DOI: 10.3724/j.1007-6336.2026-0017

中华乌塘鳢(*Bostrychus sinensis*)生物扰动对红树林沉积物微生物的影响

于家悦[1,2], 曹智强[1,2], 潘铖烺[2], 王飞鹏[2], 刘 泓[1],
马祖友[3], 王庆业[3], 樊立静[3], 穆景利[2], 张钰霆[2]

(1.福建农林大学 资源与环境学院, 福建 福州 350002; 2.闽江学院 地理与海洋学院, 福建省海洋生物多样性保护与可持续利用重点实验室, 福建 福州 350108; 3.自然资源部宁德海洋中心, 福建 宁德 352100)

摘 要: 中华乌塘鳢(*Bostrychus sinensis*)是维持红树林生态系统结构与功能完整性的重要潮间带洞穴鱼类之一, 其生物扰动可能会调节沉积物微生物群落结构。本研究通过在室内模拟条件下设置不同密度(0 g/m^3、2000 g/m^3、5333 g/m^3)的中华乌塘鳢放养实验, 探究了不同扰动强度对沉积物微生物的影响。结果表明, 中华乌塘鳢生物扰动会影响沉积物微生物的 α 多样性、优势菌丰度、群落稳定性等。功能预测显示, 低密度组的反硝化、硝酸盐呼吸和尿素分解等通路显著增强, 表明氮循环功能提高及植物可利用氮源增加; 而高密度组的生物扰动对微生物群落产生一定负面影响。本研究结果表明, 中华乌塘鳢生物扰动在调控红树林沉积物微生物群落结构及生态功能中具有重要作用。

关键词: 中华乌塘鳢; 生物扰动; 红树林; 沉积物微生物; 微生物群落
中图分类号: Q178.53; X171 **文献标识码:** A **文章编号:** 1007-6336(2026)04-0557-11

Effects of *Bostrychus sinensis* bioturbation on microbial community structure in mangrove sediments

Yu Jiayue[1,2], Cao Zhiqiang[1,2], Pan Chenglang[2], Wang Feipeng[2], Liu Hong[1],
Ma Zuyou[3], Wang Qingye[3], Fan Lijing[3], Mu Jingli[2], Zhang Yuting[2]

(1.College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2.Fujian Key Laboratory of Conservation and Sustainable Utilization of Marine Biodiversity, College of Geography and Oceanography, Minjiang University, Fuzhou 350108, China; 3.Ningde Marine Center, Ministry of Natural Resources, Ningde 352100, China)

Abstract: *Bostrychus sinensis*, a typical intertidal burrowing fish widely distributed in mangrove wetlands, is considered essential for maintaining ecosystem structure and function. Its bioturbation may regulate the structure of sediment microbial communities. In this study, indoor experiments were conducted to examine the impacts of different bioturbation intensities of *B. sinensis* (0 g/m^3, 2000 g/m^3, 5333 g/m^3) on sediment microbial community structure and function. The results demonstrated that bioturbation by *B. sinensis* significantly altered microbial α diversity, taxonomic composition, and community stability. Compared with the control, low-density bioturbation significantly promoted key nitrogen-cycling pathways, including denitrification,

收稿日期: 2026-01-22, **修订日期:** 2026-03-06
基金项目: 福建省自然科学基金项目(2024J011190); 国家自然科学基金项目(42106119); 福建省海洋生态保护与修复项目(FJSHYZB-2023-259, FJSHYZB-2024-143)
作者简介: 于家悦(1999—), 女, 河北秦皇岛人, 硕士研究生, 研究方向为海洋生态学, E-mail: 1044694087@qq.com
通信作者: 穆景利(1979—), 男, 教授, 博士生导师, 研究方向为海洋污染的生态安全及污染损害评估, E-mail: jlmu@mju.edu.cn
张钰霆(1990—), 男, 副教授, 研究方向为海洋生态毒理学, E-mail: ytzhang@mju.edu.cn

nitrate respiration, and urea degradation, suggesting accelerated nitrogen transformation and increased bioavailable nitrogen in sediments. In contrast, high-density bioturbation induced negative effects on the microbial community. Overall, these findings indicate that bioturbation by *B. sinensis* plays an important role in regulating the structure and ecological functions of microbial communities in mangrove sediments.

Key words: *Bostrychus sinensis*; bioturbation; mangrove ecosystem; sediment microorganisms; microbial community

红树林作为具有高生产力的典型海洋生态系统之一, 其独特生境孕育了种类丰富的鱼类、鸟类、底栖动物和微生物等生物群落, 在海岸防护、水体净化、蓝碳固碳储碳、海洋生物多样性维持等方面发挥着至关重要的作用[1-2]。然而, 红树林在人类活动的持续影响下, 在全球范围内出现了大面积退化现象[3]。近年来, 我国大力推进红树林保护工作和恢复工程, 扭转了红树林面积减少的局面, 实现了每年 1.8% 的净增长率[4-6]。目前, 在我国乃至全球红树林生态修复实践中, 普遍存在造林成活率低的问题[7-10]。深入研究生态驱动因子对红树植物存活和生长的影响对提高红树林生态修复效果具有重要意义。

在红树林生态系统中, 底栖生物是重要的生态组成部分, 其通过生物扰动行为, 如洞穴和隧道的营造、排泄物的沉积、活性物质的释放等, 改变底层沉积物的理化环境, 重塑沉积物微生物群落结构。沉积物微生物群落的结构与功能对于红树林的营养物质循环与植被生长具有明显的调控作用[11-12], 是底栖生物扰动影响植物生长的关键中介[13-15]。已有研究表明, 蟹类扰动会影响微生物群落结构[16]; 多毛类动物如沙蚕的生物扰动可以通过改变沉积物中的微生物群落组成, 进而影响污染物的迁移和转化[17]。目前, 大多数研究聚焦于甲壳类、多毛类等小型的底栖生物, 对具有不同生物扰动模式的底栖鱼类的研究相对较少。

