

DOI: 10.3724/j.1007-6336.2025-0039

互花米草入侵对南通滩涂湿地环境微生物群落及文蛤养殖的影响

李 多, 王亦我, 吉红九, 陈玉生, 赵永超,
赵永磊, 陈淑吟

(江苏省海洋水产研究所, 江苏 南通 226007)

摘 要: 本文探究了南通滩涂湿地互花米草入侵对环境因子的改变程度, 查明了影响微生物群落构成的主导环境因子, 剖析了互花米草未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区中土壤微生物群落的差异, 采用 16 s 扩增子测序分析了不同区域环境微生物群落结构及多样性, 讨论了互花米草入侵对文蛤滩涂养殖的影响。结果显示, 互花米草入侵改变了原滩涂文蛤潜砂环境, 引起了主要环境因子温度的显著降低以及盐度、溶氧浓度、硝酸盐浓度和氨氮浓度的显著升高 ($p < 0.05$), 导致了不同区域微生物群落的结构变化, 但未形成显著性差异 ($p > 0.05$), 完全入侵区土壤微生物群落多样性和丰度与未入侵区存在显著性差异 ($p < 0.05$), 脱硫杆菌门丰度显著升高 ($p < 0.05$), 酸杆菌门丰度显著降低 ($p < 0.05$)。研究表明, 互花米草入侵在环境及微生物层面不利于文蛤生长, 使入侵区文蛤种群数量大幅下降。

关键词: 互花米草入侵; 滩涂湿地; 环境微生物群落; 环境因子; 文蛤养殖

中图分类号: X171

文献标识码: A

文章编号: 1007-6336(2026)02-0245-09

Effects of *Spartina alterniflora* invasion on environmental microbial community and *Meretrix meretrix* aquaculture in Nantong mudflat wetland

Li Duo, Wang Yiwo, Ji Hongjiu, Chen Yusheng, Zhao Yongchao,
Zhao Yonglei, Chen Shuyin

(Jiangsu Marine Fisheries Research Institute, Nantong 226007, China)

Abstract: This study investigated the extent of environmental changes caused by *Spartina alterniflora* invasion in the intertidal mudflat wetlands of Nantong, identified the key environmental factors shaping microbial community composition, and analyzed differences in microbial communities across non-invaded, partially invaded, and fully invaded zones. Using 16S rRNA gene amplicon sequencing, we examined the structure and diversity of microbial communities in different areas, and assessed the impact of *S. alterniflora* invasion on *Meretrix meretrix* mudflat aquaculture. Results showed that the invasion altered the original sand-burrowing habitat of *M. meretrix*, significantly reducing temperature while increasing salinity, dissolved oxygen concentration, nitrate concentration, and ammonia concentration ($p < 0.05$). Although microbial communities exhibited structural changes across regions, these were not statistically significant overall ($p > 0.05$). However, significant differences in diversity and abundance of microbial communities were observed between fully

收稿日期: 2025-02-22, 修订日期: 2025-04-22

基金项目: 农业农村部项目(国家贝类产业技术体系, CARS-49); 江苏省自然资源发展专项资金项目(JSZRHYKJ202109); 南通市科技计划项目(MSZ2023066)

作者简介: 李 多(1989—), 男, 江苏南通人, 工程师, 硕士, 研究方向为海洋滩涂生物增殖, E-mail: 13646261051@163.com

通信作者: 赵永超(1986—), 男, 山东日照人, 高级工程师, 博士, 研究方向为海洋滩涂生物增殖, E-mail: zhaoyongchao883@163.com

invaded and non-invaded zones ($p < 0.05$), with increased abundance of Desulfobacterota and decreased abundance of Acidobacteriota($p < 0.05$). These findings suggest that *S. alterniflora* invasion negatively affects *M. meretrix* by altering environmental and microbial conditions, leading to a marked decline in its population within the invaded areas.

Key words: *Spartina alterniflora* invasion; mudflat wetland; environmental microbial community; environmental factors; *Meretrix meretrix* aquaculture

米草属植物广泛分布于西太平洋沿岸,可以显著改变当地的生态系统,包括生物群落、栖息地和生物地球化学循环。互花米草(*Spartina alterniflora*)是其中的典型代表,原产于北美大西洋和墨西哥湾沿岸,1979 年被引入国内,用于保护填海土地免受海洋侵蚀,并获得更多的土地资源^[1]。由于互花米草具有侵略性生长特性和强大的竞争能力,在过去的几十年里,互花米草盐沼的入侵面积在我国东部沿海地区迅速扩张^[1],逐渐取代了当地的盐地碱蓬(*Suaeda salsa*),成为江苏等地沿海潮滩的优势物种^[2]。这种入侵可以通过其碎屑贡献和根际活动对环境产生重大影响,不仅改变了入侵地区的水文特征和沉积物的化学、物理组成,还影响了环境微生物的多样性和分布^[3]。

