均高于根际土壤,其中盐地碱蓬和盐角草非根际土壤 AK 含量均显著高于根际土壤。

表 1 土壤样品的理化性质分析

样品编号	植物	pH 值	电导率 (mS/cm)	有机碳含量 (g/kg)	有机质含量 (g/kg)	速效氮含量 (mg/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)
JP-R	盐地碱蓬	7.85 ± 0.07Bc	3.33 ± 0.10Ba	5.13 ± 0.02Aa	8.84 ± 0.03Aa	167.79 ± 4.28Aa	17.31 ± 1.45Aa	408.67 ± 5.14Ba
JP-B		8.99 ± 0.01Aa	7.79 ± 0.14Aa	4.91 ± 0.18Aab	8.46 ± 0.31Aab	41.45 ± 1.06Bc	21.76 ± 1.11Aa	690.28 ± 15.10Aa
HP-R	盐角草	8.18 ± 0.09Ab	2.90 ± 0.03Bb	5.14 ± 0.01Aa	8.85 ± 0.02Aa	132.65 ± 2.12Bb	17.81 ± 0.10Aa	399.23 ± 4.71Ba
HP-B		8.17 ± 0.27Ac	4.30 ± 0.08Ab	5.12 ± 0.04Aa	8.83 ± 0.06Aa	194.64 ± 10.29Aa	19.28 ± 0.90Ab	619.67 ± 27.07Ab
BX-R	二色补血草	9.00 ± 0.05Aa	1.10 ± 0.04Bc	4.80 ± 0.01Ab	8.28 ± 0.01Ab	118.83 ± 10.07Ab	17.29 ± 0.20Aa	362.52 ± 9.86Ab
BX-B		8.60 ± 0.06Ab	2.94 ± 0.04Ac	4.82 ± 0.01Ab	8.31 ± 0.02Ab	117.26 ± 1.06Ab	18.14 ± 0.22Ab	375.55 ± 17.91Ac

注:不同小写字母表示不同植物同一部位上土壤理化性质差异显著( $P < 0.05$ ),不同大写字母表示同一种植物非根际与根际土壤理化性质差异显著( $P < 0.05$ )。R 代表根际土壤;B 代表非根际土壤,下同。

2.2 土壤细菌多样性及群落结构分析

2.2.1 测序数据分析 所得有效序列平均长度在 460 bp 以上。图 1 表明,随着测序深度的增加,样品稀释曲线基本趋于平缓,并且测序覆盖度均为 0.99 (表 2),综上表明本次测序结果较为合理。

2.2.2 细菌多样性 从表 2 可以看出,JP 和 HP 根

际土壤的细菌群落的香农指数均高于非根际土壤。BX 根际土壤细菌群落的多样性指数明显高于 JP,其 Chao 1 指数与物种数均明显低于 HP,这表明 HP 根际土壤的细菌群落丰度高于 BX;BX 的非根际土壤的细菌群落多样性(辛普森指数除外)和丰度均明显高于其他 2 种盐生植物的非根际土壤。总体来

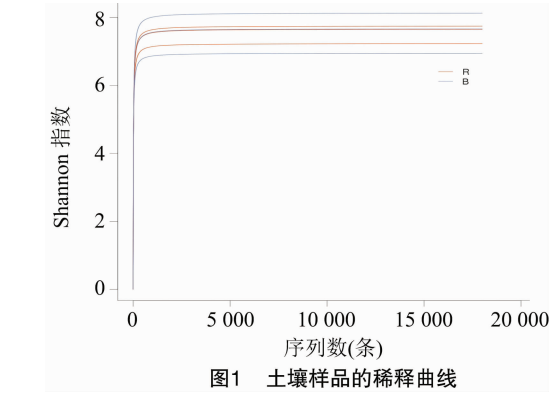


表 2 土壤样品测序数据统计及多样性指数

样品编号	序列数 (条)	可操作分类单元 (OTU)数(个)	香农(Shannon)指数	辛普森指数	Chao 1 指数	覆盖度	物种数 (个)
JP-R	23 180	454	7.28	0.98	458.84	0.99	423
HP-R	21 838	550	7.74	0.99	584.62	0.99	536
BX-R	18 756	459	7.81	0.99	489.79	0.99	458
JP-B	24 393	437	6.99	0.98	473.12	0.99	418
HP-B	22 647	539	7.72	0.99	565.69	0.99	529
BX-B	20 414	592	8.21	0.98	633.00	0.99	582

