

红树林沉积物微生物空间分布特征及碳汇能力评估*

杨慧荣^{1,2}, 方畅^{1,2}, 高均超³, 焦芳^{1,2}

1. 华南农业大学海洋学院, 广东 广州 510642
2. 华南农业大学中山创新中心, 广东 中山 528400
3. 江门市地质与海洋防災监测站, 广东 江门 529000

摘要: 红树林区沉积物中丰富的微生物群落, 在生长环境的特异性选择压力下, 演化出不同的空间分布特性和碳汇能力。以位于汕头市的粤东典型红树林区为研究区域, 运用 16S rRNA 高通量测序技术分析了沉积物微生物群落的结构组成和生物多样性特征, 并对其潜在碳汇能力进行了探讨。结果表明, 红树林区沉积物的优势菌门为 Proteobacteria、Chloroflexi 和 Desulfobacterota, 优势菌属来源于 *unclassified_Gammaproteobacteria*、*Anaerolinea* 和 *Woeseia*; 污染程度较低、林分未成熟地区的沉积物物种丰富度较高, 但物种均匀度较低, 而污染程度中等、林分发育成熟地区的沉积物微生物的物种多样性和均匀度较高; 随着深度的增加, 沉积物微生物的丰富度、多样性和均匀度等微生物 α 多样性指标都呈下降趋势, 其中多样性指数下降最为显著 ($P < 0.05$); 污染程度低、林分尚未成熟的红树林区具有最强的微生物碳汇能力; 微生物碳汇能力与采样深度之间不存在显著相关性。本研究的结果为红树林沉积物微生物的资源化利用提供了理论依据。

关键词: 红树林沉积物; 微生物群落; 空间分布; 碳汇

中图分类号: Q938.1 文献标志码: A 文章编号: 2097-0137(2023)02-0028-09

Spatial distribution features of microorganisms and assessment of carbon sink capability in mangrove sediments

YANG Huirong^{1,2}, FANG Chang^{1,2}, GAO Junchao³, JIAO Fang^{1,2}

1. College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China
2. Zhongshan Innovation Center, South China Agricultural University, Zhongshan 528400, China
3. Jiangmen Geological and Marine Disaster Prevention Monitoring Station, Jiangmen 529000, China

Abstract: The microbial communities in mangrove sediments have evolved spatial distribution features with different characteristic and carbon sink capacity under the environment-specific selection pressure. The composition, diversity and potential carbon sink capacity of the sediment microbial communities were analyzed using 16S rRNA high-throughput sequencing in a typical mangrove area in Shantou city, eastern Guangdong province. The results showed that the dominant phyla in mangrove sediment were Proteobacteria, Chloroflexi and Desulfobacterota, and the dominant microorganisms at the genus level were derived from *unclassified_Gammaproteobacteria*, *Anaerolinea* and *Woeseia*. Sediments with low pollution and immature forest had higher richness and lower evenness, while

* 收稿日期: 2022-12-28

录用日期: 2023-02-14

网络首发日期: 2023-03-02

基金项目: 广东省自然资源厅海洋经济发展(海洋六大产业)专项资金项目(GDNRC[2022]50); 广东省林业局林业科技创新项目(2021KJCX012, 2022KJCX019); 台山市红树林保护与修复建设项目(XKJHT2022145)

作者简介: 杨慧荣(1977年生), 女; 研究方向: 渔业资源与环境关系; E-mail: hry@scau.edu.cn

方畅(1999年生), 男; 研究方向: 红树林生态系统微生物; E-mail: chauncyfang@foxmail.com
(杨慧荣、方畅并列第一作者)

sediments with moderate levels of pollution and mature forest stands had relatively high biodiversity and evenness. With increasing depth, the microbial α -diversity indexes such as richness, diversity and evenness of sediment microorganisms showed a decreasing trend, among which the diversity index decreased most significantly ($P < 0.05$). The mangrove areas with less pollution and immature forest stands had the optimal microbial carbon sink capacity while there was no significant relationship between microbial carbon sink capacity and sampling depth. This study provide a theoretical basis for the resource utilization of mangrove sediment microorganisms.

Key words: mangrove sediment; microbial community; spatial distribution; carbon sink

红树林区是热带亚热带地区重要的海陆过渡区域, 沉积物是营养最丰富的环境介质, 不仅为水生生物提供了充足的栖息条件, 也给微生物群落的定殖和生长提供了环境(李鹏洋等, 2022)。由于长期被海水周期性浸没, 红树林区沉积物的理化性质呈现出强还原性、强酸性和高盐度等特点, 在特异性生长环境的选择压力下, 红树林区沉积物的微生物群落具有丰富的生产力和强大的抗逆能力(张攀等, 2022)。已有的研究表明, 红树林生态系统内真菌和细菌的种群数量占总微生物量的90%以上, 其中细菌(包括古细菌)总量远超真菌(Nathan et al., 2020)。微生物碳汇是红树林区生态系统碳汇的一个重要组成, 沉积物中具有化能自养能力的细菌吸收空气中的 CO_2 , 并通过一系列复杂的生化过程加以利用, 以此实现游离碳的固定, 达到碳汇的效果。

粤东典型红树林区是我国首个湿地示范区。近年来受到图例用地扩张、工业废水排放等影响, 该区域环境呈现出生态结构简化、生态功能减退、生态系统稳定性不足等趋势, 污染物可能对微生物的生物多样性、分布特征和碳汇能力产生了影响(蔡云梅等, 2019)。本研究选择粤东典型红树林区5个不同污染程度的代表性样本点进行沉积物的采集, 运用高通量测序技术, 分析了粤东典型红树林区沉积物微生物群落空间分布的多样性、差异性, 并对不同代表性样本点的微生物固碳能力进行评估, 以期阐明粤东典型红树林区沉积物微生物群落空间分布特征和碳汇能力, 为红树林区沉积物微生物碳汇能力的保护、利用和开发提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 研究区域概况