滩涂贝类生活在富含微生物的潮间带区域,其体内微生物的组成与环境微生物类型和数量密切相关^[4]。大量研究表明,环境微生物群体与水产动物的健康和生理性能之间存在密切关系,对其生长、发育、内稳态的维持甚至进化都具有重要作用^[5],同时,微生物群落结构会影响贝类对微生物疾病的敏感性和自身存活率^[6]。

以上研究主要集中在互花米草入侵对环境的影响及环境微生物对滩涂贝类的影响,而关于互花米草入侵对贝类养殖的影响鲜见报道。实际上,近年来互花米草入侵及向陆、海的双向扩张快速蔓延^[7],影响了沿海滩涂贝类养殖,而文蛤作为江苏省南通市如东县的特色滩涂养殖贝类^[8],受互花米草入侵影响尤为严重。

因此,本文选取南通互花米草入侵区域和周边文蛤养殖区域作为研究区域,以各区域微生物群落为研究对象,结合不同入侵区的生境特征,对比分析其群落结构及分布特征,了解互花米草入侵与群落结构以及环境因子之间的响应关系,探究群落结构变化对文蛤养殖的影响,同时也为

被外来植物入侵的湿地生态系统的保护与恢复提供科学依据,以期实现文蛤养殖滩涂生境适宜性改善和生态服务功能提升。

1 材料与方法

1.1 研究区域与采样点

研究区域位于江苏省南通市如东县长沙镇滨海村滩涂湿地(32°23'32"E, 121°26'38"N),该地区位于北部暖温带-亚热带过渡区,年平均气温为 13.9 ℃,年降雨量为 929.0 mm。参照 Neira 等^[9]和 Tang 等^[10]的研究成果,以互花米草的生长密度、植株高度和文蛤密度等参数区分互花米草入侵程度,将研究区域划分为 3 个入侵区,分别为未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区。其中,文蛤现养殖区即未入侵区设 3 个采样点(A1、A2、A3)、互花米草未完全入侵区设 3 个采样点(B1、B2、B3)、完全入侵区设 3 个采样点(C1、C2、C3),每个区域间隔 500 m 以上。表 1 为不同区域互花米草的入侵程度,图 1 为研究区域地理位置及采样区域划分示意。

表 1 各区域互花米草入侵程度
Tab.1 The degree of invasion of *Spartina alterniflora* in different regions

入侵区域	互花米草 密度/ind·m ⁻²	互花米草植 株高度/cm	文蛤密度/ ind·m ⁻²
未入侵区	-	-	200±45
未完全入侵区	70±11	79.50 ± 5.50	20±8
完全入侵区	130 ±23	132.50 ± 14.86	-

注:“-”表示未统计到数据

1.2 样品采集与处理

2023 年 8 月在以上区域采集样品。人员分 3 组同时采样,确保采样时间一致,未入侵区各采样点的间距约为 1 km,未完全入侵区和完全入侵区各采样点的间距约为 500 m。采用五点取样法用定量样框采集表层以下 5 ~ 10 cm 的土

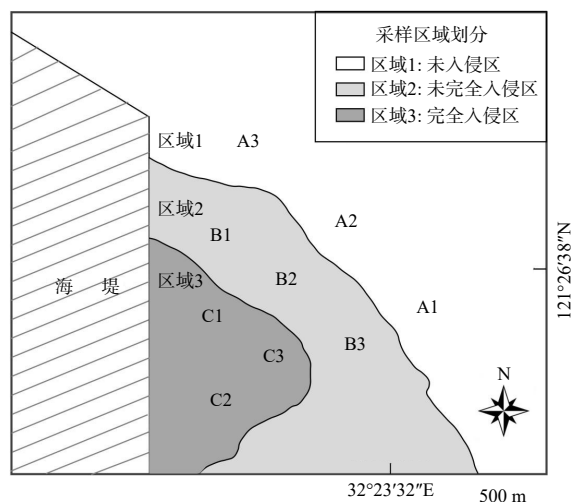


图1 采样区域划分示意

Fig. 1 Schematic diagram of sampling region division

壤样品,样品充分混匀后用无菌样品袋进行收集,每个样品重复3次。使用液氮对以上样品速冻3~5 min后转移至-80℃冰箱中保存,用于后续16s rDNA v4区域测序。所有样品采集与保存工作均根据《海洋调查规范 第6部分:海洋生物调查》(GB/T 12763.6—2007)进行。

1.3 理化因子测定

理化因子的测定与土壤样品的采集同步进行,每个指标重复3次。土壤间隙水的温度(T)、盐度(SAL)和溶解氧(DO)利用YSI Pro SSD现场测定,土壤酸碱度(pH)利用笔式pH计现场测定;亚硝酸盐(NO_2^-)、硝酸盐(NO_3^-)和氨氮(NH_4^+)利用LACHAT QuikChem 8500S2流动注射分析仪测定;化学需氧量(COD)采用碱性高锰酸钾法测定。