注:OTU 表示可操作分类单元。

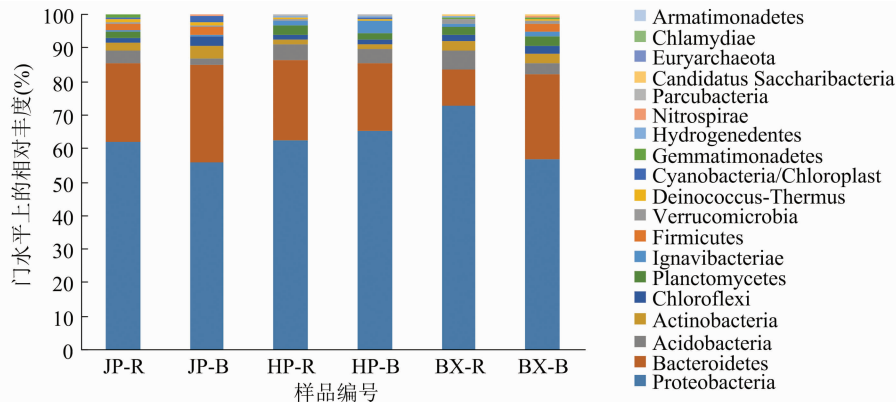
在所有土样中,拟杆菌门和变形菌门均为优势门。共有 10 个优势门细菌在根际土壤中被检出,其中盐地碱蓬根际土壤中检测出 8 个,其丰度从大到小的分别为变形菌门(Proteobacteria,62.09%)、拟杆菌门(Bacteroidetes,23.32%)、酸杆菌门(Acidobacteria,3.85%)、放线菌门(Actinobacteria,2.27%)、厚壁菌门(Firmicutes,1.94%)、绿弯菌门(Chloroflexi,1.65%)、浮霉菌门(Planctomycetes,1.52%)、异常球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus,1.21%),占根际土壤微生物总量的 88.76%,其中食氢菌门(Hydrogenedentes)等 3 门的丰度低于 0.1%;盐角草根际土壤中优势门有 Proteobacteria(62.26%)、Bacteroidetes(24.23%)、Acidobacteria(4.67%)、Planctomycetes(2.65%)、Chloroflexi(1.49%)、Actinobacteria(1.42%)和 Ignavibacteriae(1.21%)7 个门;二色补血草根际土壤优势细菌群为 Proteobacteria(72.68%)、Bacteroidetes(10.90%)、Acidobacteria(5.69%)、Actinobacteria(2.56%)、Planctomycetes(2.51%)、Chloroflexi(2.00%)、疣微菌门(Verrucomicrobia,1.49%),其中 Proteobacteria 丰度明显高于其余植物。在非根际土壤中也有 10 个优势门被检出,其中 Proteobacteria 和 Bacteroidetes 是最占优势的 2 个门,

看,与 JP 和 HP 相比,BX 土壤的细菌群落丰富度最高,其微生物种群生态位也最宽。

2.2.3 不同土壤样品细菌群落结构 从样品检测出细菌 19 门、36 纲、49 目、73 科、189 属。由图 2 可知,所有土样中的细菌主要属于变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和酸杆菌门(Acidobacteria)3 个菌门;这 3 个门的细菌又分别以丙型变形菌纲(Gammaproteobacteria)、鞘脂杆菌纲(Sphingobacteriia)和  $\alpha$ -变形菌纲、 $\delta$ -变形菌纲为主。