本研究在广东省汕头市的粤东典型红树林区

(116.64°~116.88° E, 23.35°~23.55° N)开展, 该湿地位于韩江和练江河口, 为滨海堆积平原, 沉积物的主要成分类型是黏土和细沙; 共设置了5个采样点(图1), 样本点的周围分布有农田、网箱养殖区、围塘养殖区和红树林保护区人工设施, 自然环境特征和污染特征存在显著差异。

1.2 样本采集和保存

2022年7月, 使用外径为200 mm的自制柱状PVC采样器在A5采样点采集了50 cm深度的沉积物样品, 去除表层5 cm的浮土后按0~15、15~30和30~45 cm进行切割, 每层样品分为2份, 分别用于细菌测序(B1~B3)和古菌测序(B4~B6)。8月采用外径为180 mm的不锈钢取土钻进行沉积物采集, 去除表层5 cm的浮土后, 在A1~A5共5个采样点分别取深度为15 cm的柱状沉积物样品。其中, A1~A5样本用于描述沉积物微生物的水平分布特征, B1~B3样本用于描述沉积物微生物的垂直分布特征。每个采样点采集3个样品作为独立样本, 采集后立刻装入无菌采样袋并在0 °C冷藏箱中保存, 运回实验室后在冰上过100目筛, 去除石块、甲壳和动植物残体等杂质后, 在-80 °C超低温冰箱中保存样品以备后续微生物测定。

1.3 高通量测序与分析

使用FastDNA Spin Kit for Soil试剂盒(MPbio, USA)并按说明书步骤对1 g样品进行处理和DNA提取, 采用NanoDrop NC 2000(Thermo Fisher Scientific, Waltham, GA, USA)对DNA进行定量, $w = 1\%$ 琼脂糖凝胶电泳检测DNA提取的质量。根据细菌16S rRNA基因序列中的保守片段, 采用细菌引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')以及806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对样品中的细菌16S rRNA V3~V4可变区进行扩增。根据古菌16S rRNA基因序列中的保守片段, 采用古菌引物ArBa515F(5'-GTGCCAGCMGCC-

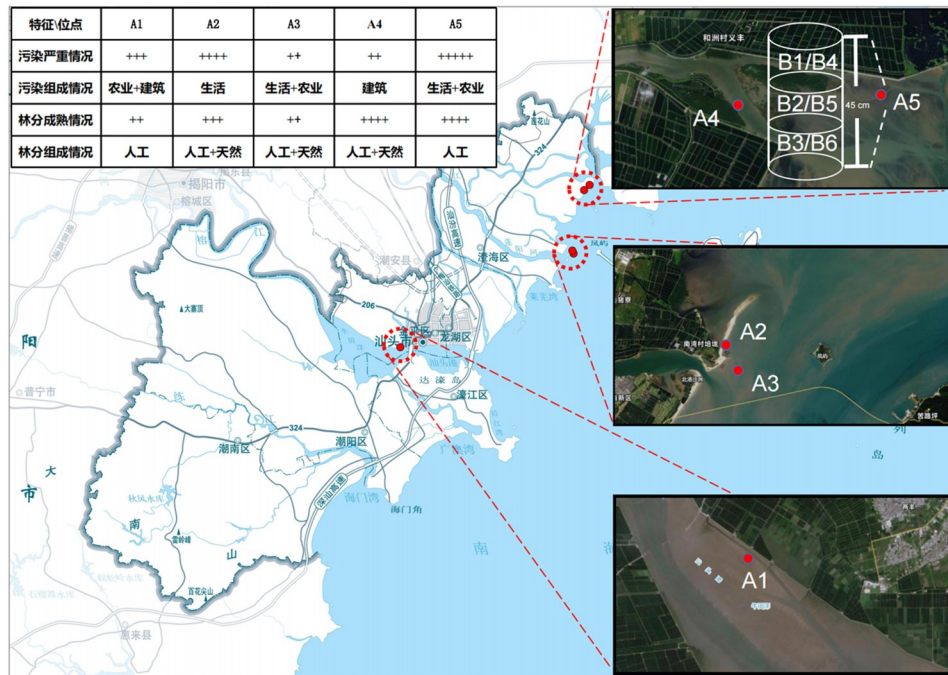


图1 粤东典型红树林区沉积物采样位点地理分布及环境情况

Fig. 1 Geographical and environmental characters of sediment sampling sites in eastern Guangdong typical mangrove area

GCGGTAA-3')和 Arch806R (5'-GGACTACVSGGG-TATCTAAT-3')对沉积物样品中古菌 16S rRNA 的 V4 可变区进行扩增。其中,细菌的高通量测序由上海美吉生物医药有限公司使用 Illumina MiSeq PE300 平台完成,古菌的高通量测序由苏州金唯智生物科技有限公司使用 Illumina MiSeq PE300 平台完成。

运用微生物定量工具 QIIME2 (Quantitative Insights Into Microbial Ecology 2)的 cutadapt 插件,基于特异序列(barcode)对测序合格的双端测序文件进行拆分(demultiplexing),并去除引物和接头序列。利用 DADA2 插件去除嵌合体序列,得到以 ASV (amplicon sequence variant, 扩增子变异序列)为分类单元的特征表以及对应 ASV 序列,并进行抽平处理。以细菌古菌 16S rRNA 数据库 SILVA_138_SSURef_Nr99 为物种分类参考数据库,使用 classifier-sklearn 插件进行物种注释,并分别输出物种注释丰度表。

运用 R 软件对 ASV 表格进行 α 多样性和 β 多样性分析,样本的 α 多样性包括 Shannon 指数、Simpson 指数等表征, β 多样性则用主坐标分析 (PCoA, principal co-ordinates analysis) 和聚类分析进行评估,样本组之间的差异序列数量和共享序列数量用 Venn 图进行展示。样本潜在的 CO_2 汇集

