

李晓勇, 汪欢, 郑越, 吴义诚. 滨海湿地好氧甲烷氧化菌群落结构及其环境驱动因素[J]. 土壤学报, 2025,

LI Xiaoyong, WANG Huan, ZHENG Yue, WU Yicheng. Aerobic Methanotroph Community Structure and Environmental Drivers in Coastal Wetlands[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025,

滨海湿地好氧甲烷氧化菌群落结构及其环境驱动因素 *

李晓勇¹, 汪欢², 郑越², 吴义诚^{1†}

(1. 厦门理工学院环境科学与工程学院, 福建厦门 361024; 2. 厦门大学环境与生态学院, 福建厦门 361102)

摘要: 为探讨中国东南沿海滨海湿地好氧甲烷氧化菌的群落结构特征及其主控环境因子, 采集上海、福州、厦门、东莞四个滨海湿地的沉积物样品, 通过甲烷氧化速率测定、理化性质分析, 利用 16S rRNA 扩增子解析群落结构, 结合冗余分析, 评估温度、降水量和盐度等环境因子对群落分布的影响。结果表明: 在甲烷氧化速率方面, 各湿地沉积物存在显著差异, 福州最高 ($0.11 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$), 东莞最低 ($0.06 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) ; 在群落组成方面, 各湿地的群落结构组成也存在明显差异, 上海和厦门样点以 *Methylomicrobium* 为优势类群, 福州和东莞样点以 *Methylobacter* 和 *Methylocystis* 为主; 冗余分析显示, 温度、含水率和盐度是塑造甲烷氧化菌群落结构的关键因素, 其中温度与 *Methylobacter* 丰度呈显著正相关, 盐度与 *Methylocystis* 丰度呈显著负相关。滨海湿地好氧甲烷氧化菌的群落结构和代谢活性受到多重环境因子的调控, 不同区域的差异主要源于功能菌群对局部环境的适应性响应。研究结果揭示了滨海湿地好氧甲烷氧化菌群落的空间异质性和驱动机制, 为理解湿地碳循环过程提供了理论支持。

关键词: 甲烷氧化菌; 滨海湿地; 群落结构; 甲烷氧化速率; 16S rRNA 测序; 环境因子

中图分类号: Q938.8

文献标志码: A

Community Structure of Aerobic Methanotrophs and Environmental Drivers in Coastal Wetlands

LI Xiaoyong¹, WANG Huan², ZHENG Yue², WU Yicheng^{1†}

(1. School of Environment Science and Engineering, Xiamen University of Technology, Xiamen, Fujian 361024, China; 2. College of Environment and Ecology, Xiamen University, Xiamen, Fujian 361102, China)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to investigate the community structure of aerobic methanotrophs in coastal wetlands of southeastern China and the key environmental factors shaping their distribution. 【Method】 Sediment samples were collected from four coastal wetlands (Shanghai, Fuzhou, Xiamen, and Dongguan). Methane oxidation rates were determined, physicochemical properties were analyzed, and 16S rRNA amplicon sequencing was performed to resolve community composition. Redundancy analysis (RDA) was applied to assess the influence

* 福建省自然科学基金面上项目(2023J011422)、国家自然科学基金青年基金项目(423B2603)资助 Supported by the Fujian Provincial Natural Science Foundation (No. 2023J011422) and the National Natural Science Foundation of China (No. 423B2603)

† 通讯作者 Corresponding author: 吴义诚(1984—), 男, 博士, 主要研究方向为水污染治理。E-mail: ycwu@xmut.edu.cn
作者简介: 李晓勇(1998—), 男, 山西省晋中市人, 硕士研究生, 主要从事环境微生物研究。E-mail: 13485471594@163.com

收稿日期: 2025-03-28; 收到修改稿日期: 2025-06-22; 网络首发日期 (www.cnki.net): 202— —

of environmental factors such as temperature, precipitation, and salinity on community distribution. 【Result】 The results showed significant differences in methane oxidation rates among wetlands, with the highest rate observed in Fuzhou ($0.11 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and the lowest in Dongguan ($0.06 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$). Community composition also varied substantially: *Methylomicrobium* dominated in Shanghai and Xiamen, while *Methylobacter* and *Methylocystis* were more abundant in Fuzhou and Dongguan. RDA indicated that temperature, water content, and salinity were the major drivers of community structure, with *Methylobacter* abundance positively correlated with temperature, and *Methylocystis* abundance negatively correlated with salinity. These findings demonstrate that the community structure and metabolic activity of aerobic methanotrophs in coastal wetlands are regulated by multiple environmental factors, and regional differences are primarily shaped by the adaptive responses of functional taxa to local conditions. 【Conclusion】 The study results highlights the spatial heterogeneity and environmental drivers of methanotroph communities in coastal wetlands and provides theoretical insights into wetland carbon cycling processes.

Key words: Methanotrophs; Coastal wetlands; Community composition; Methane oxidation rate; 16S rRNA sequencing; Environmental factors

甲烷(CH_4)作为全球第二大温室气体，其20年时间尺度下的全球增温潜能是二氧化碳(CO_2)的82.5倍^[1]。近年来， CH_4 排放量正以每年1%至1.2%的速率增长， CH_4 的源汇平衡逐渐被打破^[2]。 CH_4 年排放量约为576 Tg，对全球变暖的贡献超过25%^[3-4]。政府间气候变化专门委员会(IPCC)与我国“双碳”战略均强调温室气体减排的紧迫性，2023年发布的《农业农村减排固碳实施方案》将“稻田甲烷减排”列为首要重点任务，凸显了 CH_4 控制在农业与生态系统碳管理中的重要性^[5]。甲烷氧化菌作为自然界中唯一的甲烷生物汇，在全球碳汇体系中发挥着关键作用^[6-7]。滨海湿地是甲烷循环的热区，贡献了全球甲烷排放通量的7%~30%，是维持 CH_4 源汇平衡的关键区域^[8-9]。因此，研究滨海湿地的甲烷氧化过程，在揭示全球气候变暖过程与优化区域碳平衡格局的关键机制方面，发挥着重要作用^[10]。