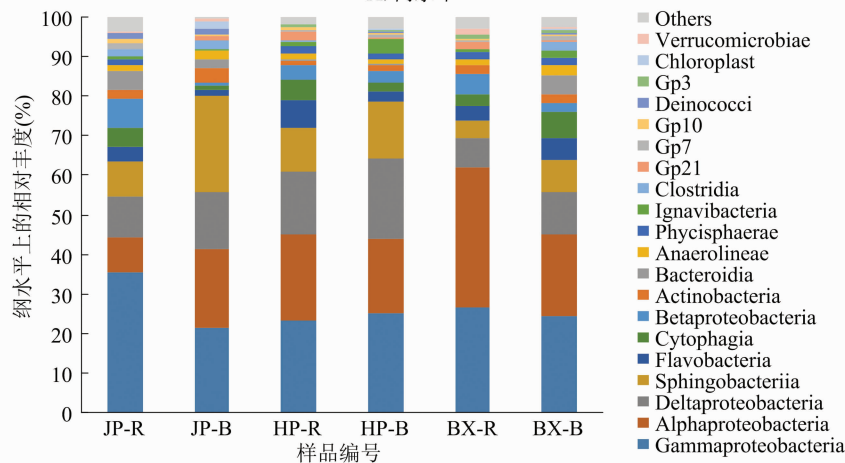
共占非根际土壤细菌丰度的 69% 以上;在盐地碱蓬的非根际土壤中的丰度分别为 55.66% 和 29.38%,在盐角草非根际土壤中丰度分别为 65.08% 和 20.21%,而在二色补血草非根际土壤中分别为 56.79% 和 25.46%。衣原体门仅出现在二色补血草非根际土壤中,该菌门包括 11 个属,其中只有 Chlamydia 被确认与人或动物的衣原体病相关<sup>[13]</sup>;广古菌门只在盐地碱蓬的非根际土壤中检出,该门包括可在极高盐浓度下生活的盐杆菌及海洋类群<sup>[14]</sup>;装甲菌门只出现在二色补血草根际土壤中,该菌门近年来才被人们所熟知,而其内部系统发育结构的研究尚处于初级阶段,目前缺乏一致的研究结论。

从属水平上看,根际土壤中的优势属与非根际土壤相比,数量较多。在盐地碱蓬、盐角草和二色补血草根际土壤的细菌优势属分别有 24、21、27 个,而在非根际土中优势属有 17、22、19 个。每种植物根际土中丰度大于 10% 的菌属存在明显差异,其中盐地碱蓬中为 Thiobacillus(12.55%),盐角草中为 Desulfuromonas(22.87%),二色补血草中为 Desulfuromonas(10.80%)。在非根际土壤中大于 10% 的菌属共有 4 个,分别为 Aliifodinibius、Desulfuromonas、Gracilimonas、Halomonas;同种植被下



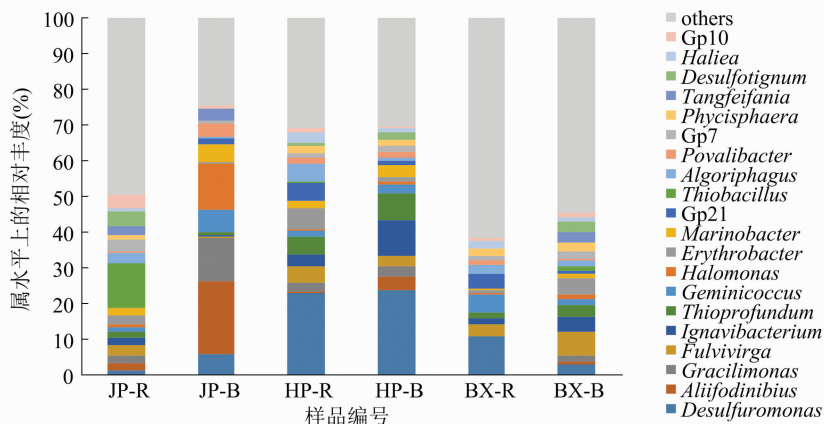
自下往上, 仅列出有对应中文名称的门: 变形菌门 Proteobacteria; 拟杆菌门 Bacteroidetes; 酸杆菌门 Acidobacteria; 放线菌门 Actinobacteria; 绿弯菌门 Chloroflexi; 浮霉菌门 Planctomycetes; 厚壁菌门 Firmicutes; 疣微菌门 Verrucomicrobia; 异常球菌-栖热菌门 Deinococcus-Thermus; 蓝藻菌门/叶绿体 Cyanobacteria/Chloroplast; 芽单胞菌门 Gemmatimonadetes; 食氢菌门 Hydrogenedentes; 硝化螺旋菌门 Nitrospirae; 俭菌总门 Parcubacteria; 广古菌门 Euryarchaeota; 衣原体门 Chlamydiae; 装甲菌门 Armatimonadetes。图 3 同

A. 门水平



自下往上, 仅列出有对应中文名称的纲: 丙型变形菌纲 Gammaproteobacteria;  $\alpha$ -变形菌纲 Alpha proteobacteria;  $\delta$ -变形菌纲 Delta proteobacteria; 鞘脂杆菌纲 Sphingobacteriia; 黄杆菌纲 Flavobacteria; 噬纤维菌纲 Cytophagia;  $\beta$ -变形菌纲 Betaproteobacteria; 放线菌纲 Actinobacteria; 拟杆菌纲 Bacteroidia; 厌氧绳菌纲 Anaerolineae; 梭菌纲 Clostridia; 异常球菌纲 Deinococci; 疣微菌纲 Verrucomicrobiae