能力采用 PICRUST2 工具进行注释,并提取注释结果 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 第三层级中的微生物碳代谢整体能力 (carbon metabolism)、原核生物碳固定代谢通路 (carbon fixation pathways in prokaryotes) 和光能生物碳固定代谢通路 (carbon fixation in photosynthetic organisms) 数据,用 Kruskal-Wallis 和 Dunn 检验确认样本组之间的通路数据是否存在显著差异。

2 结果

2.1 沉积物微生物群落水平分布特征

用于阐明沉积物微生物群落水平分布特征的测序样本共计 15 个, A1 ~ A5 每个样本点各 3 个。去除嵌合体后的有效 reads (读长) 总量为 1 077, 920 条, 平均长度为 419 bp, 共划分为 13 029 个 ASV。图 2 显示, 5 个样本组共有的 ASV 个数为 31 个, A5 样本组具有最多的独有 ASV, 共 1 811 条; A2 样本组具有最少的独有 ASV, 共有 1 058 条。A4 的 Simpson 指数和 Pielou 指数最高, 平均值分别达到为 0.998 和 0.951, 表明 A4 的微生物群落多样性、均匀度最好。A3 和 A5 的 Chao1 指数较高, 平均值为 1 069, 微生物群落丰富度高于其他站点。

微生物群落的 β 多样性反映并比较了不同样本组之间的差异。本研究运用 PCoA 方法, 基于

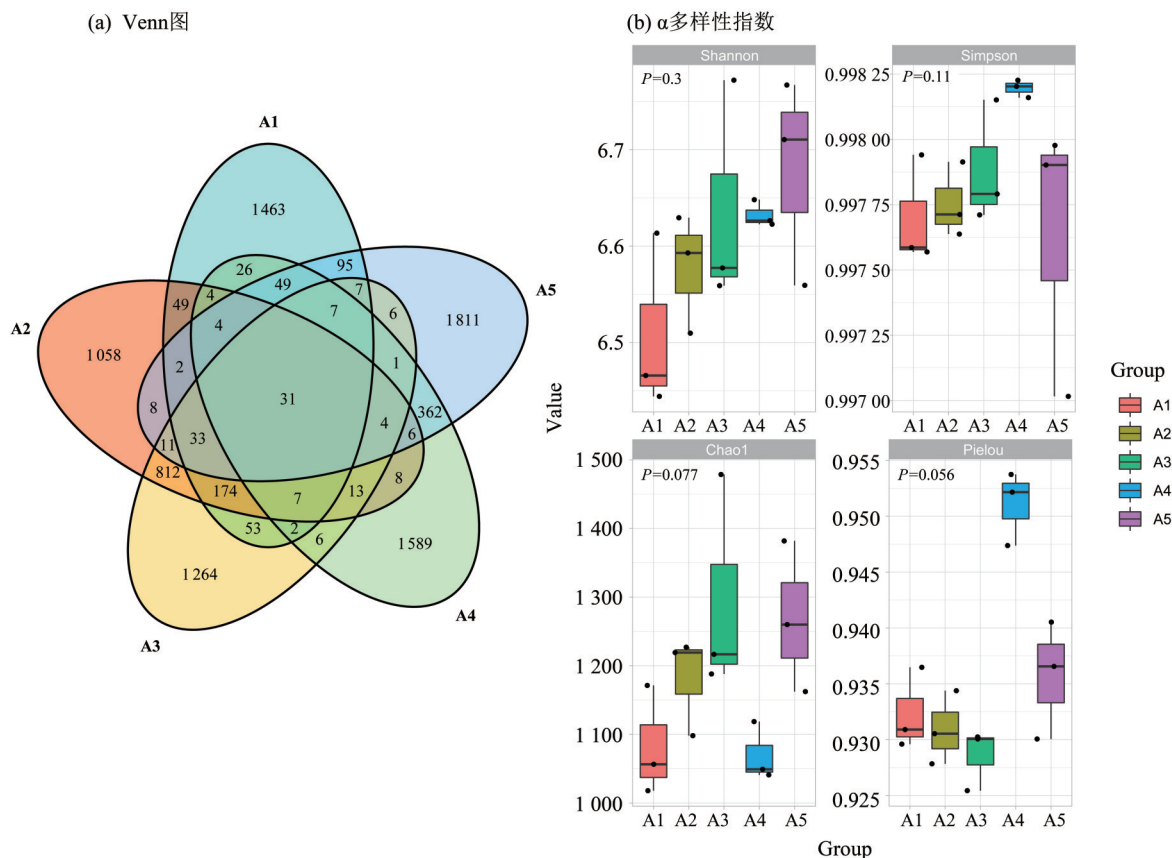
图2 沉积物微生物水平分布样本的Venn图和 α 多样性指数

Fig. 2 Venn diagram and alpha diversity indexes of microbe in horizontal sediment samples

Bray-Curtis 距离对采集的样本在 ASV 水平进行分析。如图 3 所示, 坐标轴对样本间的整体差异贡献了超过 60% 的解释度, 其中, 坐标轴 PCoA1 的解释度为 39.41%, 坐标轴 PCoA2 的解释度为 21.39%。在坐标平面的 2 个不同维度上, 除 A2 和 A3 外, 其他的样本呈现散在分布的趋势, A1 与其他样本之间的距离最远, 沉积物微生物群落结构在水平分布的差异比较大 ($\text{adonis } R^2 = 0.81, \text{adonis } P = 0.000167$)。同时, 本研究也使用层次聚类的方法表征了微生物群落的 β 多样性, 基于 Bray-Curtis 距离将 15 个基于微生物类别的水平沉积物样本分为不同的组。结果表明, 在属水平, A2 和 A3 的细菌群落组成类似, A1 和 A4 的组成类似, A5 与其他样本点有较大差异; 而在门水平, A1 和 A5 的组成具有一定相似性, A2、A3 和 A4 的 Bray-Curtis 距离比较接近。