甲烷氧化菌是一类以甲烷为主要碳源和能源的专性好氧微生物，依赖甲烷单加氧酶将甲烷氧化为甲醇，最终转化为二氧化碳和水。甲烷氧化过程主要分为好氧过程与厌氧过程两种：好氧甲烷氧化以甲烷氧化细菌为主，依赖分子氧进行代谢，主要包括 α/γ -变形菌纲类群；而厌氧甲烷氧化依赖特定微生物类群的代谢活动，目前已鉴定的厌氧氧化菌主要包括甲烷厌氧氧化古菌、NC10门细菌，以及与硫酸盐还原菌共生的硫酸盐型甲烷厌氧氧化体系，后者在硫酸盐丰富的生境(如滨海盐沼)中发挥着关键的甲烷汇作用^[11-12]。本研究以含氧浅层沉积物为研究对象，仅关注好氧甲烷氧化过程及其微生物群落结构。甲烷氧化细菌在环境中广泛分布，其典型生境包括湿地、湖泊水体及沉积物、农田、森林土壤、海洋等生态系统，其中滨海湿地作为关键区域，因其甲烷生成与氧化过程活跃，成为调控甲烷通量的核心界面。甲烷氧化细菌的甲烷代谢活性和群落结构易受环境因子影响，如温度、盐度、氧气和水分等。在甲烷氧化活性温度的适宜范围内，温度升高会加快甲烷氧化速率，其中II型甲烷氧化细菌作为主要功能群，其丰度随温度升高呈正相关趋势^[13]。Zhang等^[14]研究发现，甲烷氧化细菌群落的多样性随着盐度的增加而降低，II型和I型甲烷氧化细菌分别在高盐度沉积物样品和低盐度沉积物样品中的丰度占据优势。

滨海湿地是甲烷的主要汇，已有研究表明，气候变化、海平面上升以及人类活动(如围垦、城市扩张等)对滨海湿地中甲烷氧化细菌的甲烷代谢活性和群落结构产生显著影响^[15-16]。Zhang等^[17]在福建三明亚热带森林的研究中发现，气候变暖减少了土壤水分含量，间接促进了甲烷氧化细菌的活性，改变了森林土壤中甲烷氧化细菌的群落结构，从而增强了土壤甲烷氧化能力。海平面上升引起的盐度增加对甲烷排放有显著抑制作用，Soued等^[18]研究发现在加拿大草原地区，盐度增加限制了甲烷排放，导致甲烷氧化细菌群落的结构和活性发生变化。

尽管已有研究揭示了温度、盐度等环境因子对甲烷氧化细菌群落的影响，但多集中于单一滨海湿地或局部区域。对于不同区域滨海湿地间甲烷氧化特征及其微生物群落结构差异的系统性研究仍较为缺乏，难以从整体尺度揭示其生态响应机制与区域异质性特征。

本研究选取中国东南沿海典型滨海湿地城市上海、福州、厦门和东莞作为研究区域，在实验室利用甲烷微宇宙系统对沉积物样品进行孵育实验，基于 16S rRNA 扩增子测序技术，探究不同滨海区沉积物中微生物群落结构对甲烷氧化速率的影响机制。同时运用冗余分析方法，剖析温度、降水量、盐度等环境因子对甲烷氧化细菌的分布、丰度及群落结构的影响，进而揭示甲烷氧化菌对多重环境因子的适应性规律。本研究成果将揭示不同环境梯度下微生物调控甲烷排放的生态过程，深化湿地碳循环的微生物学认知，为解析东南沿海滨海湿地甲烷氧化细菌的区域分异规律及微生物驱动机制提供关键数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况及样品采集

2024 年 6—7 月在上海（ $31^{\circ}12'25''\text{N}$ 、 $121^{\circ}17'39''\text{E}$ ）、福州（ $26^{\circ}01'48''\text{N}$ 、 $119^{\circ}12'06''\text{E}$ ）、厦门（ $24^{\circ}34'32''\text{N}$ 、 $118^{\circ}04'01''\text{E}$ ）和东莞（ $22^{\circ}47'07''\text{N}$ 、 $113^{\circ}54'48''\text{E}$ ）采集滨海淡水湿地沉积物。每个样点选取一个 $0.5\text{ m} \times 0.5\text{ m}$ 样方，采集 $0\sim10\text{ cm}$ 沉积物样品，并按 1:1 的比例收集上覆水。每个样方随机采集 3 个样品混合在一个灭菌的采样瓶中，部分用于甲烷氧化微宇宙孵育实验，部分风干后用于沉积物理化指标分析。

1.2 上覆水及沉积物理化性质

沉积物样品风干 24 h 后，在 105°C 烘箱烘干 12 h 测定含水量。风干研磨样品加入 $0.01\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{ CaCl}_2$ （水土比 1:2.5）测定 pH。取 6 cm^3 的沉积物样品放入 110 mL 血清瓶中，用丁基橡胶塞和铝盖密封后加入 $2\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{ NaOH}$ ，常温静置反应 12 h 后用气相色谱仪（GC7890，Agilent，美国）测定沉积物溶解态甲烷含量。 $2\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{ KCl}$ 和 $0.5\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{ NaHCO}_3$ 萃取后用 AA3 营养盐分析仪（AutoAnalyzer3，SEAL，德国）测定铵盐 (NH_4^+)、硝酸盐 (NO_3^-)、亚硝酸盐 (NO_2^-)、磷酸盐 (PO_4^{3-}) 和溶解硅酸盐 (DSi)。测定结果见表 1。