潮间带洞穴鱼类中华乌塘鳢(*Bostrychus sinensis*)广泛分布于中国东南沿海潮间带至潮下带区域, 是红树林生态系统中的顶级捕食者, 其主要摄食小型甲壳类、虾蟹[18]。中华乌塘鳢是维持红树林生态系统结构与功能完整性的重要物种之一, 据观察, 其种群数量与当地红树植物的生长状况呈正相关关系。已有研究表明, 中华乌塘鳢是红树林病害团水虱的天敌, 在 24 h 内平均可捕食 42 只团水虱, 对于团水虱的暴发具有一定的防治效果[19]。中华乌塘鳢具有典型的底栖穴居特性, 最大掘穴深度可达 20 cm[20-21], 远超蟹类等常见扰动生物的活动范围。中华乌塘鳢的生物扰动类型为再生型扰动者(Regenerators)和生物扩散者(bio–diffusers)相结合的扰动类型[13,22], 通过活动挖掘洞穴、翻动沉积物等方式, 显著改变沉积物的物理结构, 从而影响沉积物微生物的群落结构, 同时, 其体表分泌的黏液因富含抑菌与抗菌活性物质, 也能对沉积物微生物群落结构产生潜在影响[23-25]。基于上述特征, 本研究将重点探讨中华乌塘鳢的生物扰动对红树林沉积物微生物群落结构的重塑作用, 并探讨其对红树植物生长与生态功能的潜在调控作用。

本研究基于室内受控模拟, 设置不同密度的中华乌塘鳢放养实验, 并采用高通量测序技术分析表层沉积物与深层沉积物中的微生物群落结构, 旨在深入揭示中华乌塘鳢生物扰动对红树林沉积物微生物多样性及其生态功能的影响机制。

1 材料与方法

1.1 实验材料

红树林区域沉积物、秋茄(*Kandelia obovata*)幼苗采自福建福鼎(120.20849109°E, 27.23987193°N), 沉积物置于阴凉通风处风干后, 拣出砾石、落叶、底栖生物等。中华乌塘鳢幼鱼购自福建漳州养殖场, 平均体长为(10.0 ± 1)cm, 体重为(20.0 ± 2)g, 实验开始前在实验室内进行环境驯化。

1.2 实验过程

红树林室内受控模拟系统如图 1 所示, 桶底面积为 0.0746 m^2。每个系统内沉积物深度为 20 cm, 水深为 10 cm, 栽种秋茄幼苗 2 株。参考红树林地埋管网中华乌塘鳢保育研究的养殖

密度[26-27]，本实验设置 3 个中华乌塘鳢扰动组：对照组（0 g/m^3）、低密度组（2000 g/m^3）和高密度组（5333 g/m^3），每组设置 3 个重复。实验所用水体为人工配制海水，盐度为 15。采用定时定量投喂策略（每 3 d 投喂人工配合饲料 1 g/系统），并每周补充人工过滤海水以维持水体理化性质稳定。



图 1　实验装置示意

Fig. 1　Schematic diagram of the experimental apparatus

1.3　沉积物微生物收集和测序

经 30 d 放养实验后，分别采集对照组表层沉积物（B-C）、10 cm 处深度沉积物（S-C），低密度组表层沉积物（B-L）、10 cm 处深层沉积物（S-L）、高密度组表层沉积物（B-H）、10 cm 处深度沉积物（S-H）样本，经液氮速冻后，采用 PowerSoil DNA 试剂盒提取微生物总 DNA。采用超微量紫外分光光度计（NanoDrop—2000）测定所提取 DNA 的浓度，同时通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性与质量。以合格的基因组 DNA 为模板，扩增 16S rRNA 基因 V3—V4 高变区序列，所采用上游引物为 341F（5'–CCTACGGGNGGCWGCAG–3'），下游引物为 806R（5'–GACTACHVGGGTATCTAATCC–3'）。PCR 扩增体系总体积为 25 μL，包含 2×Taq PCR mix 12.5 μL、10 μmol/L 上下游引物各 1 μL 以及 1 μg DNA 模板，剩余体积用无菌双蒸水补足。PCR 扩增程序设置为：95 ℃ 预变性 3 min；94 ℃ 变性 30 s、56 ℃ 退火 30 s、72 ℃ 延伸 1 min，共 35 个循环；最后 72 ℃ 延伸 10 min，终止扩增反应。取 PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳验证扩增效果，随后对目标条带进行纯化回收与 DNA 定量，最终采用 Illumina NovaSeq PE250 平台完成双端测序。该工作委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.4　微生物群落分析

采用 mothur 软件[28]计算 α 多样性 Chao 1 指数、Shannon 指数等；采用 Wilcoxon 秩和检验进行 α 多样性的组间差异分析；采用线性判别分析（Linear Discriminant Analysis Effect Size，LEfSe）进行差异菌群筛选，以 LDA 得分>2 且 p<0.05 为筛选标准，确定不同组从门到属水平丰度显著差异的微生物类群；基于 Spearman 相关性（$|r|$>0.6、p<0.05）构建微生物共现网络；采用 FAPROTAX v. 1.1 进行微生物功能预测。

1.5　总氮、氨氮和亚硝态氮的测定

依据国家标准《海洋监测规范 第 4 部分：海水分析》（GB 17378.4—2007）对样品中的总氮（TN）、氨氮（NH_4-N）及亚硝态氮（NO_2-N）进行测定。