样本点的优势菌门为 Proteobacteria (20% ~ 40%)、Chloroflexi (10% ~ 40%) 和 Desulfobacterota (10% ~ 25%), 其中, Proteobacteria 占最优势的是 A1 ~ A4, Chloroflexi 在 A5 的丰度最高。其他丰度较高的菌门还有 Bacteroidota、Acidobacteria、Actino-

bacteria、Firmicutes、Nitrospirota 和 Myxococcota。在属水平的沉积物群落结构特征存在较大差异, A1 中占主导地位的菌属是 *Woeseia*、*unclassified Gammaproteobacteria*; A2 和 A3 类似, 优势菌属依次为 *Anaerolinea*、*SBR1031* 和 *Sva0081*; A4 和 A5 的主导菌属都是 *Anaerolinea*、*SBR1031* 和 *Thermodesulfovitrivorita*, 其中 A5 的主导菌相对丰度比 A4 较高。

2.2 沉积物微生物群落垂直分布特征

用于阐明沉积物微生物群落垂直分布特征的样本每个深度各 3 个, 共计 9 个。古菌去除嵌合体后的有效 reads 总量为 572 952 条, 平均长度为 592 bp, 共划分为 8 536 个 ASV。图 4 显示, 细菌测序样本组共有的 ASV 为 70 条, B3 具有最多的独有 ASV, 为 2 051 条; 古菌测序样本组共有的 ASV 为 253 条, B4 具有最多的独有 ASV, 为 2 842 条。

对于包括细菌和古菌在内的群落水平, 基于 Chao1 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数比较样本的 α 多样性如图 4 所示。Chao1 指数的线性回归方程显示, 细菌群落丰富度的变化随深度的影响不显著, 而古菌的丰富度随着深度增加呈现比较明