B. 纲水平



自下往上, 仅列出有对应中文名称的属: 除硫单胞菌属 Desulfuromonas; 硫深海菌属 Thioprofundum; 嗜盐假单胞菌属 Halomonas; 赤杆菌属 Erythrobacter; 海杆菌属 Marinobacter; 硫杆菌属 Thiobacillus; 噬冷菌属 Algoriphagus

C. 属水平

图2 门、纲和属水平上的土壤样品细菌群落组成

与非根际土壤相比,*Aliifodinibius* 在根际土壤细菌中的丰度显著降低(0.06% ~ 2.10%),而一些低丰度属如 *Gp10* 则在根际土壤中的丰度更高,成为优势属,表明盐地碱蓬、盐角草和二色补血草这 3 种植物的根际土壤细菌的群落组成和丰度与非根际土壤存在较大的差异。

2.2.4 差异性分析 在本研究中,同一植被的根际和非根际土壤在细菌群落组成及丰富度方面存在明显差异,不同植物的根际土壤细菌群落亦如此。在门水平上,与非根际土壤相比,Proteobacteri、Acidobacteria、Planctomycetes 在根际土壤中的丰度明显更高;而 Bacteroidetes、Actinobacteria 的丰度与非根际土壤相比,相对较低(图 3)。Chloroflexi、Planctomycetes 丰度在 3 种植物的根际土壤中存在明显差异(图 2-A)。

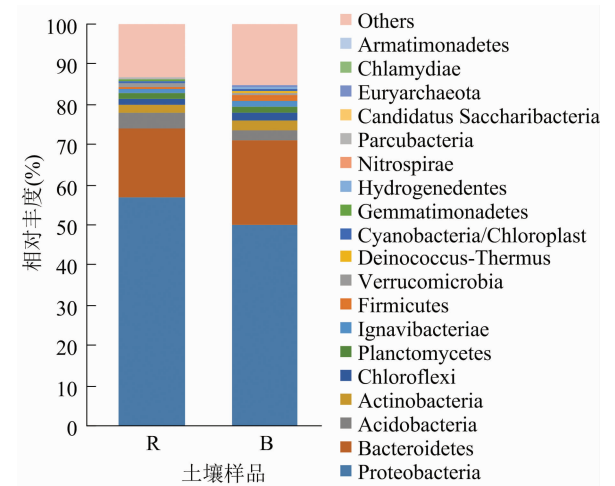


图3 根际与非根际土壤样品细菌群落组成(门)

通过比较发现, *Desulfuromonas*、*Fulvivirga*、*Ignavibacterium*、*Thiopfundum*、*Geminicoccus*、*Erythrobacter*、*Algoriphagus*、*Phycisphaera* 和 *Gp10* 为这 3 种植物根际土壤的共有优势属(图 2-C),其中 *Desulfuromonas* 在盐角草根际土壤的丰度(22.87%)明显高于盐地

碱蓬(1.30%)和二色补血草(10.80%), *Thiopfundum*、*Erythrobacter* 和 *Algoriphagus* 在 3 种植物根际土壤中的丰度亦如此。 *Desulfuromonas*、*Gracilimonas*、*Marinobacter* 及 *Gp21* 为这 3 种植物非根际土壤中细菌群落总的共有优势菌属。其丰度在盐地碱蓬非根际土壤中为 1.53% ~ 11.94%,在盐角草非根际土壤中为 1.40% ~ 23.87%,而在二色补血草非根际土壤中仅为 1.11% ~ 2.75%。综上所述可以看出,盐地碱蓬、盐角草及二色补血草这 3 种植物即使在相同的盐碱环境中,其根际土壤的细菌群落在结构及组成上存在较大差异。

如图 4 所示,6 个土壤样品中细菌群落组成总体分为两大族群,二色补血草非根际土壤为一个族群,其余 5 个土壤样品中细菌聚为另一个族群,说明二色补血草非根际土壤与其余土壤细菌群落种群的构成变化较大。盐地碱蓬、盐角草以及二色补血草这 3 种盐生植物根际土壤的细菌群落间差异相对较小,其中,当取值水平在 0.85 以上时,这 3 种盐生植物根际土壤的细菌群落可聚为一类。