1.4 高通量测序

1.4.1 样品DNA提取与PCR扩增、纯化

采用SDS-CTAB法对土壤样品的基因组DNA进行提取,使用NanoDrop 2000分光光度计检测DNA纯度和浓度,并采用1%浓度琼脂糖凝胶电泳检测所提取DNA的完整性。结果显示,条带完整性好,清晰无拖尾。最后取适量基因组DNA置于离心管,用无菌水稀释至1 ng/ μL 保存。

以稀释后的DNA为模板,使用带有barcode的特异性引物,Phusion® High-Fidelity PCR

Master Mix with GC Buffer和高效高保真酶对土壤样品的16Sv4区域进行PCR扩增,其中上游引物为515F:GTGCCAGCMGCCGCGGTAA,下游引物为806R:GGACTACHVGGGTWTCTAAT。采用2%浓度琼脂糖凝胶电泳对PCR产物进行检测后,对目标条带进行产物回收。

1.4.2 文库构建与上机测序

使用NEBNext® Ultra™ IIDNA Library Prep Kit建库试剂盒进行文库构建,将构建好的文库进行Qubit和Q-PCR定量;待文库合格后,使用NovaSeq 6000进行上机测序。

1.4.3 数据过滤及物种注释

根据barcode进行拆分获得每个样品的原始数据,并去除barcode和引物,随后通过FLASH软件对R1和R2序列数据进行拼接。对拼接的Tags进行质控,得到Clean Tags,再进行嵌合体过滤,得到可用于后续分析的有效数据。使用DADA2降噪后得到ASVs(Amplicon Sequence Variants)序列,并对每个ASV使用预先训练好的Naive Bayes分类器进行物种注释。

1.5 数据处理

使用SPSS Statistics 22.0软件对试验数据进行整理及统计分析,使用Qiime 2软件进行扩增子测序数据处理及相关生物多样性统计分析。结合高通量测序所得微生物群落结构与所测定的环境因子数据,应用Canoco软件完成RDA(redundancy analysis)分析,探究群落结构与环境因子间的相关性。

2 结果与讨论

2.1 结果

2.1.1 不同入侵区域滩涂湿地文蛤生长情况

测量了不同入侵区域文蛤的生长数据,统计得出各区域文蛤的生长情况(表2)。由于在完全入侵区只发现空壳,未发现文蛤活体,因此未统计粒重、密度。结果显示,未入侵区的文蛤壳长、壳高、壳宽、存活率均显著高于未完全入侵区和完全入侵区($p<0.05$),粒重、密度均显著高于未完全入侵区($p<0.05$);未入侵区文蛤存活率超过95%,壳长、粒重等经济性性状均达到上市规格,且生长密度较高;随着互花米草入侵程度的

表 2 各区域文蛤生长情况
Tab.2 The growth status of *Meretrix meretrix* in different regions

入侵区域	壳长/cm	壳高/cm	壳宽/cm	粒重/g	密度/ind·m ⁻²	存活率/%
未入侵区	4.71±0.56a	3.83±0.33a	2.28±0.20a	29.51±2.03a	200±45a	95.18 a
未完全入侵区	2.54±1.37b	2.19±1.18b	1.24±0.97b	3.30±1.14b	20±8b	7.17 b
完全入侵区	2.61±1.29b	2.24±0.94b	1.29±0.71b	-	-	0 c

注: 同列数值(mean±SE)中标的不同小写字母表示差异显著($p<0.05$), “-”表示未统计到数据

加深, 未完全入侵区文蛤生长情况不佳, 区域内出现文蛤大量死亡现象, 存活率低于 10%, 且生长密度较低。

2.1.2 高通量测序结果

采用高通量测序技术对未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区的土壤微生物进行测序, 对测

序所得序列进行拼接、质控、嵌合体过滤, 得到有效数据, 用于开展后续分析。结果显示, 9 个采样点样品文库的 16s rDNA 有效序列数目为 63 283 ~ 80 861 条, 样品有效率为 85.89% ~ 90.57%, 说明测序结果能够反映样本的真实情况(表 3)。通过 chao1 指数进行稀释曲线分析(图 2a), 发现

表 3 各区域 16 s 扩增子测序结果
Tab.3 Sequencing results of 16s Amplifiers in sediment of all regions

样品	原始序列	拼接序列	有效序列	碱基数	Q30	有效率/%
A	1 77 060	75 865	68 849	17 428 216	98.24	89.34
	2 90 144	89 185	80 861	20 465 527	98.12	89.70
	3 88 542	86 495	78 271	19 811 832	98.23	88.40
B	1 85 934	85 301	77 833	19 702 367	98.22	90.57
	2 73 429	70 886	63 283	16 014 036	98.16	86.18
	3 82 677	81 357	71 008	17 976 521	98.18	85.89
C	1 84 116	82 528	73 216	18 532 950	97.97	87.04
	2 79 147	79 086	71 384	18 064 183	98.18	90.19
	3 86 237	83 277	74 547	18 867 895	98.15	86.44