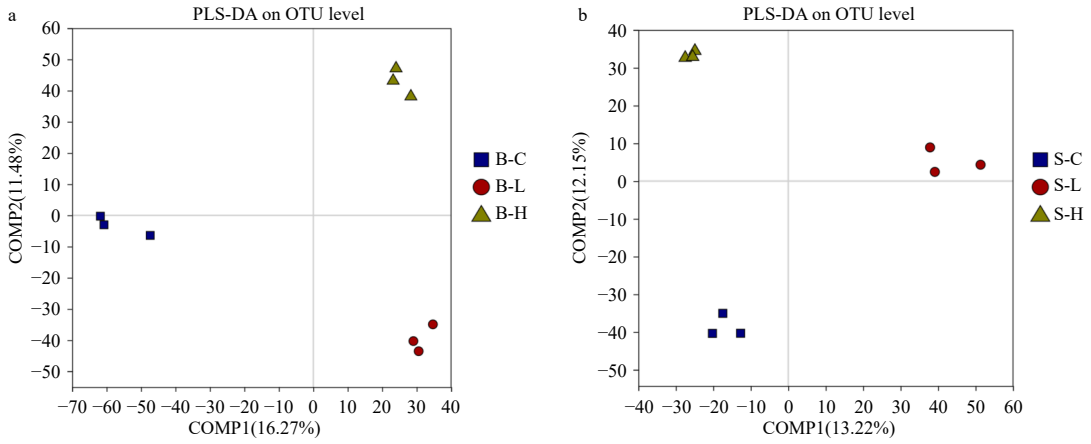
2　结果与讨论

2.1　结　果

2.1.1　微生物群落多样性分析

偏最小二乘判别分析（Partial least squares discriminant analysis，PLS-DA）结果表明，中华乌塘鳢的不同放养密度对沉积物微生物群落结构产生显著影响。以 OTU 水平为分析尺度，不同处理组的样本在坐标轴上形成了分离，可区分为 3 个类群（图 2）。结果表明，在对照组、低密度组和高密度组的表层及深层沉积物中，微生物群落组成存在明显差异，说明中华乌塘鳢生物扰动在群落结构重塑过程中具有重要作用。

基于 OTU 聚类分析的 α 多样性分析结果表明，不同放养密度对沉积物微生物群落多样性产生了影响（图 3）。在表层沉积物中，高密度组的 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao 1 指数均显著低于对照组和低密度组（p<0.05），表明高密度放养条件下微生物多样性和群落丰富度均有所下降。低密度组的 3 项指标均为最高值，但与对照组之间的差异未达到统计学显著水平。在深层沉积物中，微生物群落多样性变化较小。对照组的 Shannon 指数高于低密度组和高密度组，而低密度组的 ACE 指数、Chao 1 指数及 Simpson 指

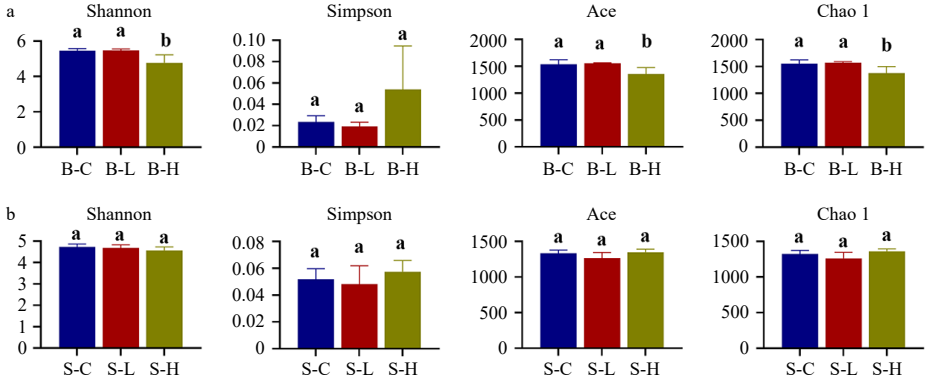


注: a.表层沉积物; b.深层沉积物

图 2 不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落组成的 PLS-DA 分析

Fig. 2 PLS-DA analysis of microbial community composition under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

数均为 3 组中最低。高密度组的 ACE、Chao 1 和 Simpson 指数均高于对照组和低密度组, 但 ACE、Chao 1 指数与对照组差异极小。总体而言, 各指标在深层沉积物中的差异未达到显著水平, 说明鱼类扰动对深层沉积物微生物多样性的影响较为有限。



注: a.表层沉积物; b.深层沉积物; 图柱上不同小写字母代表不同处理间差异(p<0.05)

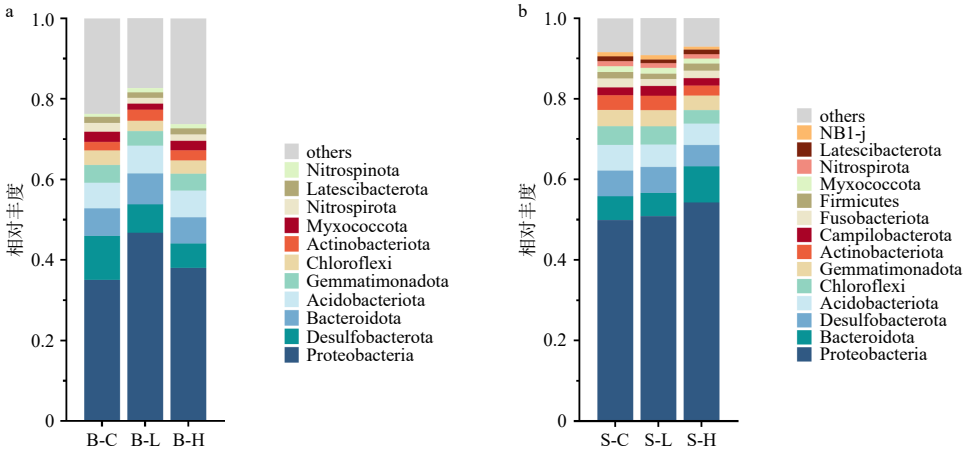
图 3 不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落的 α 多样性指数

Fig. 3 Alpha diversity indices of sediment microbial communities under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

2.1.2 微生物群落组成

门水平上的微生物组成分析结果表明, 表层沉积物微生物(图 4a)中相对丰度较高的类群依次为变形菌门(Proteobacteria)(对照组为 35.07%, 低密度组为 46.75%, 高密度组为 38.5%)、拟杆菌门(Bacteroidota)(对照组为 10.92%, 低密度组为 7.01%, 高密度组为 6.03%)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)(对照组为 6.83%, 低密度组为 7.68%, 高密度组为 6.54%); 深层沉积物(图 4b)中相对丰度较高的类群依次为变形菌门(对照组为 49.92%, 低密度组为 50.89%, 高密度组为 54.26%)、拟杆菌门(对照组为 5.89 %, 低密度组为 5.77%, 高密度组为 8.96%)、脱硫杆菌门(对照组为 6.37%, 低密度组为 6.42%, 高密度组为 5.31%)、酸杆菌门(Acidobacteriota)(对照组为 6.37%, 低密度组为 5.53%, 高密度组为 5.28%)、绿弯菌门(Chloroflexi)(对照组为 4.64%, 低密度组为 4.54%, 高密度组为 3.38%)。在表层沉积物中, 与对照组相比, 高密度组脱硫杆菌门、硝化螺旋菌门(Nitrospirota)、螺旋菌门(Spirochaetota)相

