

高贵锋, 马程, 闫苏波, 宋路遥, 褚海燕. 桥梁施工对红树林土壤真菌多样性和共存网络的影响[J]. 土壤学报, 2025, GAO Guifeng, MA Cheng, YAN Subo, SONG Luyao, CHU Haiyan. Effects of Bridge Construction on Mangrove Soil Fungal Diversity and Co-Occurrence Networks[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025,

# 桥梁施工对红树林土壤真菌多样性和共存网络的影响 \*

高贵锋<sup>1,2</sup>, 马程<sup>3</sup>, 闫苏波<sup>1</sup>, 宋路遥<sup>1</sup>, 褚海燕<sup>1,2†</sup>

(1.土壤与农业可持续发展全国重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 211135; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 广西欣港交通投资有限公司, 南宁 530029)

**摘要:** 桥梁施工强烈影响着滨海湿地土壤微生物群落结构与功能, 然而, 其对红树林土壤真菌群落的影响尚未可知。本研究探究了红树林桥梁施工区域: 钢护筒围堰(Steel casing pipe, SC)、钢板桩围堰(Sheet pile cofferdam, SP)与未干扰区域(Undisturbed areas, UD)的土壤真菌群落。结果表明, UD和SC生境土壤的主要真菌生物标志物为子囊菌门(Ascomycota), 而SP生境则以担子菌门(Basidiomycota)为主。SP生境土壤真菌物种丰富度显著( $P < 0.01$ )高于SC和UD生境。此外, SP生境土壤的腐生营养型真菌物种丰富度显著( $P < 0.05$ )高于SC和UD生境, 且SC生境的腐生营养型真菌相对丰度也显著( $P < 0.05$ )高于UD生境。土壤C/N、全氮和pH是影响真菌功能类群的主要环境驱动因子。共存网络分析表明UD生境的网络复杂性( $\text{avgK} = 1.94$ )高于SC和SP生境。本研究揭示了桥梁施工对红树林土壤真菌群落的影响, 为滨海湿地土壤生物多样性保护和施工活动的环境管理提供了理论依据。

**关键词:** 滨海湿地; 高通量测序; 微生物多样性; 功能类群; 共存网络

中图分类号: Q938.1 文献标志码: A

## Effects of Bridge Construction on Mangrove Soil Fungal Diversity and Co-Occurrence Networks

GAO Guifeng<sup>1,2</sup>, MA Cheng<sup>3</sup>, YAN Subo<sup>1</sup>, SONG Luyao<sup>1</sup>, CHU Haiyan<sup>1,2†</sup>

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Guangxi Xingang Transportation Investment Co., Ltd., Nanning 530029, China)

**Abstract:** 【Objective】Bridge construction strongly affects the structure and function of soil microbial communities in coastal wetlands. However, its specific impacts on mangrove soil fungal communities have not been given much attention. This study aimed to investigate the impacts of bridge construction on mangrove soil fungal communities, focusing on two common construction methods (Steel casing pipe, SC; Sheet pile cofferdam, SP) compared to undisturbed areas (UD), providing insights for ecological conservation and sustainable management. 【Method】Soil

\* 广西欣港交通投资有限公司项目(2022-0006)资助 Supported by the program of Guangxi Xingang Transportation Investment Co., Ltd (No. 2022-0006)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: hychu@issas.ac.cn

作者简介: 高贵锋(1989—), 男, 福建泉州人, 博士, 副研究员, 主要从事微生物生态学研究。E-mail: gfgao@issas.ac.cn  
收稿日期: 2024-12-09; 收到修改稿日期: 2025-03-05; 网络首发日期(www.cnki.net):

fungal communities across SC, SP, and UD habitats were investigated using high-throughput sequencing, functional guild annotation, and co-occurrence network analysis. Key soil properties were measured to identify environmental drivers. 【Result】 The results showed that the main fungal biomarkers in the soils of the UD and SC habitats were Ascomycota, whereas the SP habitat was dominated by Basidiomycota. Also, the species richness of the soil fungi in the SP habitat was significantly ( $P < 0.01$ ) higher than that in the SC and UD habitats. In addition, the species richness of saprotrophic fungi was significantly ( $P < 0.05$ ) higher in SP than in SC and UD, and the relative abundance of saprotrophic fungi was significantly ( $P < 0.05$ ) higher in SC than in UD. The soil C/N ratio, TN, and pH were the main environmental drivers affecting fungal guilds. Fungal co-occurrence network analysis showed that the network complexity ( $\text{avgK} = 1.94$ ) was higher in the UD habitat than in the SC and SP habitats. 【Conclusion】 This study reveals that bridge construction methods differentially alter mangrove soil fungal communities through soil physicochemical alterations. These findings highlight the need for method-specific environmental assessments and offer a scientific basis for balancing coastal wetland conservation with construction activities.