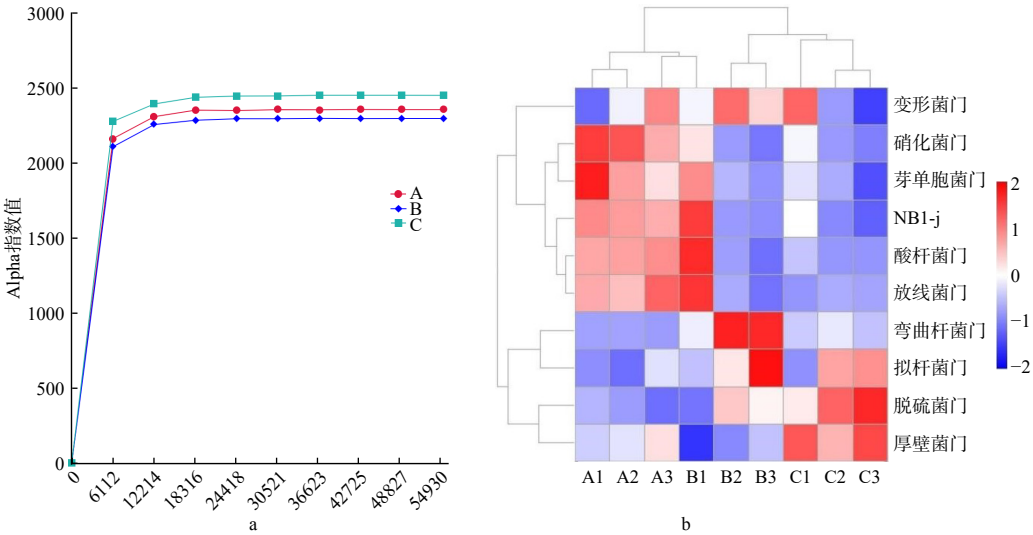


图 2 chao1 指数稀释曲线(a)及门水平聚类热图(b)

Fig. 2 Chao1 index dilution curve(a)and Phyla level cluster thermogram(b)

各个样本曲线均趋向平坦,说明测序数据量合理,因此测序所得序列能够完全展示样品微生物群落多样性,属水平聚类热图则证实不同环境样品间区分度较高(图 2b)。

2.1.3 不同入侵区域滩涂湿地微生物群落 ASVs 分布

花瓣图可以表明不同样品中所共有的和特有的 ASVs 数目,能够直观地表现出不同样品的 ASVs 组成相似性和重叠情况,并分析出互花米草入侵对滩涂湿地微生物群落多样性的影响。由图 3 可知,未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区特有的 ASVs 分别为 2185 个、2324 个和 2706 个;未入侵区和未完全入侵区共有的 ASVs 为 2065 个,未完全入侵区和完全入侵区共有的 ASVs 为 2083 个,未入侵区和完全入侵区共有的 ASVs 为 1662 个;3 个区域共有的 ASVs 为 1129 个。由此可知,互花米草入侵之后,滩涂湿地出现了新的物种,且互花米草未完全入侵区和完全入侵区微生物群落多样性均发生了较大改变。

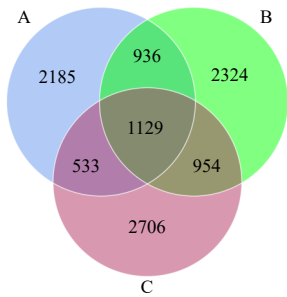


图 3 互花米草入侵前后微生物群落 ASVs 花瓣分布

Fig. 3 Petal map of microbial community ASVs distribution before and after invasion of *Spartina alterniflora*

2.1.4 不同入侵区域微生物群落多样性分析

各区域不同样品 α 多样性指数由 chao1、observed_otus、shannon 和 pielou_e 4 种指数构成,其中 chao1 和 observed_otus 指数用于评估微生物群落丰度,shannon 指数用于评估微生物群落多样性,pielou_e 指数用于评估物种均匀度。由图 4 可知,4 项 α 多样性指数在未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区均呈现升高的趋势。具体表现为在互花米草入侵初期,区域内 α 多样

性指数有所降低,但差异不显著,随着互花米草入侵的深入,区域内 α 多样性指数提升,且与未入侵区及未完全入侵区均存在显著性差异 ($p < 0.05$)。

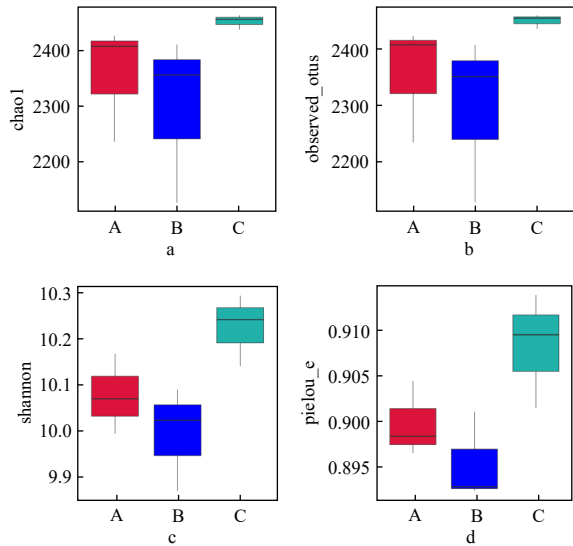


图 4 各区域 α 多样性指数

Fig. 4 Alpha diversity index of all regions

通过绘制 PCoA 分析图,分析互花米草入侵对湿地微生物群落的影响,图 5 中各个点代表 3 个采样区域的不同样品,各个点的距离越近,表示微生物群落结构越相似,反之则差异性越大。如图 5 所示,9 个样品可以聚集为 3 个相似群落,显示出较好的生物学重复性。分析发现,未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区的样品在 PC1(贡献率为 19.8%)和 PC2(贡献率为