对丰度显著降低（p<0.05），低密度组变化趋势与高密度组一致，但无明显差异。在深层沉积物中，变形菌门、拟杆菌门的相对丰度随着生物扰动强度增加而升高；而脱硫杆菌和酸杆菌门则呈现相反的趋势，随着生物扰动强度增加而减少。

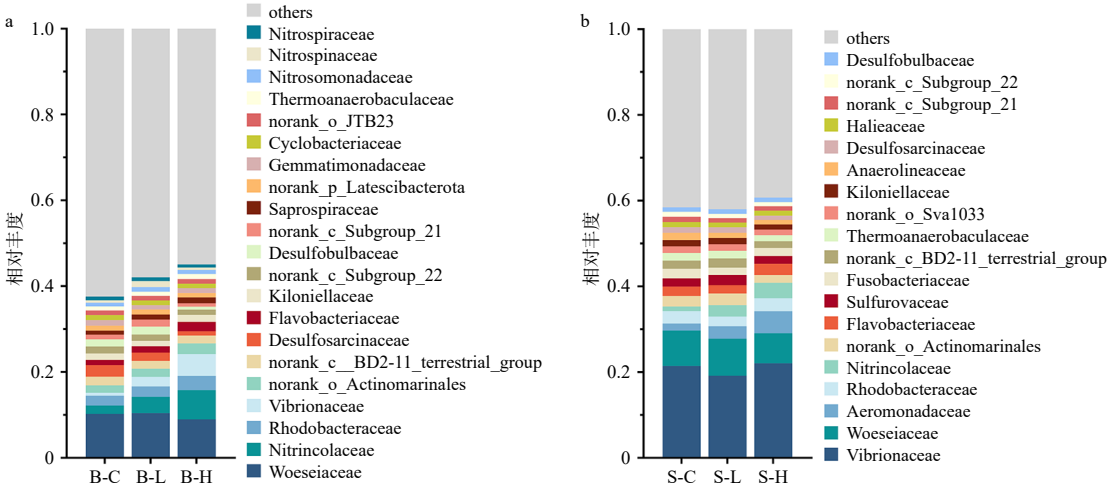


注：a.表层沉积物；b.深层沉积物

图 4　不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落在门水平上的结构组成

Fig. 4　Composition of sediment microbial communities at the phylum level under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

在科水平上，在表层沉积物中（图 5a），相对丰度较高的类群依次为伍斯菌科（Woeseiaceae）（对照组 10.26%、低密度组 10.42%、高密度组 8.96%）、硝化螺旋菌科（Nitrincolaceae）（对照组 1.94%、低密度组 3.81%、高密度组 6.82%）和红杆菌科（Rhodobacteraceae）（对照组 1.93%、低密度组 3.81%、高密度组 6.81%）；在深层沉积物中（图 5b），丰度较高的类群为弧菌科（Vibrionaceae）（对照组 21.46%、低密度组 19.18%、高密度组 22.06%）、伍斯菌科（对照组 8.23%、低



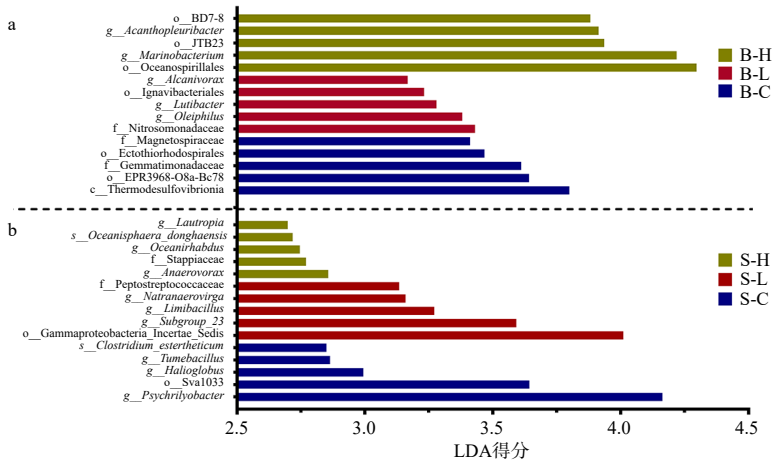
注：a.表层沉积物；b.深层沉积物

图 5　不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落在科水平上的结构组成

Fig. 5　Composition of sediment microbial communities at the family level under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

密度组 8.61%、高密度组 7.01%)和气单胞菌科(Aeromonadaceae)(对照组 1.64%、低密度组 2.91%、高密度组 5.14%)。与对照组相比,表层沉积物中脱硫杆菌门的脱硫球茎菌科(Desulfobulbaceae)(对照组 1.31%、低密度组 1.28%、高密度组 0.99%)在低密度组丰度提高,在高密度组相对丰度显著降低(p<0.05)。

LEfSe 分析结果表明,在表层沉积物(图 6a)中,磁螺菌科(Magnetospiraceae)、外硫红螺旋菌目(Ectothiorhodospirales)、芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)在对照组中富集;食烷菌属(*Alcanivorax*)、懒杆菌目(Ignavibacteriales)、烂泥杆菌属(*Lutibacter*)和亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)在低密度组富集;甲壳杆菌属(*Acanthopleuribacter*)、海小杆菌属(*Marinobacterium*)和海螺菌目(Oceanospirillales)在高密度组富集。在深层沉积物(图 6b)中,酯化梭菌(*Clostridium sentericum*)、*Tumeabacillus*、盐杆菌属(*Halioglobus*)、冷泥杆菌属(*Psychrilyobacter*)在对照组富集;消化链球菌科(Peptostreptococcaceae)、嗜盐厌氧杆菌属(*Natranaerovirga*)及泥芽孢杆菌属(*Limibacillus*)在低密度组聚集;劳特普罗式菌属(*Lautropia*)、东海大洋球菌种(*Oceanisphaera donghaensis*)、海洋拟单胞菌属(*Oceanirhabdus*)及斯塔普氏菌科(Stappiaceae)在高密度组聚集。