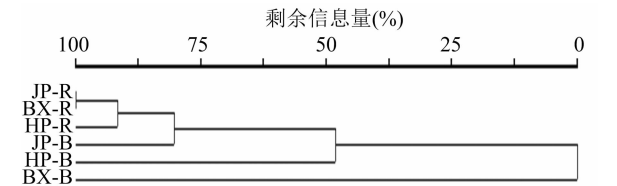


图4 基于细菌种群相似性的各土壤样品聚类结构

2.2.5 土壤细菌的群落结构与多样性及其与土壤理化性质相关性 通过分析发现,这 6 种土壤样品细菌群落的 Shannon 指数和 Chao1 指数与 AN 含量呈正相关关系,与 pH 值、EC 值、TOC 含量、SOM 含量、AP 含量及 AK 含量呈负相关关系;Simpson 指数与 TOC 含量、SOM 含量及 AN 含量呈正相关关系,与 pH 值、EC 值、AP 含量及 AK 含量呈负相关关系,但相关性均未到达显著水平(表 3)。

表 3 土壤细菌多样性指数与土壤理化性质之间的相关性

多样性指数	相关系数						
	pH 值	电导率	有机碳含量	有机质含量	速效氮含量	有效磷含量	速效钾含量
香农指数	-0.004	-0.712	-0.296	-0.291	0.357	-0.571	-0.619
辛普森指数	-0.035	-0.468	0.226	0.232	0.417	-0.302	-0.120
Chao 1 指数	-0.119	-0.257	-0.042	-0.043	0.215	-0.169	-0.247

为进一步探明 3 种盐生植物根际土壤理化因子对土壤微生物群落结构的影响,将测序所得的相对丰度位于前 50 的属物种数据与土壤理化参数做典

范对应分析(CCA),第一、第二排序轴上土壤细菌群落的解释量分别为 31.4%、41.2%,总排序轴解释量为 72.6%,损失的信息仅有 27.4%(图 5),



这说明土壤 pH 值、EC 值、TOC、AN 和 AP 含量在研究盐生植物根际土壤中的重要性。

图 5 中第一排序轴与 pH 值、EC 值和 AP 含量呈负相关,相关系数分别为  $-0.469$ 、 $-0.911$  和  $-0.867$ ,这表明从左到右,在横坐标上 pH 值、EC 值和 AP 值是逐渐降低的;第一排序轴与土壤 TOC 和 AN 含量呈正相关,相关系数分别  $0.193$  和  $0.813$ ,说明土壤 TOC 含量和 AN 含量从左到右逐渐升高。通过以上分析发现,EC 值、AN 含量和 AP 含量是影响 3 种盐生植物根际和非根际土壤的细菌群落组成的主要影响因子。

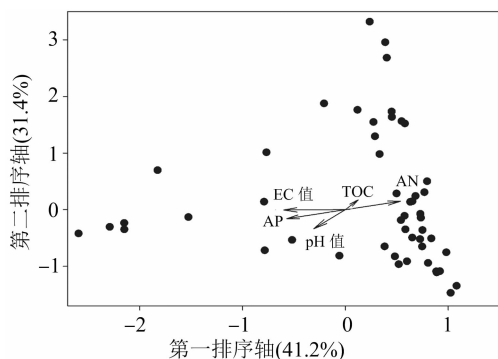


图5 土壤细菌群落组成与土壤理化因子的 CCA 分析

### 3 讨论与结论

本研究以苏北滩涂盐碱地 3 种典型盐生植物盐地碱蓬、盐角草及二色补血草根际与非根际土壤为研究对象,通过对土壤细菌群落多样性进行调查,发现在 3 种植物之间的土壤细菌 Shannon 指数存在差异。其中二色补血草与其他 2 种植物相比,其根际土壤细菌群落具有更高的多样性及丰度,这也许是因为二色补血草与其余 2 种植物相比,其主根直径较宽较长,并且侧根也很发达。根系生长越旺盛的植物,其根际土壤中便会有更多的根系脱落物及分泌物<sup>[15]</sup>,而不同的植被类型,也可能是产生差异化的原因。