表 1 滨海湿地沉积物的物理化学指标

Table 1 Physicochemical characteristics of coastal wetland sediments

样点 Site	盐度 Salinity $(\text{g}\cdot\text{kg}^{-1})$	pH	沉积物含水量 Water content/%	溶解态甲烷 Dissolved CH_4 $(\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1})$	铵盐 Ammonium $(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	硝酸盐 Nitrate $(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	亚硝酸盐 Nitrite $(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	磷酸盐 Phosphate $(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	溶解硅酸盐 Dissolved silicate $(\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1})$
上海 Shanghai	1.9	7.5	41.89	0.05	38.60	0.04	0.02	0.02	97.92
福州 Fuzhou	0.8	7.3	56.24	0.04	1.72	0.04	0.02	0.00	80.58
厦门 Xiamen	0.8	7.7	37.31	1.23	0.66	0.05	0.01	0.00	100.20
东莞 Dongguan	0.4	7.8	46.28	0.09	40.66	0.05	0.02	0.18	103.60

1.3 微宇宙培养和甲烷测定

微宇宙培养实验：将沉积物样品在 25°C 、黑暗条件下预培养 2 周以去除沉积物中原有 CH_4 。称取 10 g 沉积物样品于 110 mL 的无菌血清瓶中，加入 10 mL 沉积物上覆水，用丁基橡胶塞封闭瓶口，并用铝盖压紧。血清瓶的气体空间加入 5% (V/V) 甲烷 (CH_4) 和 95% (V/V) 空气。为排除其他因素对甲烷氧化的影响，另设置 1% (V/V) C_2H_2 (乙炔，甲烷氧化抑制剂)、5% (V/V) 甲烷 (CH_4) 和 94% (V/V) 空气作为对照。每组设置 5 个平行组，在 25°C 下黑暗静置培养。

甲烷浓度测定：在加入甲烷后 0、2、4、6、8、10、12 d 采样，测量顶空中的 CH₄ 浓度。用注射器从每个瓶中定期抽取 0.7 mL 顶空气体，并使用气相色谱仪（Agilent 7890，美国）配备热导检测器进行测定，色谱柱为 HayeSep Q (1.8 m×2 mm, G3591-81047, 安捷伦)，柱箱、进样口和检测器的温度分别为 80、250 和 200 °C，载气为高纯氮气，流速 45 mL·min⁻¹，进样量 500 μL。为保持瓶内压力恒定，每次抽取气体后注入等量氮气。土壤甲烷氧化速率通过对顶空甲烷物质的量随时间变化的线性回归进行计算。培养 12 d 后，取培养液离心 (5 000×g, 4 °C, 5 min)，弃上清液，沉淀用于 DNA 提取。

1.4 总 DNA 提取和高通量测序

微宇宙中 0 d 和 12 d 的样品基因组 DNA 用 FastDNA® 土壤提取试剂盒 (MPbio, 美国) 提取，并进行琼脂糖凝胶电泳检测。然后以细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区为靶标，使用引物对 341F (5'-CCTACGGGCAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3') 进行 PCR 扩增。扩增纯化后的 PCR 产物按等摩尔混合，使用 Illumina PE300 平台进行双端 (paired-end) 300 bp 测序。扩增子序列分析使用 QIIME 2 (v2024.10) 软件进行，利用 Trimmomatic (v0.39) 对低质量序列 (长度小于 100 bp 或质量评分低于 25) 进行过滤。最后，采用 DADA2 算法进行扩增子序列变体 (ASVs) 聚类分析，获得 99% 相似性水平下的代表性 ASV 序列 17 671 个，并通过 Classify-sklearn 进行注释，完成甲烷氧化菌群落结构与多样性分析。剔除所有测序序列低质量 reads、引物和条形码，使用 mafft 进行多序列比对，并结合 Greengene 细菌数据库进行注释。

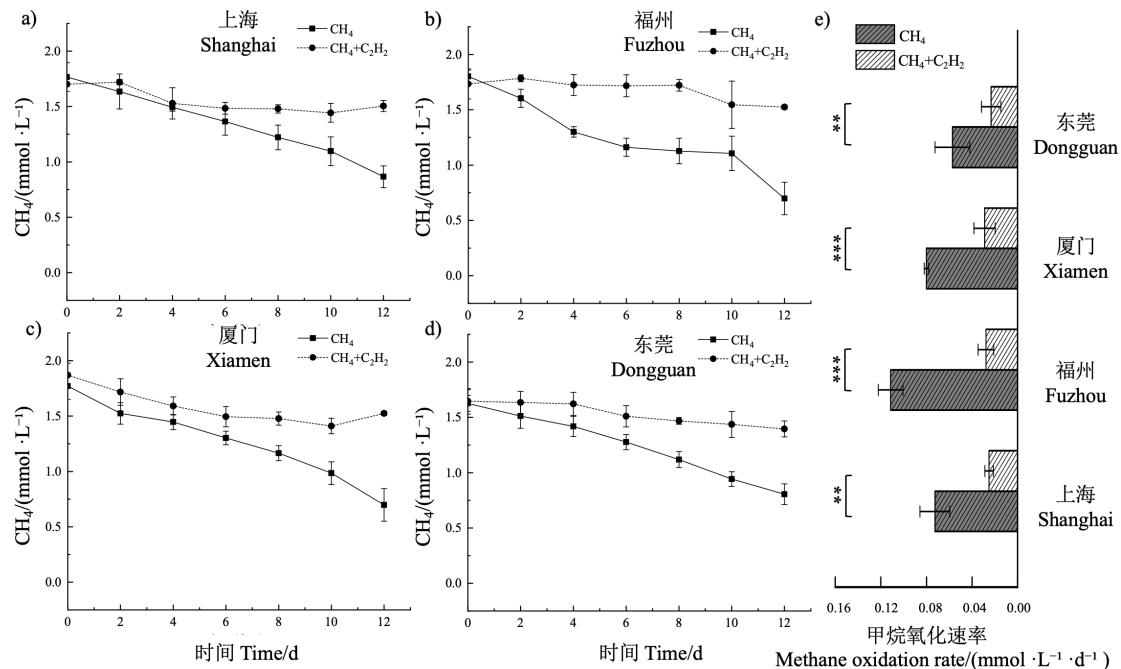
1.5 群落特征指标和统计分析

用 Chao1 指数评估群落的物种丰富度，系统发育多样性 (Phylogenetic diversity, PD) 反映群落多样性的进化维度。为揭示群落间的差异性模式，采用主坐标分析 (Principal coordinate analysis, PCoA) 与多维尺度分析 (Multidimensional scaling, MDS)。使用 R 软件进行非度量多维标度分析，计算 Pearson 相关系数检验变量之间的线性相关性。Rstudio 软件进行冗余分析并使用 Origin 8.5 软件 (OriginLab, 美国) 绘制图形。