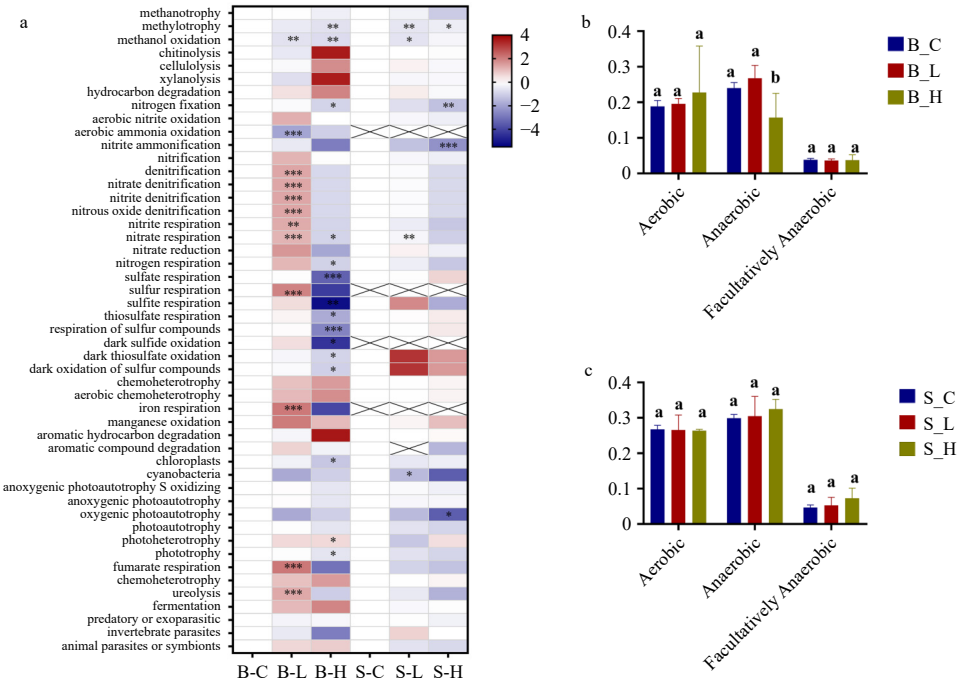
注: a.表层沉积物; b.深层沉积物

图 6 不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落差异类群的 LEfSe 分析

Fig. 6 LEfSe analysis of differential taxa in sediment microbial communities under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

2.1.3 微生物群落功能预测

FAPROTAX 功能分析结果(图 7a)表明,表层沉积物中微生物群落结构受中华乌塘鳢的生物扰动影响强于深层沉积物中。在表层沉积物中,低密度组的硝化(nitrification)、反硝化(包括 denitrification, nitrate denitrification, nitrite denitrification, nitrous oxide denitrification)、硝酸盐呼吸(nitrate respiration)、亚硝酸盐呼吸(nitrite respiration)和尿素分解(ureolysis)等通路显著升高(p<0.001);好氧氨氧化(aerobic ammonia oxidation)等通路显著下降(p<0.001)。高密度组硫酸盐呼吸(sulfate respiration, sulfur respiration, sulfite respiration, thiosulfate respiration, respiration of sulfur compounds)等通路显著下降(p<0.05)。在深层沉积物中,与对照组相比,甲烷氧化通路(methane oxidation)在高、低密度组均显著降低(p<0.05),固氮作用(nitrogen fixation)在高密度组显著下降(p<0.05)。BugBase 分析(图 7b、图 7c)显示,在表层沉积物中,高密度组厌氧菌相对丰度显著下降,而低密度组的好氧菌和厌氧菌与对照组之间没有显著差异。深层沉积物中,好氧菌相对丰度相对于对照组无明显变化,厌氧菌、兼性厌氧菌的相对丰度呈现随着扰动强度升高而增加的趋势,但未达到显著差异水平。



注：a. FAPROTAX 功能预测；b. BugBase 表型功能预测（表层沉积物）；c. BugBase 表型功能预测（深层沉积物）

图 7　不同密度中华乌塘鳢扰动下沉积物微生物群落功能预测

Fig. 7　Functional prediction of sediment microbial communities under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

2.1.4　不同生物扰动强度下沉积物微生物的共现网络分析

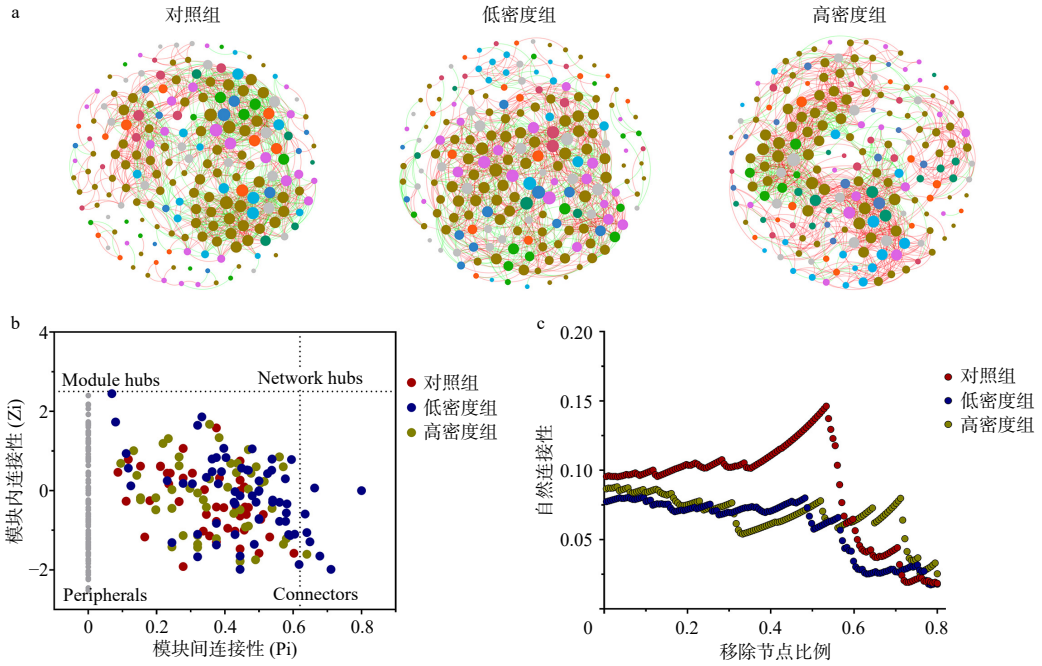
为了分析中华乌塘鳢生物扰动前后沉积物微生物群落差异，对其构建基于相对丰度相关性的微生物网络（图 8），并计算网络的主要拓扑性质（表 1）。对照组微生物网络包含 198 个节点和 1311 个边，其中负/正向边数比为 0.76；低密度组微生物网络包含 200 个节点和 1182 个边，其中负/正向边数比为 0.88；高密度组微生物网络包含 197 个节点和 1192 个边，其中负/正向边数比为 0.39。不同的负/正向边数比表明，低密度组沉积物微生物相对于对照组和高密度组更倾向于竞争关系，具有更强的稳定性。通过对不同强度扰动处理组共现网络拓扑结构的比较（图 8b）及网络稳健性分析可知，低密度组、高密度组与对照组的连接器（Connectors）数量分别为 7 个、0 个和 1 个；3 组微生物群落结构的稳健性整体差异较小，其中对照组的稳健性略优于低密度组与高密度组。