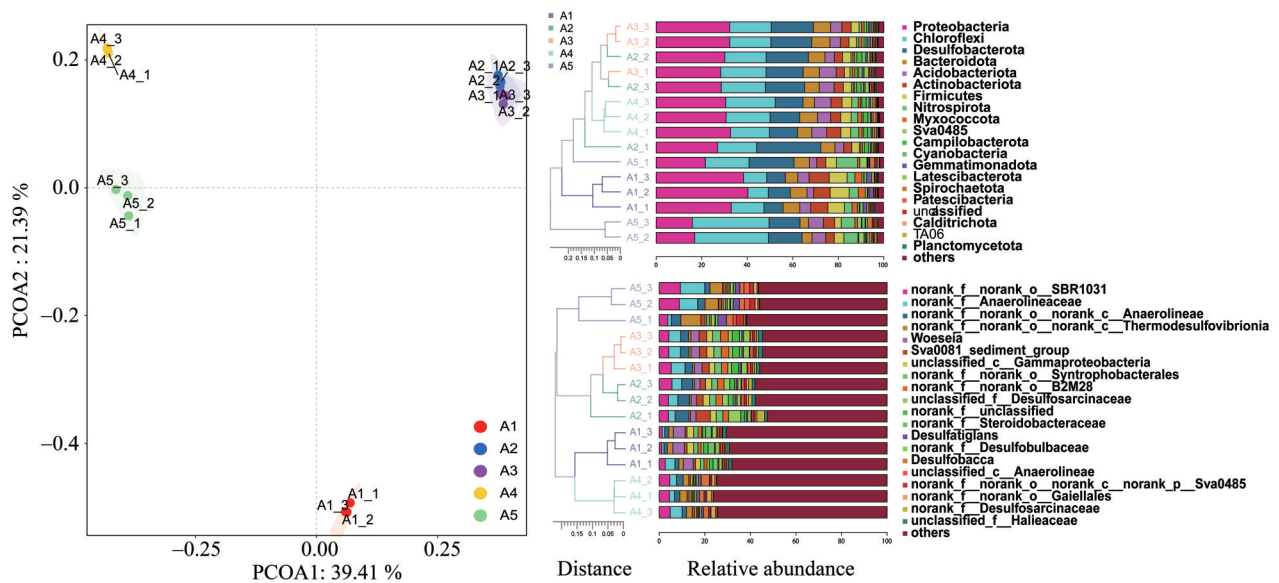


图 3 沉积物微生物水平分布样品的β多样性

Fig. 3 Beta diversity of microbe in horizontal sediment samples

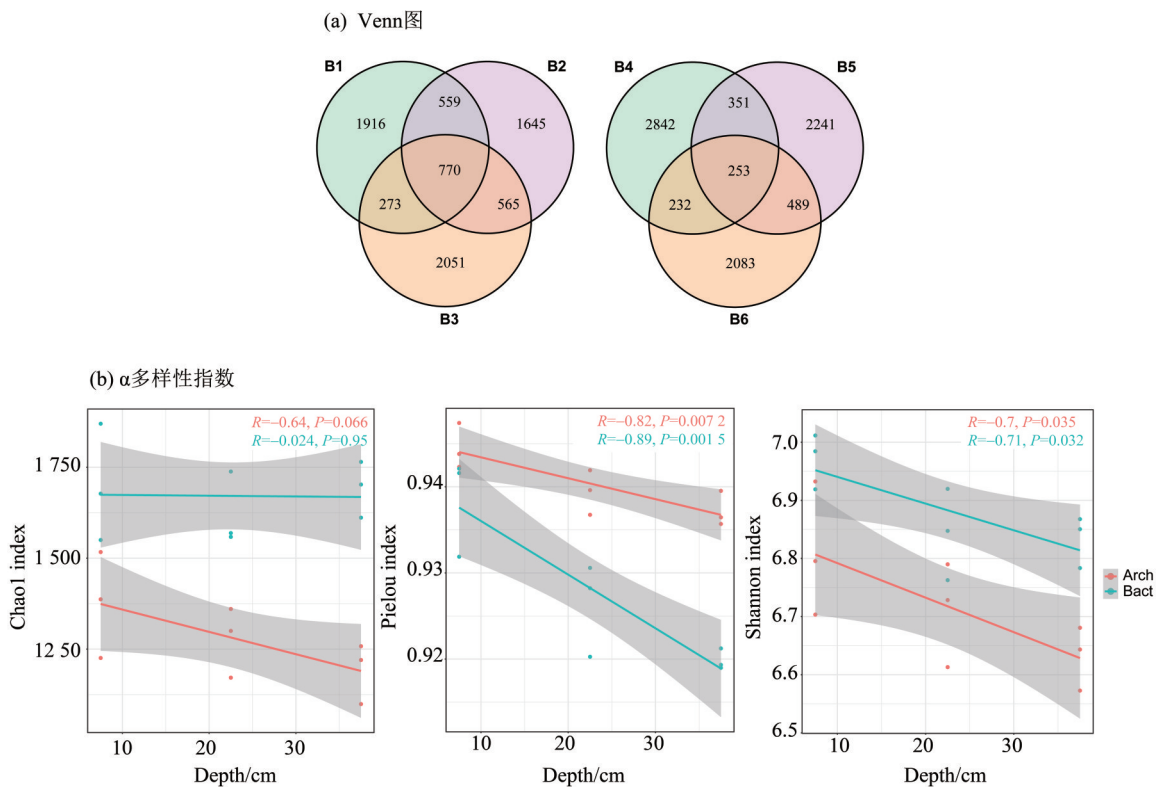


图 4 沉积物微生物垂直分布样品的微生物 Venn 图和 α 多样性指数变化

Fig. 4 Venn diagram and alpha diversity indexes of microbe in vertical sediment samples

显的下降趋势。Shannon 指数和 Pielou 指数的结果显示，土壤深部细菌群落和古菌群落的多样性和均匀度远低于表层土壤 ($P < 0.05$)。总体而言，α 多样性在深度上呈现随着深度加深而逐步递减的趋势。

基于 Bray-Curtis 距离对不同深度的细菌和古

菌样本进行主坐标分析，发现所有样本沿垂直方向分布 (图 5)。表层样本 (B1 和 B4) 聚集在左侧，右侧依次是中层、深层的样本，两个坐标轴在细菌 PCoA 和古菌 PCoA 中分别对样本整体差异贡献了约 50% 和 35% 的解释度。