2 结果

2.1 滨海湿地甲烷氧化速率

上海、福州、厦门和东莞四个滨海淡水湿地的甲烷浓度均随培养时间逐渐降低，培养周期内的甲烷氧化速率分别为 0.08、0.11、0.08 和 0.06 mmol·L⁻¹·d⁻¹ (图 1)。添加乙炔 (CH₄+C₂H₂) 的处理组中甲烷氧化速率缓慢，显著低于 CH₄ 实验组 ($P < 0.01$) (图 1e)，表明乙炔通过特异性抑制甲烷单加氧酶活性，抑制了甲烷氧化过程^[19]。统计结果显示，各样点甲烷氧化速率存在显著差异 ($P < 0.05$)，呈现明显的空间异质性，其中福州湿地的甲烷氧化能力最强，东莞最低。这种差异可能与不同湿地甲烷氧化菌的群落组成及其所处的环境条件密切相关。



注：图中误差线为标准差。Note: The error bars in the figure represent the standard deviation. **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$.

图 1 不同滨海湿地沉积物中甲烷浓度变化及甲烷氧化速率

Fig. 1 Changes in methane concentration and methane oxidation rates in sediments from different coastal wetlands

2.2 滨海湿地甲烷氧化菌群落特征

根据 Chao1 丰富度指数和系统发育多样性指数 (PD) 的分析结果 (图 2)，东莞和福州两地的微生物群落物种丰富度较高，而厦门较低。然而，不同滨海湿地之间的土壤整体微生物多样性差异并不显著 ($P>0.05$) (图 2a、图 2b)。主坐标分析 (PCoA) 结果显示，不同湿地微生物群落结构存在显著空间差异，样本在各自区域内聚类明显 (图 2c)。进一步的非度量多维尺度分析 (MDS) 表明，培养前后土壤微生物群落结构存在一定程度的变化 (图 2d)，表明甲烷作为唯一碳源诱导了群落结构的动态响应。

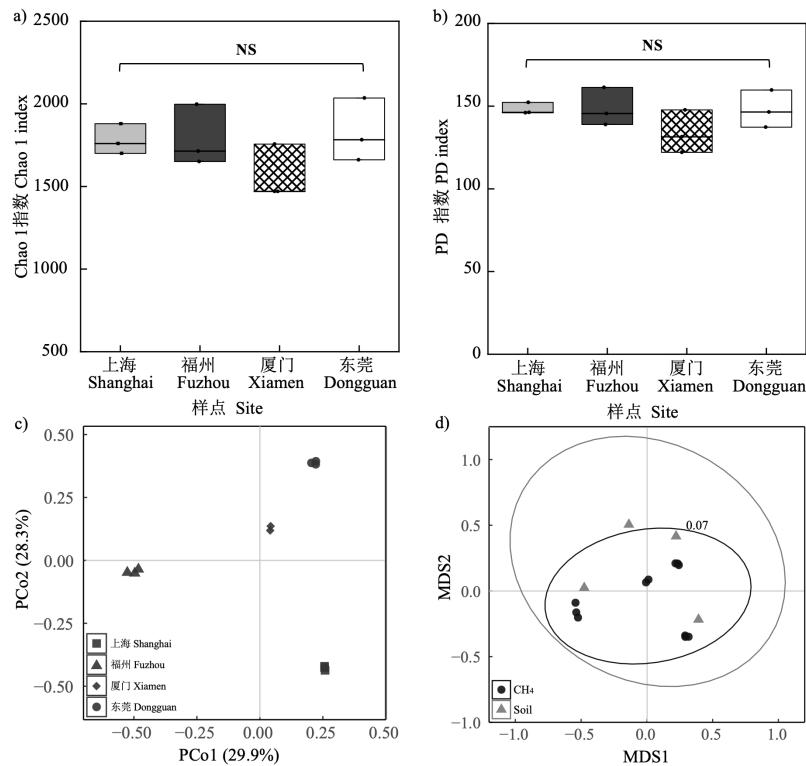


图 2 滨海湿地甲烷氧化菌群的群落结构

Fig. 2 Community structure of methane-oxidizing bacteria in coastal wetlands

从群落丰度组成分析看,四个海滨湿地的微生物群落在科水平上呈现差异,其中甲基单胞菌科(*Methylomonadaceae*)在厦门和上海相对丰度较高,尤其在上海采集的滨海沉积物中占据优势(图3a)。该科是典型的甲烷氧化菌科,在湿地生态系统中的甲烷代谢过程中发挥关键作用。此外,厌氧绳菌科(*Anaerolineaceae*)、亚硝化单胞菌科(*Nitrosomonadaceae*)以及黄杆菌科(*Xanthobacteraceae*)等在各湿地中也具有较高的检出比例。在属水平(图3b),主要的甲烷氧化菌包括甲基微球菌属(*Methylovirobium*)和甲基杆菌属(*Methylobacter*)。其中,*Methylovirobium*在厦门和上海的相对丰度较高,在厦门地区表现出明显优势,该菌通常适应高浓度甲烷环境,具有较强的氧化能力。而*Methylobacter*在东莞和福州地区也具有一定优势,表明其在低盐或中等盐度环境中具有较强适应性。