2.1.5　水体营养盐总氮、氨氮和亚硝酸盐测定

由表 2 可见，在表层水样中，低密度组（L）总氮浓度最高，高密度组（H）总氮浓度最低，总氮浓度随放养密度增加呈现先升高后降低的趋势；低密度组的亚硝酸盐浓度最低，高密度组亚硝酸盐浓度最高；高密度组的氨氮浓度最低。表层水样各指标差异均未达到显著水平。在间隙水样中，低密度组总氮浓度最高，高密度组总氮浓度最低，无显著差异；低密度组亚硝酸盐浓度最低，高密度组亚硝酸盐浓度最高，组间差异未达到显著水平；与对照组相比，低密度组氨氮浓度略有上升但无差异，高密度组氨氮浓度显著下降（p<0.05）。

2.2　讨　论

本研究基于对不同密度中华乌塘鳢放养对红树林沉积物微生物群落结构及其功能的影响分析，揭示了鱼类扰动在调控红树林底质微生物群落结构与氮循环功能中的重要作用。研究结果表明，适宜密度的中华乌塘鳢放养能够显著改变沉积物微生物群落组成，增强氮循环相关功能通路，有助于提高红树林生态系统的氮素利用效率并促进植物生长。结果证实了底栖鱼类作为关键生态工程物种的作用，同时弥补了以往研究对鱼类扰动对微生物与氮循环耦合效应关注不



注: a.不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落的共现网络图; b.根据网络节点的拓扑角色识别潜在的关键类群; c.各网络的自然连通性及随机节点移除后的稳定性分析; a 图中节点的大小表示物种丰度大小, 不同颜色表示不同的物种; 连线的颜色表示正负相关性, 红色表示正相关, 绿色表示负相关; 线的粗细表示相关性系数的大小, 线越粗, 表示物种之间的相关性越高; 线越多, 表示该物种与其他物种之间的联系越密切

图 8 不同密度中华乌塘鳢扰动下微生物群落稳定性分析

Fig. 8 Stability analysis of sediment microbial communities under different densities of *Bostrychus sinensis* bioturbation

表 1 沉积物微生物网络主要拓扑性质

Tab.1 Main topological properties of sediment microbial co-occurrence networks

网络属性 Network property	C	L	H
节点数量 Number of nodes	198	200	197
连接数量 Number of edges	1311	1182	1192
正相关边数 Number of positive edges	745	630	859
负相关边数 Number of negative edges	566	552	333
负/正向边数比 Negative/Positive Edge Ratio	0.76	0.88	0.39
连接密度 Edge density	0.034	0.03	0.031
平均度 Average degree	6.621	5.91	6.051
模块化 Modularity	0.569	0.519	0.622

表 2 表层水和间隙水氮营养盐浓度(mg/L)

Tab.2 Concentrations of nitrogen nutrients in surface water and pore water (mg/L)

mg/L		C	L	H
表层水(BW)	TN	0.710 ± 0.246	0.856 ± 0.196	0.454 ± 0.157
	NO_2-N	0.050 ± 0.004	0.039 ± 0.012	0.097 ± 0.064
	NH_4-N	0.448 ± 0.029	0.448 ± 0.013	0.315 ± 0.049
间隙水(PW)	TN	8.930 ± 1.160	8.957 ± 0.319	5.890 ± 1.350
	NO_2-N	6.594 ± 0.609	6.177 ± 1.28	8.404 ± 0.739
	NH_4-N	0.049 ± 0.010	0.051 ± 0.012	0.032 ± 0.002*

注: *表示差异性显著(p <0.05)

Note: *indicates significant differences among treatments at p<0.05

足的缺陷。

底栖动物的活动通过改变沉积物的理化特征及氧化还原条件, 对微生物的生境和群落结构产生深远影响[29-32]。不同的生物扰动类型与强度会造成不同的生态效应。例如, 在蟹类研究中, 不同的掘洞行为会改变沉积物的通气性、孔隙度及营养扩散过程, 从而塑造出差异化的微生物群落结构与功能[31,33]。中华乌塘鳢兼具“隧道扩散者”和“再生者”的扰动特征, 其洞穴多为 Y 形结构, 深度可超过 30 cm, 扰动范围广、持续时间长[34]。本研究发现, 该鱼类的活动显著改变了沉积物微生物的群落组成, 表层沉积物的响应尤为明显, 说明中华乌塘鳢主要通过生物扩散作用影响微生物分布。这种扰动有利于氧气和

营养物质在沉积物中的垂向交换，为需氧和兼性厌氧微生物创造了更加复杂的生境，进而推动群落的重组与功能分化。

氮素是红树林生态系统中的关键限制性营养元素，其生物地球化学循环高度依赖微生物的代谢作用[35-36]。已有研究表明，变形菌门（Proteobacteria）、硝化单胞菌科（Nitrosomonadaceae）和硝化螺旋菌科（Nitrospinaceae）在氮循环中起着重要作用，有利于植物生长[37-39]。中华乌塘鳢低密度放养组的变形菌门、硝化单胞菌科、硝化螺旋菌科的相对丰度升高，反硝化、硝酸盐呼吸和尿素分解等通路显著升高，提示生态系统内部氮素循环增强，对红树植物的生长具有潜在的促进作用[40]。其中，尿素分解功能的增强有助于将有机氮转化为氨，为红树植物和微生物提供可利用的氮源。此外，低密度组中微生物群落网络的负/正向边数比较高，表明群落竞争性增强、稳定性提高[41-42]。这说明适度的中华乌塘鳢扰动在促进微生物群落结构优化的同时，还可能进一步提高氮素循环过程的效率，并增强微生物群落内部的稳健性与抗干扰能力，提高系统的生态功能稳定性。