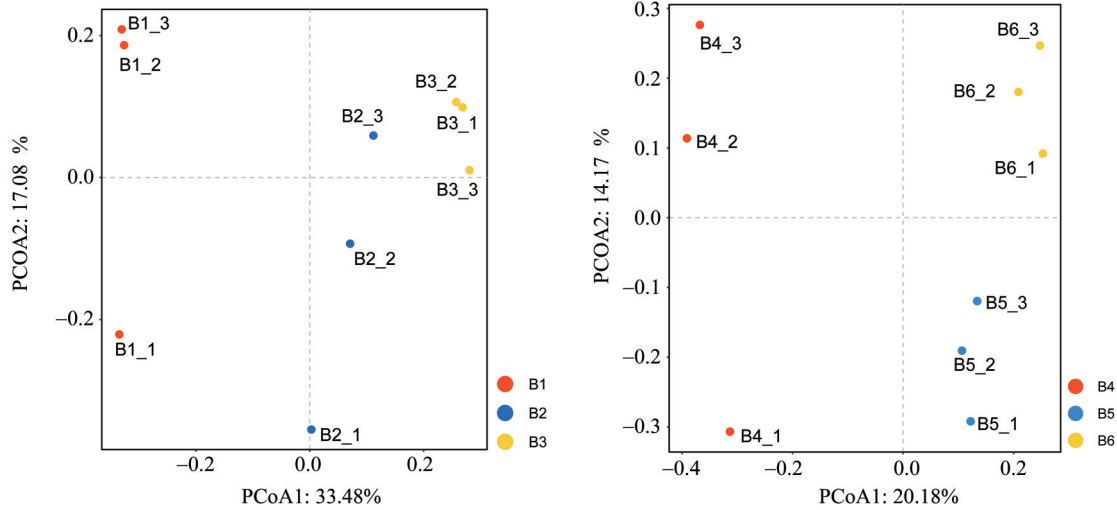


图 5 沉积物微生物垂直分布样本的PCoA分析

Fig. 5 PCoA analysis of microbe in vertical sediment samples

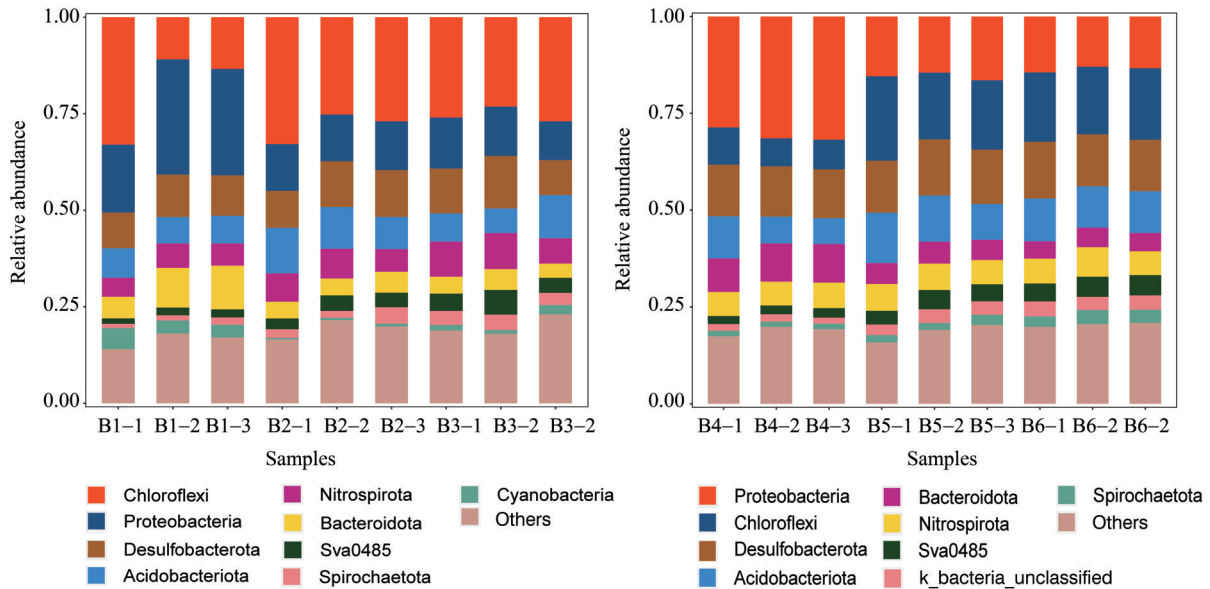


图 6 沉积物微生物垂直分布样本的门水平相对丰度

Fig. 6 Relative abundance in phyla of microbe in vertical sediment samples

在同一个深度的样本点, 古菌与细菌的主要门类基本相同, 为 Chloroflexi, Proteobacteria, Desulfobacterota, Acidobacteriota, Nitrospirota, Bacteroidota, Sva0485 等。其中, B1 ~ B3 的优势类群主要是 Chloroflexi, B4 的优势类群是 Proteobacteria, 而 B5、B6 的优势类群转变为 Chloroflexi(图6)。

2.3 沉积物的碳汇能力

PICRUSt2的注释结果如图7所示, 水平分布的5组样本的微生物碳汇能力存在较大的组内差异 ($P < 0.05$), 其中, 在微生物碳代谢整体能力、原核生物碳固定代谢通路和光能生物碳固定代谢通路中都占主导地位的是 A3 样本, 其次是 A2、A5

和 A1 样本, A4 样本与 A3 样本的差距最明显。B1+B4、B2+B5、B3+B6 分别代表垂直方向分布古菌与细菌的总体碳代谢能力, 对垂直方向分布的3个深度样本而言, 不同样本之间的碳固定能力的大小没有显著的区别。

3 讨论

3.1 不同红树林沉积物生境间微生物群落多样性差异

微生物群落 α 多样性的水平分布结果显示, 污染程度较低、林分未成熟的地区(A3)具有比较高的物种丰富度和较低的物种均匀度, 而污染程度

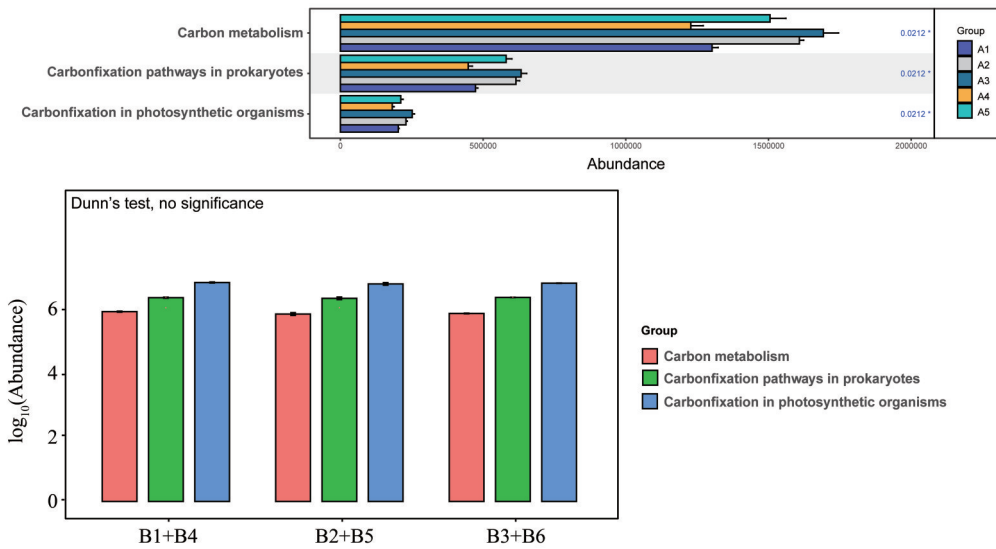


图7 沉积物微生物的潜在碳汇能力

Fig. 7 Potential carbon sink capacity of sediment microbes

适中、林分发育成熟的地区(A4)兼具比较高的物种多样性和物种均匀度。这可能是由于林分未成熟地区沉积物微生物仍未形成稳定的生态位,大量不同种类的微生物在沉积物中相互作用,部分强定殖能力的微生物占据了主导地位导致的;同时,沉积物受污染程度越低、环境就越接近自然原始状态,也就越适应微生物的定殖和生长,因此能够拥有更高的菌群丰度。人类活动带来的污染不可避免地破坏了生境的稳定性,降低了微生物丰度,但某些抗逆性较强的微生物能逐渐适应环境特性,利用污染源并演化出全新且稳定的生态位(Jiang et al., 2013; Wang et al., 2014; Chen et al., 2016; Rocha et al., 2016)。污染程度严重、林分发育成熟的地区具有特殊的生境特征,受环境胁迫和进化压力的影响,该地区的微生物相比其他采样点的微生物群落会具有更强的抗逆性和适应性,因而表现为具有更多的特有 ASV 序列。有报道表明,受自然环境和人为活动的影响,红树林周围的水产养殖带来的尾水污染会增加环境中的有机质含量,特别是造成沉积物中总有机物(TOC)含量的增加,从而间接影响沉积物中的微生物多样性(于皓等, 2021)。此外,PCoA 和聚类分析的结果表明,除污染程度、林分发育程度外,地理距离也是影响微生物群落水平分布差异的一个重要因素。A2 与 A3 这两个点位之间的距离在 500 m 以内,因此群落组成极为相似;而 A1、A4、A5 与 A2、A3 之间的地理距离较远,所以点位之间的群落分异程度比较大,说明采样点之间的群