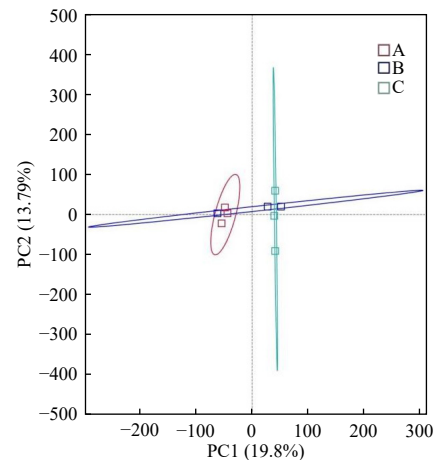


图 5 各区域 PCoA 分析

Fig. 5 PCoA analysis of all regions

13.79%)方向均高度收敛,说明样品组内微生物群落结构相似度较高。未入侵区和完全入侵区距离较远,组间差异较大,而未完全入侵区作为另外两个区域的过渡区域,分别有 1 个和 2 个点与其他样品距离较近。PCoA 分析结果表明,互花米草入侵改变了滩涂湿地微生物群落结构,且这种改变表现出明显的连续性。

2.1.5 不同入侵区域微生物群落结构及多样性

根据物种注释的结果,选取每个样品在门分类水平上丰度排名前 10 的物种,生成 Top10 物种相对丰度柱形累加图(图 6)。如图 6 所示,未入侵区所特有的 2185 个 ASVs 分属于 53 门,未完全入侵区所特有的 2324 个 ASVs 分属于 58 门,完全入侵区所特有的 2706 个 ASVs 分属于 61 门。相对丰度较高的门分别为变形菌门(Proteobacteria)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、弯曲杆菌门(Campilobacterota)、硝化菌门(Nitrospirota)、放线菌门(Actinobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、厚壁菌门(Firmicutes)和 NB1-j。变形菌门、脱硫杆菌门、酸杆菌门和拟杆菌门等 4 个门占比之和在不同样品中均高于 56%,在未入侵区、未完全入侵区和完全入侵区的占比分别为 58.27%、64.41% 和 68.26%,说明互花米草入侵对微生物群落门水平的组成整体改变并不大,但具体到每一个门,互花米草入侵的影响并不一致,主要表现在脱硫杆菌门相对

丰度显著升高,酸杆菌门相对丰度显著降低($p<0.05$)。

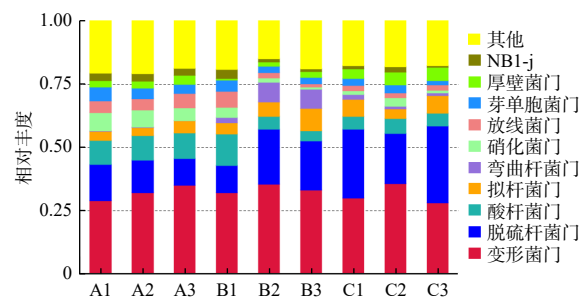


图 6 各区域门水平相对丰度

Fig. 6 Phyla level relative abundance of all regions

2.1.6 群落结构与环境因子相关性分析

土壤的环境因子测定结果(表 4)显示,在不同采样点的比较中,除 pH 和 NO₂-N 的结果没有明显差异外,其余环境因子测定结果均存在显著性差异($p<0.05$),大体上呈现未入侵区<未完全入侵区<完全入侵区的现象。

为探究造成微生物群落结构之间存在差异的原因,对土壤微生物群落丰度与环境因子做 Spearman 相关性分析(图 7)。由图 7 可知,土壤微生物群落不同门的丰度与土壤的温度、盐度、DO、NO₃⁻、NH₄⁺以及 COD 存在相关性,厚壁菌门的相对丰度与 COD、NH₄⁺呈显著正相关关系($p<0.05$),芽单胞菌门、放线菌门和硝化菌门的相对丰度与 COD、SAL、*T* 呈显著负相关关系($p<0.05$),脱硫杆菌门的相对丰度与 COD、SAL、*T* 呈显著正相关关系($p<0.05$),弯曲杆菌门

表 4 各区域土壤环境因子检测值
Tab.4 Detection values of soil environmental factors in each region