相较之下，高密度放养组中微生物群落结构发生了显著变化，但未观察到变形菌门丰度上升或氮循环活性增强。相反，该组的 α 多样性下降、硫代谢通路活性减弱、负/正向边数比下降等变化，说明微生物功能趋向单一化，提示沉积物微生物群落结构向不利于红树植物生长的方向重塑[43-44]。这一现象可能与高强度扰动导致的沉积物结构破坏、氧化还原波动过大及营养不均衡有关。已有研究指出，沉积物对底栖动物的承载能力有限，过度扰动会破坏系统平衡，降低生态稳定性[45-46]。因此，过高密度的中华乌塘鳢对沉积物微生物和红树植物的生长并不会起到有利作用，适宜密度的中华乌塘鳢放养更有利于维持微生物多样性与生态系统功能的稳定。

尽管本研究揭示了中华乌塘鳢扰动对红树林沉积物微生物结构及氮循环功能的重要影响，但仍存在一定的局限性。首先，本文主要依赖功能预测模型推测微生物对氮循环的影响，未来可利用宏基因组、宏转录组及代谢组学，结合 ^{15}N 同位素示踪技术，对关键功能基因与作用通路进行直接验证。其次，实验环境较为封闭，未能充分考虑潮汐、沉积物流动等自然扰动因素，因此后续研究应采用原位长期观测实验进一步验证。此外，不同红树植物类型和底质结构可能导致扰动效应有所差异，需要在多地区、多尺度条件下进行比较分析。

3　结 论

（1）本研究通过室内受控模拟实验，分析了中华乌塘鳢生物扰动对红树林沉积物微生物群落的影响。结果表明，中华乌塘鳢的生物扰动明显改变沉积物微生物群落的优势菌群、α 多样性、β 多样性、结构稳定性及群落功能；表层沉积物微生物的变化幅度要大于深层沉积物，这可能与中华乌塘鳢生物扰动类型和扰动深度有限有关。

（2）不同密度的中华乌塘鳢放养对沉积物微生物群落结构的影响存在明显差异。较低放养密度（2000 g/m^3）可促进沉积物微生物的反硝化、硝酸盐呼吸及尿素分解通路，强化沉积物氮素循环过程；同时提升微生物群落的稳健性与抗干扰能力，对红树植物生长以及沉积物环境具有潜在正向效应。而过高的放养密度则会带来 α 多样性下降、硫代谢通路活性减弱等负面影响，破坏生态系统平衡。

（3）适宜密度的中华乌塘鳢能够优化红树林沉积物微生物群落结构，对红树植物生长具有潜在的促进作用。在未来红树林生态修复工程中，可将中华乌塘鳢作为潜在生态调控物种，通过合理密度放养，助力红树林生态系统功能恢复，提升生态修复成效。

参考文献：

[1] Wang Y S, Gu J D. Ecological responses, adaptation and mechanisms of mangrove wetland ecosystem to global climate change and anthropogenic activities[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2021, 162: 105248.

[2] Ouyang X G, Guo F, Lee S Y, et al. Mangrove restoration in China's tidal ecosystems[J]. Science, 2024, 385(6711): 836.

[3] Lee S Y, Hamilton S, Barbier E B, et al. Better restoration policies are needed to conserve mangrove ecosystems[J]. Nature Ecology & Evolution, 2019, 3(6): 870-872.