植物可从营养代谢角度出发,利用自己的根系活动主动使根际环境发生变化,选择性地提高或者降低土壤细菌类群的丰度及多样性,最终形成有益的根际微生物群落结构<sup>[16-17]</sup>。如芽胞杆菌属、鞘氨醇单胞菌属可能促进西洋参的生长<sup>[18]</sup>;大豆苗期土壤中的细菌丰富度和多样性指数均明显低于成熟期<sup>[19]</sup>;Acidobacteria、Chloroflexi 和 Firmicutes 等是香榧根际土壤的优势类群<sup>[20]</sup>。本试验中 3 种盐生植物根际及非根际土壤的细菌群落组成及多样性差

异显著, $\alpha$ 多样性分析表明,来自藜科的盐地碱蓬及盐角草根际土壤细菌的多样性低于根际土壤,这与李岩等的相关研究结果<sup>[21-22]</sup>一致。而白丹花科的二色补血草正好相反,这与安韶山等对冰草的研究结果<sup>[23]</sup>相同。在本研究中,除二色补血草根际土壤微生物 Shannon 指数明显大于根际土壤外,其余 2 种盐生植物根际 Shannon 指数均高于非根际土壤,这可能是根系分泌物所引起的根际负效应<sup>[24]</sup>。

在本研究中,3 种盐生植物根际土壤优势菌门与非根际土壤组成相似,但比例发生了明显的变化,多样性更加丰富。Proteobacteria 和 Bacteroidetes 在所有土壤样品中均为优势门,但 Proteobacteria 的丰度比 Bacteroidetes 更高,这 2 个菌门的细菌在我国许多盐碱土壤中均为优势菌群<sup>[25-27]</sup>,且在多种植物根际土壤中被列为优势菌群<sup>[28-29]</sup>。Proteobacteria 被认为是细菌中最大的一菌门,包括很多病原菌和固氮菌,与土壤碳利用有关。Bacteroidetes 包括 Bacteroidia、Flavobacteria 和 Sphingobacteriia 这 3 个纲,而 Sphingobacteriia 在本研究结果中丰度最高,其重要类群 *Cytophaga* 在海洋细菌中占据了相当大比例,具有降解纤维素功能<sup>[30]</sup>,这可能与采样点距离我国江苏省黄海海岸仅 4 km 有关。

由聚类分析结果可知,3 种植物根际土壤的细菌群落之间的相似性较高,而非根际土壤细菌之间也具有较高的相似性,且根际与非根际之间的相似性低于根际间。这表明在同一种环境中,虽然不同种盐生植物根际微生物群落有特异性,但是在长期盐碱胁迫下呈现出了趋同性,即根际细菌群落结构在不同的盐生植物之间相似,这也许是盐生植物的根际效应在起作用。相关性分析发现,土壤 EC 值及 AN 和 AP 含量是影响根际土壤微生物群落结构的主要因子,其中 AN 含量与细菌群落多样性指数均呈正相关关系,这可能与本研究所取植物样品均位于同一盐渍环境中有关。土壤 EC 值与盐分含量有关,EC 值越大,表示可溶性盐离子浓度越高,说明盐分含量是影响土壤微生物群落结构的重要因素。有研究表明,土壤有机碳可以直接驱动微生物的组成及多样性<sup>[31]</sup>,李岩等也认为 TOC 含量是影响 2 种盐生植物根际土壤细菌群落组成的主要影响因子<sup>[21]</sup>,而在本研究中 TOC 含量与 Shannon 指数及 Chao 1 指数呈负相关关系,这可能是因为土壤有机碳含量并不是影响盐碱地环境中细菌群落多样性