环境因子	样品组		
	A	B	C
<i>T</i> /℃	30.5±0.09a	29.8±0.06b	28.10±0.12c
SAL	27.61±0.28b	28.95±0.26a	29.46±0.36a
DO/mg·L ⁻¹	7.29±0.36b	7.35±0.26b	8.69±0.27a
pH	8.40±0.00	8.34±0.00	8.32±0.00
NO ₂ ⁻ /μg·L ⁻¹	0.012 7±0.002 7	0.013 7±0.002 6	0.015 1±0.003 6
NO ₃ ⁻ /μg·L ⁻¹	0.086 1±0.002 6c	0.115 0±0.003 6b	0.157 0±0.002 6a
NH ₄ ⁺ /μg·L ⁻¹	0.001 1±0.000 059b	0.001 47±0.000 1a	0.001 45±0.000 076a
COD/mg·L ⁻¹	2.6±0.077	2.65±0.057	2.59±0.1

注: 同行数值(mean±SE)中标的不同小写字母表示差异显著($p<0.05$)

的相对丰度与 DO 、 NO_3^- 、 NH_4^+ 呈显著负相关关系 ($p < 0.05$), 酸杆菌门的相对丰度与 COD 、 T 呈显著负相关关系 ($p < 0.05$)。

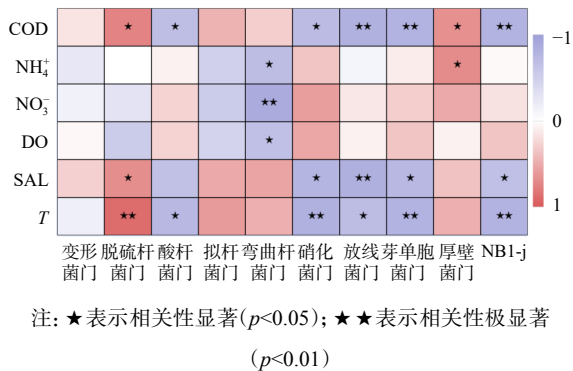


图7 土壤优势微生物群落与主导环境因子相关性分析

Fig. 7 Correlation analysis of dominant microbial communities in soil and dominant environmental factors

2.2 讨论

2.2.1 互花米草入侵对文蛤滩涂养殖的影响

互花米草对东部沿海生物环境的影响主要是对滩涂动、植物和滩涂环境的影响, 其入侵往往直接导致区域内相关动、植物种群分布面积的大量减少以及种群数量的显著下降, 影响相关物种的正常生长^[11], 本次研究结果同样印证了以上结论。随着互花米草入侵的逐渐加剧, 沿海滩涂中的文蛤保有量大幅下降, 从未入侵区的 200 粒/ m^2 降至未完全入侵区的 20 粒/ m^2 , 在完全入侵区内未发现文蛤; 互花米草入侵区域文蛤大多无法正常生长到上市规格就大量死亡甚至完全无法存活, 其经济性性状显著低于文蛤养殖区。同时, 文蛤作为埋栖型贝类, 良好的潜砂环境条件是提高其成活率的保证, 而互花米草入侵后, 因其十分密集的地下根系以及较多的招潮蟹洞穴, 会极大地侵占文蛤养殖区域, 改变原来的滩涂生态环境, 破坏文蛤正常生存的底质条件, 干扰文蛤的潜砂行为, 对文蛤的滩涂养殖产生强烈的负面作用, 致使文蛤难以继续生存, 种群数量显著下降。此外, 密集生长的互花米草具有较强的促淤能力, 能够促进泥沙的快速沉降和淤积, 造成未完全入侵区和完全入侵区的水文连通性受阻, 提升所处滩涂的高程, 减少潮水浸没时间, 一定程度上影响该区域的饵料丰度, 而饵料丰度

与贝类生长存在直接关系^[12], 同时互花米草入侵增加了文蛤受到干露胁迫的可能性, 而干露胁迫会显著影响文蛤的摄食与代谢活动, 且表现出时间效应性, 干露时间越长, 文蛤死亡率越高^[13]。综上所述, 互花米草入侵已经造成现有滩涂养殖功能退化, 长期来看, 其入侵可能导致文蛤等经济贝类栖息环境恶化, 危害沿海渔业经济发展。