[4] 杨盛昌, 陆文勋, 邹 祯, 等. 中国红树林湿地: 分布、种类组成及其保护 [J]. 亚热带植物科学, 2017, 46(4): 301-310.
[5] Lewis R R. Ecological engineering for successful management and restoration of mangrove forests[J]. Ecological Engineering, 2005, 24(4): 403-418.
[6] 李瑞利, 杨 芳, 王 辉, 等. 红树林保护与修复标准发展现状及对策 [J]. 北京大学学报 (自然科学版), 2022, 58(5): 916-928.
[7] Wang W Q, Fu H F, Lee S Y, et al. Can strict protection stop the decline of mangrove ecosystems in China? From rapid destruction to rampant degradation[J]. Forests, 2020, 11(1): 55.
[8] Kodikara K A S, Mukherjee N, Jayatissa L P, et al. Have mangrove restoration projects worked? An in-depth study in Sri Lanka[J]. Restoration Ecology, 2017, 25(5): 705-716.
[9] 沈小雪, 关淳雅, 王 茜, 等. 红树林生态开发现状与对策研究 [J]. 中国环境科学, 2020, 40(9): 4004-4016.
[10] Elliott M, Mander L, Mazik K, et al. Ecoengineering with ecohydrology: successes and failures in estuarine restoration[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2016, 176: 12-35.
[11] Alsharif S M, Ismaeil M, Saeed A M, et al. Metagenomic 16S rRNA analysis and predictive functional profiling revealed intrinsic organohalides respiration and bioremediation potential in mangrove sediment[J]. BMC Microbiology, 2024, 24(1): 176.
[12] Qian Z H, Li Y Y, Pratush A, et al. A comparative analysis of the microbial communities and functional genes of the nitrogen cycling in mangroves of China, Indian and Malaysia[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2024, 190: 105767.
[13] 花修艺, 赵 宇, 付欣妍, 等. 生物扰动对沉积物—水界面附近污染物环境行为及生物地球化学过程的影响 [J]. 吉林大学学报 (理学版), 2025, 63(1): 271-285.
[14] Booth J M, Fusi M, Marasco R, et al. The microbial landscape in bioturbated mangrove sediment: a resource for promoting nature-based solutions for mangroves[J]. Microbial Biotechnology, 2023, 16(8): 1584-1602.
[15] Fusi M, Booth J M, Marasco R, et al. Bioturbation intensity modifies the sediment microbiome and biochemistry and supports plant growth in an arid mangrove system[J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(3): e01117-22.
[16] Cheng H, Jiang Z Y, Ma X X, et al. Nitrogen dynamics in the mangrove sediments affected by crabs in the intertidal regions[J]. Ecotoxicology, 2020, 29(6): 669-675.
[17] Fang J H, Yin B X, Wang X, et al. Clamworm bioturbation reduces mercury methylation through alteration of methylator composition in sediment[J]. Environmental Pollution, 2025, 371: 125947.
[18] 钟爱华, 李明云. 中华乌塘鳢的生物学特性及人工育苗研究进展 [J]. 浙江海洋学院学报 (自然科学版), 2002, 21(3): 269-272.
[19] 范航清, 刘文爱, 钟才荣, 等. 中国红树林蛀木团水虱危害分析研究 [J]. 广西科学, 2014, 21(2): 140-146,152.
[20] Hong W S, Chen S X, Zhang Q Y, et al. Sex organ extracts and artificial hormonal compounds as sex pheromones to attract broodfish and to induce spawning of Chinese black sleeper (*Bostrichthys sinensis* Lacépède)[J]. Aquaculture Research, 2006, 37(5): 529-534.
[21] Wang H J, Lin H D, Zhang L Y, et al. Development and characterization of 20 microsatellite markers for Chinese black sleeper, *Bostrychus sinensis*[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2011, 12(12): 9570-9575.
[22] Kristensen E, Penha-Lopes G, Delefosse M, et al. What is bioturbation? The need for a precise definition for fauna in aquatic sciences[J]. Marine Ecology Progress Series, 2012, 446: 285-302.
[23] Hussain A, Ghosh Sachan S. Evaluation of the antimicrobial efficacy of epidermal mucus extract from air-breathing fish (*Channa punctatus*) and identification of the peptides serving as immune components[J]. International Journal of Peptide Research and Therapeutics, 2024, 30(1): 4.
[24] Díaz-Puertas R, Adamek M, Mallavia R, et al. Fish skin mucus extracts: an underexplored source of antimicrobial agents[J]. Marine Drugs, 2023, 21(6): 350.
[25] Ángeles Esteban M. An overview of the immunological defenses in fish skin[J]. ISRN Immunology, 2012: 853470.
[26] 莫兆莉. 中华乌塘鳢地埋式管网系统保育基础研究 [D]. 南宁: 广西大学, 2015.
[27] 粟 文, 韩维栋, 谢恩义, 等. 湛江红树林区地埋管网系统中华乌塘鳢保育研究 [J]. 南方水产科学, 2018, 14(4): 66-71.
[28] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(23): 7537-7541.
[29] Suárez-Moo P, Remes-Rodríguez C A, Márquez-Velázquez N A, et al. Changes in the sediment microbial community structure of coastal and inland sinkholes of a karst ecosystem from the Yucatan peninsula[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 1110.
[30] Pestana D F, Pülmanns N, Nordhaus I, et al. The influence of crab burrows on sediment salinity in a *Rhizophora*-dominated mangrove forest in North Brazil during the dry season[J]. Hydrobiologia, 2017, 803(1): 295-305.
[31] Agusto L E, Fratini S, Jimenez P J, et al. Structural characteristics of crab burrows in Hong Kong mangrove forests and their role in ecosystem engineering[J]. Estuarine, Coastal and

Shelf Science, 2021, 248: 106973.

[32] Wu C J, Wu H T, Liu D D, et al. Crab bioturbation significantly alters sediment microbial composition and function in an intertidal marsh[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2021, 249: 107116.

[33] Min W W, Kandasamy K, Balakrishnan B. Crab species-specific excavation and architecture of burrows in restored mangrove habitat[J]. Journal of Marine Science and Engineering, 2023, 11(2): 310.

[34] 苏治南, 倪　翔, 范航清, 等. 广西珍珠湾红树林区中华乌塘鳢的时空分布特征 [J]. 广西科学院学报, 2021, 37(3): 232-239.

[35] Yu X L, Tu Q C, Liu J H, et al. Environmental selection and evolutionary process jointly shape genomic and functional profiles of mangrove rhizosphere microbiomes[J]. mLife, 2023, 2(3): 253-266.

[36] Mishra S, Zhang X X, Yang X D. Plant communication with rhizosphere microbes can be revealed by understanding microbial functional gene composition[J]. Microbiological Research, 2024, 284: 127726.

[37] Nunes-Alves C. Do it yourself nitrification[J]. Nature Reviews Microbiology, 2016, 14(2): 61.

[38] Cai M W, Ng S K, Lim C K, et al. Physiological and metagenomic characterizations of the synergistic relationships between ammonia- and nitrite-oxidizing bacteria in freshwater nitrification[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 280.

[39] Kop L F M, Koch H, Jetten M S M, et al. Metabolic and phylogenetic diversity in the phylum *Nitrospinota* revealed by comparative genome analyses[J]. ISME Communications, 2024, 4(1): ycad017.

[40] Mancuso C P, Lee H, Abreu C I, et al. Environmental fluctuations reshape an unexpected diversity-disturbance relationship in a microbial community[J]. eLife, 2021, 10: e67175.

[41] Coyte K Z, Schluter J, Foster K R. The ecology of the microbiome: networks, competition, and stability[J]. Science, 2015, 350(6261): 663-666.

[42] Foster K R, Bell T. Competition, not cooperation, dominates interactions among culturable microbial species[J]. Current Biology, 2012, 22(19): 1845-1850.

[43] Mo S M, He S, Sang Y M, et al. Integration of microbial transformation mechanism of polyphosphate accumulation and sulfur cycle in subtropical marine mangrove ecosystems with *Spartina alterniflora* invasion[J]. Microbial Ecology, 2023, 85(2): 478-494.

[44] Kamaleson S, Gonsalves M J. Role of sulfur-oxidizing bacteria on the ecology in tropical mangrove sediments[J]. Regional Studies in Marine Science, 2019, 28: 100574.

[45] Arya D B, Vincent S G T, Godson P S. Benthic biotopes: abiotic and biotic factors in the sediment[M]//Godson P S, Vincent S G T, Krishnakumar S. Ecology and Biodiversity of Benthos. Amsterdam: Elsevier, 2022.

[46] Morelle J, Braeckman U, Van Colen C, et al. Antagonistic impacts of benthic bioturbator species: interconnected effects on sedimentary properties, biogeochemical variables, and microbial dynamics[J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2024, 574: 152000.