形成的限制因素。

## 参考文献:

- [1] Qin Y, Druzhinina I S, Pan X Y, et al. Microbially mediated plant salt tolerance and microbiome – based solutions for saline agriculture [J]. *Biotechnology Advances*, 2016, 34(7): 1245 – 1259.
- [2] Raaijmakers J M, Paulitz T C, Steinberg C, et al. The rhizosphere: a playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms[J]. *Plant and Soil*, 2009, 321: 341 – 361.
- [3] Bakker M G, Chaparro J M, Manter D K, et al. Impacts of bulk soil microbial community structure on rhizosphere microbiomes of *Zea mays*[J]. *Plant and Soil*, 2015, 392: 115 – 126.
- [4] Edwards J, Johnson C, Santos – Medellin C, et al. Structure, variation, and assembly of the root – associated microbiomes of rice [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(8): E911 – E920.
- [5] 李森森, 马大龙, 臧淑英, 等. 不同干扰方式下松江湿地土壤微生物群落结构和功能特征[J]. *生态学报*, 2018, 38(22): 7979 – 7989.
- [6] 毕江涛, 贺达汉. 植物对土壤微生物多样性的影响研究进展[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(9): 244 – 250.
- [7] 李岩, 何学敏, 杨晓东, 等. 不同生境黑果枸杞根际与非根际土壤微生物群落多样性[J]. *生态学报*, 2018, 38(17): 5983 – 5995.
- [8] Yang J, Ma L A, Jiang H C, et al. Salinity shapes microbial diversity and community structure in surface sediments of the Qinghai – Tibetan Lakes[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 25078.
- [9] Borruso L, Bacci G, Mengoni A, et al. Rhizosphere effect and salinity competing to shape microbial communities in *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steud[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2014, 359(2): 193 – 200.
- [10] 李 新, 焦 燕, 代 钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. *中国环境科学*, 2016, 36(1): 249 – 260.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 14 – 20.
- [12] 刘国丽, 牛世伟, 徐嘉翼, 等. 基于高通量测序分析优化施氮对养蟹稻田土壤细菌多样性的影响[J]. *吉林农业大学学报*, 2019, 42(6): 686 – 694.
- [13] 李 鹏, 端 青, 宋立华. 衣原体最新分类体系与分类鉴定方法研究进展[J]. *中国人兽共患病学报*, 2014, 30(12): 1262 – 1266.
- [14] 贺纪正, 沈菊培, 张丽梅. 土壤中温泉古菌研究进展[J]. *生态学报*, 2009, 29(9): 5047 – 5055.
- [15] 曹永昌, 杨 瑞, 刘 帅, 等. 秦岭典型林分夏秋两季根际与非根际土壤微生物群落结构[J]. *生态学报*, 2017, 37(5): 1667 – 1676.
- [16] 张太平, 潘伟斌. 根际环境与土壤污染的植物修复研究进展[J]. *生态环境*, 2003, 12(1): 76 – 80.
- [17] 原红娟, 朱红惠. 不同植被根际土壤中可培养与未培养黏细菌的多样性研究[J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(7): 264 – 269.
- [18] 李 丽, 蒋景龙. 基于高通量测序的西洋参根际土壤细菌群落分析[J]. *中药材*, 2019, 42(1): 7 – 12.
- [19] 刘 欣, 李志英, 刘瑞瑞, 等. 大豆不同生育期根际土壤细菌群落结构的变化[J]. *广西植物*, 2018, 38(10): 1363 – 1370.
- [20] 叶 雯, 李永春, 喻卫武, 等. 不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(11): 3783 – 3792.
- [21] 李 岩, 杨晓东, 秦 璐, 等. 两种盐生植物根际土壤细菌的多样性和群落结构[J]. *生态学报*, 2018, 38(9): 1 – 14.
- [22] Cui H Y, Yang X Y, Lu D X, et al. Isolation and characterization of bacteria from the rhizosphere and bulk soil of *Stellera chamaejasme* L. [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2015, 61(3): 171 – 181.
- [23] 安韶山, 李国辉, 陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. *生态学报*, 2011, 31(18): 5225 – 5234.
- [24] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物 – 土壤 – 微生物互作关系研究进展与展望[J]. *植物生态学报*, 2014, 38(3): 298 – 310.
- [25] 林耀奔, 杨建辉, 叶艳妹. 盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(4): 1266 – 1273.
- [26] 李 新, 焦 燕, 杨铭德, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. *中国环境科学*, 2016, 36(1): 249 – 260.
- [27] Dai J Y, Tang X M, Gao G, et al. Effects of salinity and nutrients on sedimentary bacterial communities in oligosaline Lake Bosten, northwestern China [J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2013, 69: 123 – 134.
- [28] Yang H, Hu J X, Long X H, et al. Salinity altered root distribution and increased diversity of bacterial communities in the rhizosphere soil of *Jerusalem artichoke* [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 20687.
- [29] 杨美玲, 张 霞, 王绍明, 等. 基于高通量测序的裕民红花根际土壤细菌群落特征分析[J]. *微生物学通报*, 2018, 45(11): 2429 – 2438.
- [30] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113 – 122.
- [31] Delgado – Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Carbon content and climate variability drive global soil bacterial diversity patterns[J]. *Ecological Monographs*, 2016, 86(3): 373 – 390.