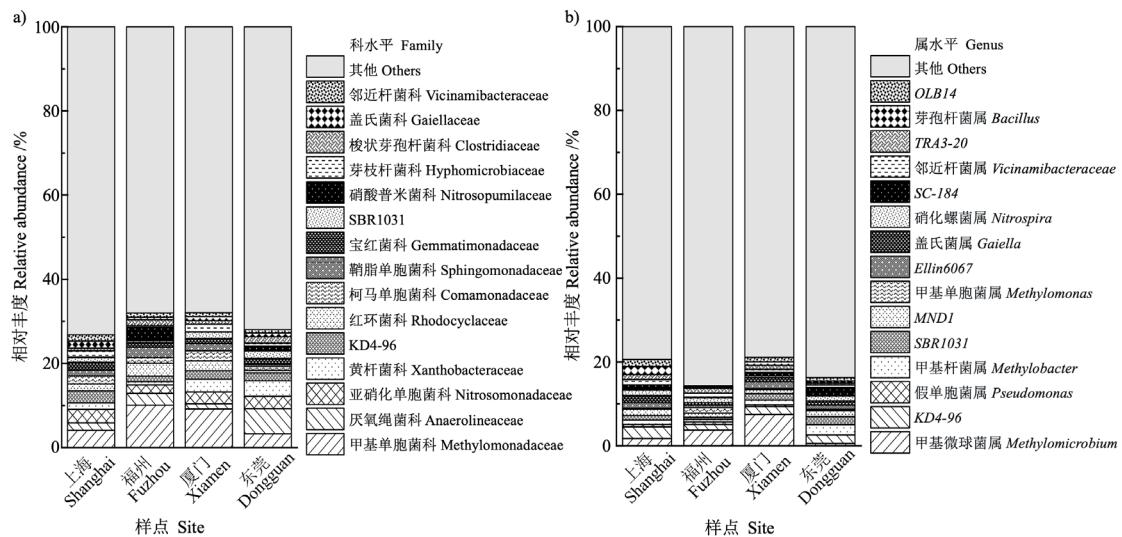


图 3 不同样点丰度前 15 的物种组成

Fig. 3 Species composition of the top fifteen abundant species at different sampling sites

筛选甲烷氧化菌属后发现，四个淡水湿地沉积物样本中主要检测到 *Methylomicrobium*、*Methylobacter*、*Methylocystis* 和 *Methylomonas* 等类群，上海、福州、厦门和东莞中的甲烷氧化菌的相对丰度分别为 6.18×10^{-4} 、 4.18×10^{-4} 、 11.19×10^{-4} 和 4.19×10^{-4} 。其中，丰度居前的菌属分别为 *Methylomicrobium* (1.34×10^{-4})、*Methylobacter* (5.11×10^{-4})、*Methylocystis* (2.75×10^{-4}) 和 *Methylomonas* (1.97×10^{-4})。好氧甲烷氧化菌以 *Methylobacter* 和 *Methylococcus* 为主，厌氧型则以 *Candidatus_Methylophilus* (NC10 门) 为代表。物种丰度分布分析显示(图 4)，*Methylomicrobium* 在厦门样点中占据优势，显著高于其他地区。*Methylobacter* 在福州和东莞样点的相对丰度较高，在福州表现突出，表明该属在当地可能具有重要生态位。*Methylocystis* 在各点的丰度较均衡，仅在上海略低，而 *Methylomonas* 在上海相对较丰富。其他类群如 *Methylosarcina*、*Methylocella* 等在各地丰度普遍较低，且分布分散。

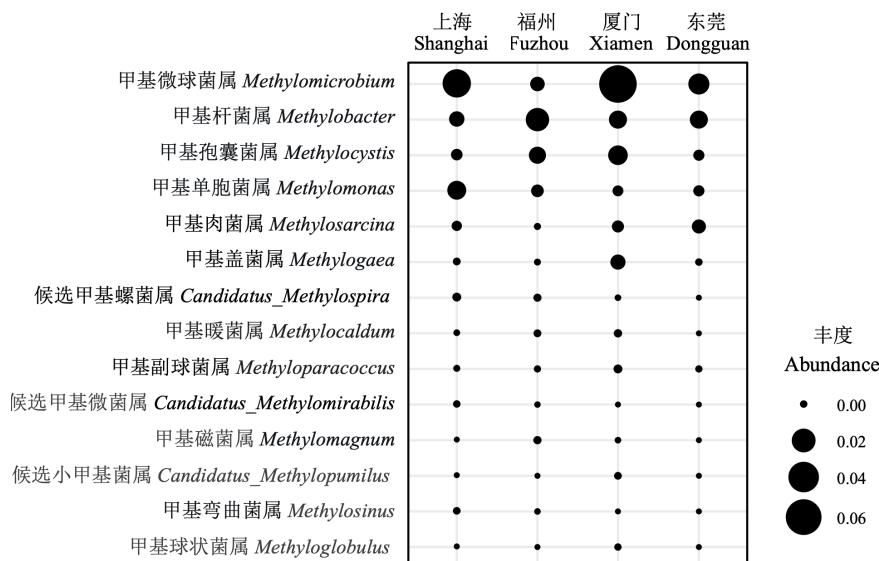
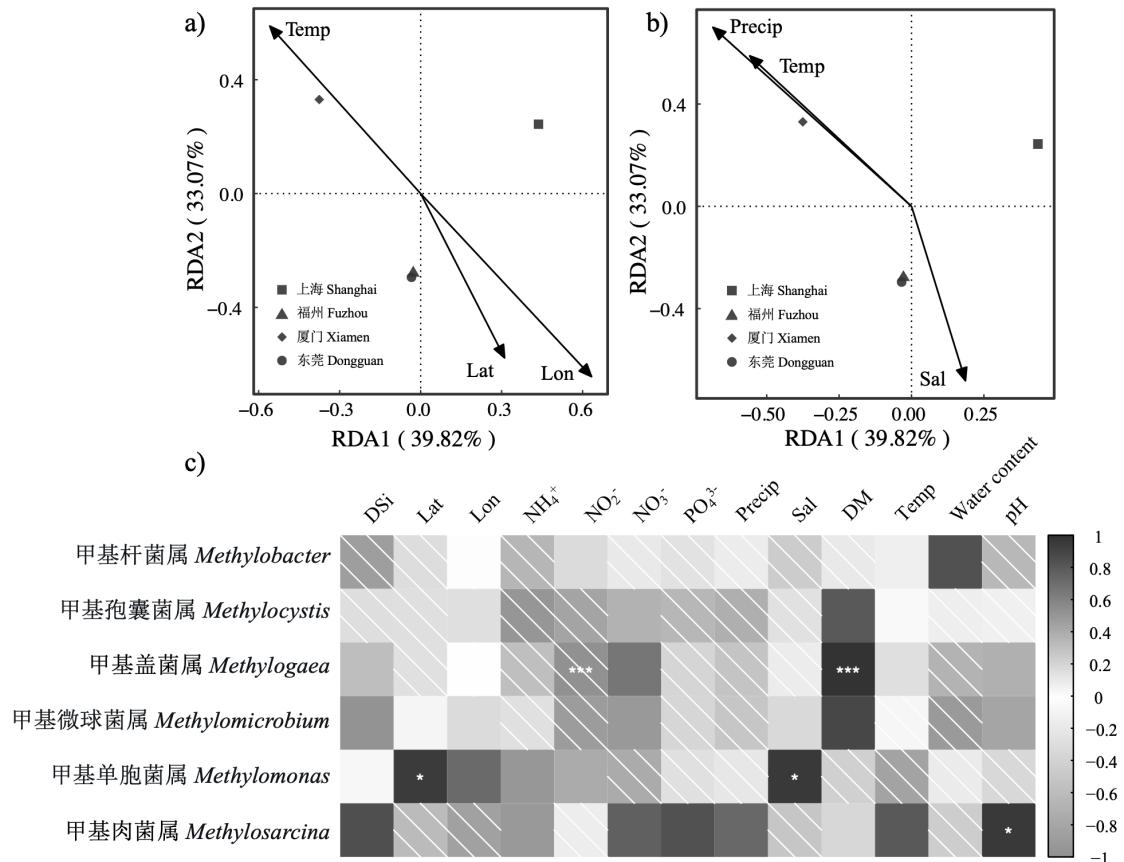