2.2.2 互花米草入侵对文蛤养殖滩涂微生物的影响

由于植被与土壤乃至土壤微生物之间存在明显的反馈机制^[14], 互花米草的入侵也影响到了原本养殖滩涂的微生物环境。土壤微生物群落的生长受控于土壤环境因子, 其生长繁殖所需的营养物质主要来自环境中的无机盐和有机物, 其组成对环境因子变化具有较强的敏感性^[15]。通过分析环境因子数据发现, 影响土壤微生物群落的主导环境因子为温度 (T)、盐度 (SAL)、溶氧 (DO) 和氮源 (N), 所有主导环境因子均呈现出显著的区域性差异, 且特异性群落相对丰度与环境因子之间存在显著相关性。本次采样时间为夏季, 日照强烈, 相较于互花米草完全入侵区, 未入侵区缺少地面植被覆盖, 地面温度升温较快, 而随着涨潮来临, 地面温度又快速下降 $8\text{ }^{\circ}\text{C} \sim 10\text{ }^{\circ}\text{C}$, 极大的温差变化对微生物群落多样性产生不利影响。互花米草具盐腺, 根吸收的盐分大都由盐腺排出体外, 显著增加了土壤盐度 ($p < 0.05$), 引起细菌渗透胁迫, 抑制其他细菌的代谢活动, 致使部分具有耐盐性的厚壁菌门大量繁殖, 形成次优势菌门^[16]。此外, 互花米草有较为发达的通气组织, 根系的生长还能疏松土壤, 提高土壤的通气性, 使得根系周围土壤的溶氧得到改善, 有利于好氧菌的繁殖生长, 一定程度上能改善土壤的供气状况, 稳定土壤 pH ^[17], 从而创造土壤内丰富多样的微环境。现有研究表明, 外来入侵植物释放根系分泌物和凋落物等物质, 这些化感物质进入土壤后, 受到微生物的加工、分解、转化等作用, 进而影响根际微生物群落^[18]。互花米草残体分解和根系分泌可以产生棕榈酸、油酸、硬脂酸等多种长链脂肪酸^[19], 为微生物生长提供了有利条件。长期来看, 互花米草入侵造成的微生物群落结构变化可能破坏原有生态系统的碳、氮循

环平衡,还可能加剧温室气体的排放,影响湿地的净化功能。

2.2.3 滩涂湿地土壤微生物对文蛤养殖的影响

通过分析滩涂湿地土壤微生物群落结构及多样性来探究互花米草入侵对文蛤养殖的影响,结果表明,互花米草入侵滩涂湿地后,土壤微生物群落的丰度和多样性呈现先降低后升高的现象,完全入侵区微生物群落的丰度和多样性显著高于未入侵区($p < 0.05$),而未完全入侵区微生物群落丰度和多样性略低于其他两个区域,但无显著性差异,这与郑洁等^[14]和廖丹等^[20]的研究结果一致。本研究中,通过比较门水平上未入侵区与完全入侵区特异性微生物群落的变化发现,脱硫杆菌在完全入侵区中的相对丰度明显高于未入侵区,考虑到脱硫杆菌门通常与环境中的降雨量或硫酸盐浓度等因素有关,当其丰度较高时,说明环境中存在较高的 S^{2-} 含量,而土壤中的硫化物可与养殖生物血液中的血红蛋白结合产生硫血红蛋白,降低机体中血液的携氧能力,并刺激和腐蚀鳃组织,使鳃组织产生凝血性坏死,引起生物呼吸困难窒息死亡^[21]。具有较强耐盐能力的厚壁菌门则通过葡萄糖发酵产生醋酸,降解有机质时会产生甲烷等有害气体,对环境生物造成伤害^[22]。文蛤养殖中常见的病原菌以副溶血弧菌^[23]、溶藻弧菌^[24]等弧菌为主,会造成文蛤软组织水肿、腐烂以及免疫系统紊乱,引发文蛤大规模死亡。根据已有研究,酸杆菌(如乳酸菌、丙酸杆菌等)对抑制弧菌滋生有一定作用,其中乳酸菌分泌的细菌素(如乳酸链球菌素)可直接破坏弧菌细胞膜,而丙酸杆菌(如费氏丙酸杆菌、薛氏丙酸杆菌)发酵产生的丙酸、细菌素等代谢物,对部分弧菌有抑制作用。本研究发现,随着互花米草的入侵,酸杆菌门丰度显著降低,这也意味着弧菌等有害菌的增多,对文蛤养殖存在不利影响。Zhang等^[25]、Zeleeke等^[26]、Yang等^[15]的研究也表明,互花米草能影响被入侵区域土壤的微生物群落结构,氨氧化细菌、产甲烷菌和硫酸盐还原菌的丰度会有所增加。

3 结论

互花米草的入侵影响了南通浅海滩涂的土

壤环境,造成文蛤养殖区微生物群落结构及丰度的变化和文蛤生存环境的恶化,降低了文蛤对有害菌的抗逆性和自身存活率,导致文蛤种群数量的大幅下降。本研究结果可为互花米草入侵滩涂湿地生态系统的保护与功能提升及文蛤养殖生境修复提供理论支撑。在后续研究中将扩大研究的时间和空间尺度,探究互花米草入侵程度、时间和地点以及互花米草入侵对不同种类和生态类型动物群落结构的影响,从而更加全面地评估互花米草入侵带来的生态效应。

参考文献:

- [1] Gao S, Du Y F, Xie W J, et al. Environment-ecosystem dynamic processes of *Spartina alterniflora* salt-marshes along the eastern China coastlines[J]. *Science China Earth Sciences*, 2014, 57(11): 2567-2586.
- [2] Zhu W Q, Ren G B, Wang J P, et al. Monitoring the invasive plant *Spartina alterniflora* in Jiangsu coastal wetland using MRCNN and long-time series landsat data[J]. *Remote Sensing*, 2022, 14(11): 2630.
- [3] Kang B, Vitule J R S, Li S, et al. Introduction of non - native fish for aquaculture in China: a systematic review[J]. *Reviews in Aquaculture*, 2023, 15(2): 676-703.
- [4] Trabal N, Mazón-Suástegui J M, Vázquez-Juárez R, et al. Molecular analysis of bacterial microbiota associated with oysters (*Crassostrea gigas* and *Crassostrea corteziensis*) in different growth phases at two cultivation sites[J]. *Microbial Ecology*, 2012, 64(2): 555-569.
- [5] Bang C, Dagan T, Deines P, et al. Metaorganisms in extreme environments: do microbes play a role in organismal adaptation?[J]. *Zoology*, 2018, 127: 1-19.
- [6] Vezzulli L, Stagnaro L, Grande C, et al. Comparative 16SrDNA gene-based microbiota profiles of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) and the Mediterranean mussel (*Mytilus galloprovincialis*) from a shellfish farm (Ligurian Sea, Italy)[J]. *Microbial Ecology*, 2018, 75(2): 495-504.
- [7] 陈冰冰, 孙志高, 胡星云, 等. 闽江河口互花米草不同入侵阶段湿地土壤 nirK 型反硝化微生物群落结构及多样性[J]. *应用生态学报*, 2022, 33(11): 3007-3015.
- [8] 商桂焜, 郭亚东, 王文权, 等. 文蛤养殖管理实用技术[J]. *科学养鱼*, 2023(11): 66-68.
- [9] Neira C, Levin L A, Grosholz E D, et al. Influence of invasive *Spartina* growth stages on associated macrofaunal communities[J]. *Biological Invasions*, 2007, 9(8): 975-993.
- [10] Tang L, Gao Y, Wang C H, et al. A plant invader declines through its modification to habitats: a case study of a 16-year

- chronosequence of *Spartina alterniflora* invasion in a salt marsh[J]. *Ecological Engineering*, 2012, 49: 181-185.
- [11] Ge B M, Jiang S H, Liu Q N, et al. Density, but not distribution pattern of *Assiminea latericea* varies on tidal flats with smooth cordgrass *Spartina alterniflora* invasion stage[J]. *Regional Studies in Marine Science*, 2019, 27: 100528.
- [12] 潘绘竹. 黄渤海海域几种典型双壳贝类对浮游植物的摄食规律研究 [D]. 广州: 暨南大学, 2020.
- [13] 魏 伟. 环境胁迫对文蛤摄食和代谢的影响研究 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2016.
- [14] 郑 洁, 刘金福, 吴则焰, 等. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应 [J]. *生态学报*, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [15] Yang Y Y, Wang Z, He T, et al. Sediment bacterial communities associated with anaerobic biodegradation of bisphenol A[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 70(1): 97-104.
- [16] 刘方春, 邢尚军, 马海林, 等. 持续干旱对樱桃根际土壤细菌数量及结构多样性影响 [J]. *生态学报*, 2014, 34(3): 642-649.
- [17] 杭子清, 王国祥, 刘金娥, 等. 互花米草盐沼土壤有机碳库组分及结构特征 [J]. *生态学报*, 2014, 34(15): 4175-4182.
- [18] 刘淑娟. 湿地中降解 DEHP 的草本植物-根际微生物筛选与机理研究 [D]. 昆明: 云南农业大学, 2023.
- [19] 齐西同. 九段沙湿地入侵植物互花米草自毒作用的初步研究 [D]. 上海: 上海大学, 2015.
- [20] 廖 丹, 黄华斌, 庄峙厦, 等. 互花米草入侵对红树秋茄根际与根内细菌群落结构与多样性的影响 [J]. *应用与环境生物学报*, 2018, 24(2): 269-275.
- [21] 王 琼, 吴 伟. 脱氮硫杆菌及其在水产养殖中的应用 [J]. *现代农业科技*, 2012(14): 252-254, 256.
- [22] 杜彦秋. 大水面养虾池塘沉积环境的变化特性及健康评价 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2022.
- [23] 于佳佳. 文蛤对副溶血性弧菌感染的免疫和代谢响应及关键调控通路解析 [D]. 北京: 中国科学院大学, 2020.
- [24] 隋炜金, 王鸿霞, 刘保忠. 文蛤浮游期发病幼虫细菌群落分析和致病菌的分离鉴定 [J]. *水产学报*, 2023, 47(6): 154-162.
- [25] Zhang Q F, Peng J J, Chen Q, et al. Impacts of *Spartina alterniflora* invasion on abundance and composition of ammonia oxidizers in estuarine sediment[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2011, 11(6): 1020-1031.
- [26] Zeleke J, Sheng Q, Wang J G, et al. Effects of *Spartina alterniflora* invasion on the communities of methanogens and sulfate-reducing bacteria in estuarine marsh sediments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, 4: 243.

(本文编辑: 曲丽梅)