落相似性随着地理距离的降低而增加。

在垂直分布方面,细菌和古菌的特有 ASV 序列数量随着深度变化呈现差异性变化。不同深度样本的细菌共有 ASV 条数是古菌共有 ASV 条数的 3 倍,这可能是数据库对古菌序列识别的不足或者是测序的分辨率不足导致的。对于特有 ASV 而言,深层样本的细菌占有较多的条数,而表层样本的古菌占有较多的条数。随着深度的增加,沉积物微生物的丰富度、多样性和均匀度均呈下降趋势,相同深度细菌群落的多样性和丰富度高于古菌群落,而均匀度低于古菌群落。这可能主要是由于红树林区沉积物中有机质含量较高,在分解过程中迅速消耗 O_2 , 随深度增加 O_2 含量迅速降低,兼性厌氧微生物和严格厌氧微生物占据主导地位,导致了 α 多样性的显著下降(Rath et al., 2015)。PCoA 的结果也表明表层样本群与其他样本群区分较为明显,中层样本群和深层样本群的样本距离较近,表明它们之间的群落相似性比较高。

3.2 不同红树林沉积物生境间主要微生物类群和分布差异

本研究结果显示,沉积物的优势菌门均为 Proteobacteria、Chloroflexi 和 Desulfobacterota, 这与张攀等(2022)对东寨港红树林的研究发现一致。Proteobacteria 是细菌中最大的一门,含有大量能分解有机物和参与生物地球化学循环的功能好氧菌,同时也是中国、马来西亚、印度和巴西等已调查红树林沉积物中的优势菌种(Mendes et al., 2012; Priya et al., 2018; Zhu et al., 2018; Nathan et al.,

2020)。Chloroflexi 是兼性厌氧革兰氏阴性菌, 在光合作用中不产生 O_2 , 利用 3-羟基丙酸途径来固定 CO_2 。Desulfobacterota 包含了属于专性厌氧菌在内的 *Desulfovibrio* 和 *Desulfobacter* 等硫酸盐还原菌, 并主导了硫化氢气体的产生(Foti et al., 2007; Dias et al., 2010; Hori et al., 2010; Andreote et al., 2012)。属水平的优势微生物来源于 *unclassified_Gammaproteobacteria*、*Anaerolinea* 和 *Woeseia*。有研究表明, 海洋以及近海沉积物中的 Proteobacteria 以 Gammaproteobacteria 为主, 且 Gammaproteobacteria 在沉积物生物地球化学循环, 特别是厌氧氨氧化过程中起到主导的作用, 其存在表明红树林沉积物中碳氮元素含量较高且存在比较强的生物地球化学循环。*Anaerolineales* 和同菌门的 SBR1031 都属于 *Anaerolineae*, 具有很强的化能异养能力, 可以作为降解碳水化合物、氨基酸和石油相关化合物的功能微生物。已有研究表明, 受到石油污染和生活污染的红树林沉积物中均存在 *Anaerolineae* (Yamada et al., 2005; Sutton et al., 2013)。*Woeseia* 具有兼性化能自养的潜力, 可能在烃类化合物和无机硫化合物的氧化分解过程中起到重要作用。Zhang et al. (2019) 的研究表明, 来自 *Woeseia* 的一些沿海和深海谱系的亲缘细菌分泌的酶与在营养中起作用的肽酶是同源的, 这表明 *Woeseia* 可能广泛参与海洋底栖环境中碎屑蛋白质的循环。A4 和 A5 样本组的主导微生物都是 *Anaerolinea*、*SBR1031*、*Thermodesulfovitrionia* 等具有较强的污染环境适应能力和污染降解潜能的细菌属, 这与环境受污染的程度密切相关。*Woeseia* 在 A1 中有较高的丰度, 表明人工林的繁育可能对改善沿海环境起到了较大的作用。在 B4 ~ B6 样本中, 随着深度增加, 古菌的主导菌门从 Proteobacteria 转为 Chloroflexi, 这提示该样本点微生物的环境污染物降解能力随着深度增加而减少, 可能的原因是深层沉积物受污染情况较轻。

3.3 红树林沉积物生境微生物碳汇能力的赋存规律

由于红树林是一类特殊生境, 其微生物碳汇能力与其他富含有机质的地理区域存在差异。水平分布上, 细菌碳汇能力最强的区域是受污染程度最轻、林分尚未成熟的站点, 而林分发育较成熟站点的细菌碳汇能力反而较弱。在林分发育成熟的区域, 生态系统的碳汇功能由植物主导, 挤

占了固碳细菌的功能生态位, 导致了固碳细菌的退化性演变, 细菌碳汇能力随之降低。在环境污染较为严重的区域, 演化出了一些具有强降解能力的细菌, 这些细菌的代谢通路在 CO_2 的利用方面显著强于其他细菌; 成熟的林分结构降低了污染物对细菌多样性的影响, 提高了细菌群落结构的稳定性, 因此林分成熟且高污染区域的细菌也呈现出比较高的碳汇能力(Jiang et al., 2013; Wang et al., 2014; Chen et al., 2016; Rocha et al., 2016)。由此可以推断, 自然条件下的红树林沉积物具有较强的微生物碳汇能力, 污染会对红树林林分发育不完善地区的微生物碳汇能力造成比较显著的负面影响, 而发达的红树林植被可以减弱污染带来的负面影响, 并维持红树林沉积物生境微生物碳汇能力稳定性。