图 4 属水平下滨海湿地甲烷氧化菌群落特征

Fig. 4 Characteristics of methane-oxidizing bacterial communities in coastal wetlands at the genus level

2.3 环境因子与甲烷氧化菌群落结构关联性

冗余分析(RDA)和相关性热图结果表明(图 5)，环境因子对甲烷氧化菌群落结构具有显著影响。RDA 分析(图 5a、图 5b)显示，经纬度、温度、盐度和降水量是塑造微生物群落分布的主要因子。厦门的甲烷氧化菌群落结构与温度和降水量呈显著正相关($P < 0.05$)，东莞和福州的群落结构与盐度密切相关($P < 0.05$)。相关性热图(图 5c)进一步揭示了主要甲烷氧化菌属(如 *Methylobacter*、*Methylocystis* 等)与环境变量(如盐度、温度、pH 等)之间的相关性。其中，*Methylomonas* 与土壤盐度呈正相关，而 *Methylobacter* 和 *Methylosarcina* 与盐度呈负相关；*Methylogaea* 与亚硝酸盐(NO_2^-)呈显著负相关。



注: Lat: 纬度; Lon: 经度; Precip: 年均降水量; Sal: 盐度; DM: 溶解态甲烷; Temp: 年均气温; Water content: 沉积物含水率。Note: Lat: Latitude; Lon: Longitude; Precip: Annual precipitation; Sal: Salinity; DM: Dissolved methane; Temp: Annual mean temperature; Water content: Sediment water content.

图 5 环境因子对甲烷氧化菌群落的影响

Fig. 5 Impact of environmental factors on methane-oxidizing bacterial communities

3 讨论

3.1 环境因子驱动甲烷氧化菌群落构建的生态机制

滨海淡水湿地中, 甲烷氧化菌群落的空间差异受到多重环境因子的调控, 而这种调控效应在不同区域表现出显著差异。由于气候和地理背景的不同, 环境因子对甲烷氧化菌丰度和群落结构的作用方式与强度存在差异。本研究结果显示, 温度是塑造群落结构的核心驱动因子之一。温度升高不仅对 *Methylomicrobium* 和 *Methylomonas* 的相对丰度产生了抑制作用, 同时也促进了其他类群的代谢活性与增殖, 表现出双重调控效应。在福州 (19.7 °C) 等高温区域, 升温显著增强了 *Methylobacter* 的甲烷单加氧酶催化效率, 导致其丰度快速增加; 而在上海等低温区, *Methylomicrobium* 则因低温条件减弱了广温菌的竞争压力而成为优势类群。这种温度驱动的群落演替机制与 Lu 等^[20]和 Tveit 等^[21]的研究结论相一致, 低温环境会降低甲烷氧化菌的整体活性, 进而使群落组成发生转变, 导致甲烷氧化途径和代谢能力发生变化。同时, 降水量和沉积物含水率通过调节土壤孔隙通气性、溶解氧扩散效率以及底栖环境湿润程度, 间接调控甲烷氧化菌群落的空间分布与功能分异, 进一步强化了区域性差异^[22-23]。

盐度构成了对群落起刚性筛选作用的环境因子。当盐度水平超过 $1 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 时, *Methylocystis* 的渗透调节系统受到抑制, 其甘氨酸甜菜碱合成通路在高盐环境下效率下降,

导致丰度减少。这一负相关关系也解释了在盐度较低的福州湿地中甲烷氧化效率较高的现象。相比之下, *Methylomonas* 则能够积累海藻糖等相容性溶质来抵御盐度胁迫, 因此在上海和厦门等盐度较高的湿地仍保持较高活性。这与 Zhang 等^[14]在内蒙古湖泊湿地的研究结果一致, 他们发现高盐环境显著抑制甲烷氧化菌的代谢活性, 从而降低了甲烷氧化速率。Dai 等^[24]在盐渍化稻田的研究也验证了这一规律, *Methylocystis* 属在盐度升高过程中表现出活性和丰度的双重下降, 凸显其盐敏感性。