在垂直分布上, 微生物的碳汇能力并没有因为深度呈现出比较明显的区别。深度并不能改变微生物的碳汇能力, 这可能是由于本研究中样本的深度差异不大。垂直分布上的微生物碳汇能力的大小在类别上与水平分布不同, 光能固碳微生物的碳汇能力比原核固碳微生物的更强, 推测其原因是古菌中的光能固碳微生物分类较多, 增加了样本中微生物碳汇能力的估算值。

4 结 论

1) 在红树林区, 污染程度较低、林分未成熟地区的沉积物具有比较高的物种丰富度和较低的物种均匀度, 而污染程度适中、林分发育成熟地区的沉积物具有比较高的物种多样性和物种均匀度。

2) 红树林沉积物的优势菌门为 Proteobacteria、Chloroflexi 和 Desulfobacterota, 属水平的优势微生物来源于 *unclassified_Gammaproteobacteria*、*Anaerolinea* 和 *Woeseia*。

3) 污染程度严重、林分发育成熟的地区具有更多的特有 ASV 序列; 随着深度的增加, 沉积物微生物的丰富度、多样性和均匀度等微生物 α 多样性指标都呈下降趋势, 其中多样性指数下降最为显著。

4) 污染程度轻、林分未成熟的红树林区具有最优的微生物碳汇能力; 在高亮部分前插入: 在 50 cm 深度范围内, 微生物碳汇能力与采样深度之间不存在密切关系。

参考文献:

- 蔡云梅, 王固宁, 李彩霞, 等, 2019. 汕头红树林沉积物中环芳烃垂直污染特征[J]. 环境科学与技术, 42(6): 170-175.
- 李鹏洋, 安启睿, 王新皓, 等, 2022. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析[J]. 环境科学, 43(5): 2586-2594.
- 于皓, 安益君, 金德才, 等, 2021. 铬污染对土壤细菌群落结构及其构建机制的影响[J]. 环境科学, 42(3): 1197-1204.
- 张攀, 谢先军, 黎清华, 等, 2022. 东寨港红树林沉积物中微生物群落结构特征及其对环境的响应[J]. 地球科学, 47(3): 1122-1135.
- ANDREOTE F D, JIMÉNEZ D J, CHAVES D, et al, 2012. The microbiome of Brazilian mangrove sediments as revealed by metagenomics[J]. PLoS One, 7(6): e38600.
- CHEN Q, ZHAO Q, LI J, et al, 2016. Mangrove succession enriches the sediment microbial community in South China[J]. Sci Rep, 6: 27468.
- DIAS A C F, ANDREOTE F D, RIGONATO J, et al, 2010. The bacterial diversity in a Brazilian non-disturbed mangrove sediment [J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 98(4): 541-551.
- FOTI M, SOROKIN D Y, LOMANS B, et al, 2007. Diversity, activity, and abundance of sulfate-reducing bacteria in saline and hypersaline soda lakes [J]. Appl Environ Microbiol, 73(7): 2093-2100.
- HORI T, MÜLLER A, IGARASHI Y, et al, 2010. Identification of iron-reducing microorganisms in anoxic rice paddy soil by ^{13}C -acetate probing [J]. ISME J, 4(2): 267-278.
- JIANG X T, PENG X, DENG G H, et al, 2013. Illumina sequencing of 16S rRNA tag revealed spatial variations of bacterial communities in a mangrove wetland[J]. Microb Ecol, 66(1): 96-104.
- MENDES L W, TAKETANI R G, NAVARRETE A A, et al, 2012. Shifts in phylogenetic diversity of archaeal communities in mangrove sediments at different sites and depths in southeastern Brazil [J]. Res Microbiol, 163(5): 366-377.
- NATHAN V K, VIJAYAN J, AMMINI P, 2020. Comparison of bacterial diversity from two mangrove ecosystems from India through metagenomic sequencing [J]. Reg Stud Mar Sci, 35: 101184.
- PRIYA G, LAU N S, FURUSAWA G, et al, 2018. Metagenomic insights into the phylogenetic and functional profiles of soil microbiome from a managed mangrove in Malaysia[J]. Agri Gene, 9: 5-15.
- RATH K M, ROUSK J, 2015. Salt effects on the soil microbial decomposer community and their role in organic carbon cycling: A review[J]. Soil Biol Biochem, 81: 108-123.
- ROCHA L L, COLARES G B, NOGUEIRA V L R, et al, 2016. Distinct habitats select particular bacterial communities in mangrove sediments[J]. Int J Microbiol, 2016: 3435809.
- SUTTON N B, MAPHOSA F, MORILLO J A, et al, 2013. Impact of long-term diesel contamination on soil microbial community structure[J]. Appl Environ Microbiol, 79(2): 619-630.
- WANG H T, SU J Q, ZHENG T L, et al, 2014. Impacts of vegetation, tidal process, and depth on the activities, abundances, and community compositions of denitrifiers in mangrove sediment[J]. Appl Microbiol Biotechnol, 98(22): 9375-9387.
- YAMADA T, SEKIGUCHI Y, IMACHI H, et al, 2005. Diversity, localization, and physiological properties of filamentous microbes belonging to *Chloroflexi* subphylum I in mesophilic and thermophilic methanogenic sludge granules [J]. Appl Environ Microbiol, 71(11): 7493-7503.
- ZHANG K, SHI Y, CUI X, et al, 2019. Salinity is a key determinant for soil microbial communities in a desert ecosystem[J]. mSystems, 4(1): e00225-e00218.
- ZHU P, WANG Y, SHI T, et al, 2018. Intertidal zonation affects diversity and functional potentials of bacteria in surface sediments: A case study of the Golden Bay mangrove, China[J]. Appl Soil Ecol, 130: 159-168.

(责任编辑 张冰)