降水量与沉积物含水率对甲烷氧化菌群落的调控效应具有明显的生境特异性。在东莞湿地, 高降水量与沉积物含水率共同营造出低氧微环境, 有利于厌氧型 NC10 门细菌的繁殖与代谢; 而福州湿地中等含水率优化了好氧甲烷氧化细菌的氧扩散效率, 印证了“孔隙氧阈值理论”, 即当含水率超过 40%时, 好氧甲烷氧化速率会随着氧扩散受限呈指数衰减^[25]。因此, 水分条件不仅影响微生物的代谢效率, 也决定了不同功能菌群在生态系统中的优势地位。

环境因子通过“代谢约束–资源竞争–生境过滤”的级联机制驱动甲烷氧化菌的空间构建与功能分化: 盐度直接淘汰盐敏感类群, 温度重塑菌群间竞争格局, 而降水和含水率则通过调节氧扩散与生态位分化塑造群落演替。这一机制充分说明, 滨海淡水湿地甲烷氧化菌群落的结构特征与功能潜力并非单一因子所决定, 而是多重环境因子交互作用的综合结果。

3.2 甲烷氧化菌群落功能分化对甲烷氧化的级联效应

甲烷氧化细菌群落的结构异质性通过功能菌属的生态位分化深刻影响甲烷氧化效率。对比不同样点的群落组成和丰度差异, 上海和厦门湿地以 *Methylomicrobium* 为优势菌群, 而在福州和东莞, *Methylobacter* 和 *Methylocystis* 为优势类群, 相对丰度分别达到 3.35×10^{-5} 和 1.12×10^{-5} , *Methylocystis* 对低盐环境 ($<1 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$) 表现出较强适应性。这与 Deng 等^[26]发现的自然湿地中 *Methylocystis* 在低盐度湿地占比较高的结果一致。

盐度适应性分化进一步加剧了区域间的群落分化。在福州低盐环境 ($0.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$) 中, *Methylocystis* 依赖 Na^+/H^+ 逆向转运蛋白来缓解渗透压变化; 而在东莞样点, *Methylosarcina* 通过外排泵基因上调来增强抗盐能力。除单一属群的适应性外, 菌群间互作网络同样发挥关键作用。在福州样点中, *Methylobacter* 与亚硝化单胞菌科形成共生体系, 后者消耗抑制甲烷单加氧酶活性的铵盐, 同时为厌氧甲烷氧化菌提供电子受体, 从而使整体甲烷氧化速率比单一菌群体系提高约 25%。乙炔抑制实验进一步验证, 当微生物互作被阻断后, 氧化速率显著下降。

值得注意的是, 尽管各湿地甲烷氧化细菌总丰度无显著差异 ($P > 0.05$), 但功能冗余机制为系统提供了生态弹性。例如, 东莞通过富集耐盐菌 *Methylosarcina*, 在一定程度上弥补了高温条件的抑制效应; 而厦门虽然拥有最高的甲烷氧化细菌丰度 (1.12×10^{-3}), 但因缺乏关键的盐敏感型菌属而导致功能受限。已有研究表明, 较高的年均温度和降水量能够显著提高甲烷氧化细菌的丰度和代谢活性, 尤其对 *Methylobacter* 和 *Methylocystis* 等主要功能菌属的促进作用明显, 从而增强甲烷氧化潜力^[27-29]。由此可见, 决定甲烷氧化效率的核心因素并非总体群落丰度, 而是特定功能菌属的环境适应性。这一结果对湿地碳管理具有实践意义: 识别区域优势功能菌(如福州湿地的 *Methylobacter* 可作为生物标记), 并通过调控水文条件以优化其生境适配性, 以提升湿地生态系统的碳固存能力, 促进湿地碳汇功能的发挥。

综合比较本研究与国内外相关成果可知, 温度与盐度作为双重关键因子, 在调控甲烷氧化细菌群落结构与功能方面具有高度一致性, 而降水与含水率则存在明显的区域性差异, 反映了湿地类型与气候区背景在调控机制上的显著不同。总体而言, 甲烷氧化细菌群落的结构组成和功能属分布决定了湿地甲烷氧化速率的差异, 是影响甲烷代谢效率的关键生态机制。

4 结 论

中国东南沿海各滨海湿地的甲烷氧化速率存在显著差异,福州湿地的甲烷氧化速率最高,东莞湿地最低。不同湿地的优势甲烷氧化菌属也有所不同,上海和厦门以 *Methylomicrobium* 为主,福州和东莞则以 *Methylobacter* 为优势类群。高温显著促进了 *Methylobacter* 的丰度,高盐度则对 *Methylocystis* 的丰度产生抑制作用。研究结果为理解滨海湿地碳循环过程及温室气体减排机制提供了理论依据。

参考文献 (References)

- [1] Chang H T, Chern Y R, Asri A K, et al. Innovating Taiwan's greenhouse gas estimation: A case study of atmospheric methane using GeoAI-Based ensemble mixed spatial prediction model[J]. Journal of Environmental Management, 2025, 380: 125110.
- [2] Peng S S, Lin X, Thompson R L, et al. Wetland emission and atmospheric sink changes explain methane growth in 2020[J]. Nature, 2022, 612(7940): 477-482.
- [3] Jackson R B, Saunois M, Bousquet P, et al. Increasing anthropogenic methane emissions arise equally from agricultural and fossil fuel sources[J]. Environmental Research Letters, 2020, 15(7): 071002.
- [4] Naidoo S. Commentary on the contribution of working group III to the sixth assessment report of the intergovernmental panel on climate change[J]. South African Journal of Science, 2022, 118(9/10). <https://doi.org/10.17159/sajs.2022/14690>.
- [5] Zhang G B, Ma J, Xu H, et al. Status quo of research and suggestions on reduction of non-CO₂ greenhouse gas emission from Chinese farmland[J]. Bulletin of Chinese Academy of Sciences, 2023, 38(3): 504-517. [张广斌, 马静, 徐华, 等. 中国农田非CO₂温室气体减排的研究现状与建议[J]. 中国科学院院刊, 2023, 38(3): 504-517.]
- [6] Strong P J, Xie S, Clarke W P. Methane as a resource: Can the methanotrophs add value?[J]. Environmental Science & Technology, 2015, 49(7): 4001-4018.
- [7] He Z F, Wang J Q, Hu J J, et al. Regulation of coastal methane sinks by a structured gradient of microbial methane oxidizers[J]. Environmental Pollution, 2019, 244: 228-237.
- [8] Segarra K E A, Comerford C, Slaughter J, et al. Impact of electron acceptor availability on the anaerobic oxidation of methane in coastal freshwater and brackish wetland sediments[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2013, 115: 15-30.
- [9] Saengkerdsub S, Ricke S C. Ecology and characteristics of methanogenic archaea in animals and humans[J]. Critical Reviews in Microbiology, 2014, 40(2): 97-116.
- [10] Kalyuzhnaya M G, Puri A W, Lidstrom M E. Metabolic engineering in methanotrophic bacteria[J]. Metabolic Engineering, 2015, 29: 142-152.
- [11] Lee J, Yang Y R, Kang H, et al. Climate-induced shifts in sulfate dynamics regulate anaerobic methane oxidation in a coastal wetland[J]. Science Advances, 2025, 11(17): eads6093.
- [12] Ettwig K F, Butler M K, Le Paslier D, et al. Nitrite-driven anaerobic methane oxidation by oxygenic bacteria[J]. Nature, 2010, 464(7288): 543-548.
- [13] Guo J H, Fan Y, Zhang X M. Effect of temperature on soil methane oxidation and methanotrophs in different ecosystems[J]. Chinese Journal of Agrometeorology, 2022, 43(6): 427-439. [郭家宏, 范熠, 张西美. 温度对不同生态系统土壤甲烷氧化过程和甲烷氧化细菌的影响[J]. 中国农业气象, 2022, 43(6): 427-439.]
- [14] Zhang S H, Yan L, Cao J H, et al. Salinity significantly affects methane oxidation and methanotrophic community in Inner Mongolia lake sediments[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 13: 1067017.
- [15] Hartman W H, Bueno de Mesquita C P, Theroux S M, et al. Multiple microbial guilds mediate soil methane cycling along a wetland salinity gradient[J]. mSystems, 2024, 9(1): e00936-23.
- [16] Wallenius A J, Dalcin Martins P, Slomp C P, et al. Anthropogenic and environmental constraints on the

- microbial methane cycle in coastal sediments[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 631621.
- [17] Zhang L, Lin W S, Sardans J, et al. Soil warming-induced reduction in water content enhanced methane uptake at different soil depths in a subtropical forest[J]. Science of the Total Environment, 2024, 927: 171994.
- [18] Soued C, Bogard M J, Finlay K, et al. Salinity causes widespread restriction of methane emissions from small inland waters[J]. Nature Communications, 2024, 15: 717.
- [19] Urmann K, Schroth M H, Zeyer J. Recovery of in situ methanotrophic activity following acetylene inhibition[J]. Biogeochemistry, 2008, 89(3): 347-355.
- [20] Lu Y, Fu L, Lu Y H, et al. Effect of temperature on the structure and activity of a methanogenic archaeal community during rice straw decomposition[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2015, 81: 17-27.
- [21] Tveit A T, Söllinger A, Rainer E M, et al. Thermal acclimation of methanotrophs from the genus *Methylobacter*[J]. The ISME Journal, 2023, 17(4): 502-513.
- [22] Welti N, Hayes M, Lockington D. Seasonal nitrous oxide and methane emissions across a subtropical estuarine salinity gradient[J]. Biogeochemistry, 2017, 132(1): 55-69.
- [23] Li X F, Gao D Z, Hou L J, et al. Salinity stress changed the biogeochemical controls on CH₄ and N₂O emissions of estuarine and intertidal sediments[J]. Science of the Total Environment, 2019, 652: 593-601.
- [24] Dai X L, Sun J P, Zhao Z J, et al. Linking the potential activities of methanogens and methanotrophs to their communities under different fertilization regimes in coastal saline paddy soils[J]. Applied Soil Ecology, 2023, 192: 105102.
- [25] Bansal S, Tangen B, Finocchiaro R. Temperature and hydrology affect methane emissions from prairie pothole wetlands[J]. Wetlands, 2016, 36(Suppl 2): 371-381.
- [26] Deng Y C, Che R X, Wu Y B, et al. A review of the physiological and ecological characteristics of methanotrophs and methanotrophic community diversity in the natural wetlands[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(14): 4579-4591. [邓永翠, 车荣晓, 吴伊波, 等. 好氧甲烷氧化菌生理生态特征及其在自然湿地中的群落多样性研究进展[J]. 生态学报, 2015, 35(14): 4579-4591.]
- [27] Maietta C E, Hondula K L, Jones C N, et al. Hydrological conditions influence soil and methane-cycling microbial populations in seasonally saturated wetlands[J]. Frontiers in Environmental Science, 2020, 8: 593942.
- [28] Ding C X, Liu Y W, Dumont M G, et al. Mean annual precipitation modulates the assembly of high-affinity methanotroph communities and methane oxidation activity across grasslands[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2024, 360: 108796.
- [29] Chi Z F, Wang W J, Li H, et al. Soil organic matter and salinity as critical factors affecting the bacterial community and function of *Phragmites australis* dominated riparian and coastal wetlands[J]. Science of the Total Environment, 2021, 762: 143156.

(责任编辑: 卢萍)