**Key words:** Coastal wetlands; High-throughput sequencing; Microbial biodiversity; Functional guild; Co-occurrence network

随着工业化和城市化的快速发展,人类活动对自然环境的影响日益加剧,尤其是对滨海湿地生态系统的干扰。红树林湿地作为重要的滨海湿地生态系统,不仅为众多生物提供栖息地,还具有防风、固碳、净化水质等生态功能<sup>[1]</sup>。近年来,桥梁施工等基础设施建设对红树林生态系统的影响引起了广泛关注<sup>[2]</sup>。桥梁施工对滨海湿地生态系统的影响通常表现为土壤结构的破坏、污染物排放以及植物群落的破坏等。在施工过程中,土石方工程、混凝土浇筑等活动会导致土壤紧实度的增加,从而降低土壤的水分和气体交换能力,这种环境改变会影响土壤微生物群落的生长和代谢活动,尤其是对微生物的多样性、群落组成以及功能产生深刻影响,间接影响红树林生态系统的健康和稳定性<sup>[3-4]</sup>。

土壤真菌作为土壤生态系统中的重要组成部分,在物质循环、植物共生以及环境调节等方面发挥着关键作用<sup>[5-6]</sup>。真菌能够分解有机质、参与物质循环和能量流动,是评价土壤生态状况的重要生物指标之一。例如,前人研究发现,土壤真菌功能类群促进了植物丰富度与生产力之间的正向相关关系<sup>[7]</sup>。真菌群落不仅影响植物的生长和健康,还通过调节土壤微生物的群落结构和功能,维护着生态系统的稳定性。红树林土壤中的真菌种类繁多,且分布广泛<sup>[8-10]</sup>。真菌的生长和分布受到周围环境的综合调控,因此,任何环境扰动,尤其是土壤,都有可能改变真菌群落的组成和功能<sup>[11]</sup>。

在微生物生态学研究,近年来越来越多的学者开始关注微生物之间的共存关系<sup>[12]</sup>。微生物群落内的物种通过相互作用,共同维持着生态系统的稳定性和功能。这些微生物之间可能存在竞争、协作等复杂的生态互动,尤其是在复杂的土壤环境中,微生物的共存网络结构更为复杂<sup>[13]</sup>。通过构建微生物的共存网络,研究人员能够揭示群落内物种之间的相互作用关系,从而更好地理解微生物群落在生态过程中的作用。对于红树林土壤中的真菌群落而言,施工活动可能通过改变土壤的理化性质以及污染物的积累等方式,对真菌共存网络造成影响,从而导致部分物种的消失或新物种的入侵,最终影响生态功能的发挥。

尽管已有研究已经揭示了桥梁施工等人类活动对土壤微生物群落的影响<sup>[2-3]</sup>。例如,研究表明,桥梁施工显著降低了土壤细菌  $\alpha$  多样性和微生物生物量碳<sup>[2]</sup>。然而,截至目前,我们对桥梁施工对红树林土壤真菌群落的研究仍十分有限。鉴于真菌在维持生态系统功能的重要性,了解桥梁施工活动对土壤真菌群落的多样性、群落结构及其共存网络的影响,能够为评估桥梁施工对生态环境的潜在影响提供重要依据。通过分析施工过程中的环境因素(如土壤盐度、湿度、温度等)的变化,以及这些因素对真菌群落组成的影响,可以深入探讨人类活动对滨海湿地红树林生态系统的生态影响。此类研究不仅能够理解微生物群落在生态系

统中的作用提供理论支持,还为未来红树林保护和恢复提供科学依据,尤其是在基础设施建设过程中如何减少生态破坏并实现可持续发展的管理措施。

综上所述,本研究旨在通过比较桥梁施工区域和相邻未干扰红树林的土壤真菌群落,从真菌  $\alpha$  多样性、群落结构、真菌功能类群和共存网络等角度进行分析,以揭示人类活动对红树林土壤真菌群落的影响机制。研究结果不仅有助于更好地理解红树林生态系统对环境变化的响应,也为红树林土壤生物多样性的保护和管理提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域

本研究在广西钦州市龙门港镇(21° 45' N, 108° 34' E)开展,该区域以规律的日潮为主,年均温 21.9 °C,年降雨量约为 2 234.8 mm。该区域的红树林优势物种为桐花树(*Aegiceras corniculatum*)、秋茄(*Kandelia obovata*)和白骨壤(*Avicennia marina*),三种均为典型的真红树植物。

为探究桥梁建设对土壤真菌群落的影响,从三种生境采集土壤样本:两种不同施工方法(钢板桩围堰(Sheet pile cofferdam, SP)和钢护筒围堰(Steel casing pipe, SC))的生境,以及一个相邻未受干扰的红树林生境(Undisturbed mangroves, UD)。三种生境在高程和潮汐规律上相似。土壤样本采集在桥墩施工启动后的 6 个月(即 2023 年 5 月)进行,以使微生物群落在采样时已趋于稳定。施工区植被破坏具有局部性:仅在桥墩占用区域(直径约 3~5 m)内移除植被,而周边 5~10 m 缓冲带的植被仍保留;未干扰区生境的植被覆盖度达 80% 以上。

每个生境设置三个样地,并在每个样地中随机选择三个采样点。每个采样点采集 0~20 cm 深度、直径 5 cm 的土柱,经过充分混合后形成一份土壤样本。所有土壤样品均用冰盒保存并运回实验室,经过 2 mm 筛网过滤后分为两部分:一部分自然风干用于土壤理化性质分析,另一部分储存在-40 °C冰箱中用于土壤 DNA 提取。

### 1.2 土壤总 DNA 提取及高通量测序

使用 FastDNA SPIN Kit 试剂盒(MP Biomedicals, CA, 美国)从 0.5 g 新鲜土壤中提取总 DNA,提取过程按照说明书中的步骤进行。提取的 DNA 通过 1%琼脂糖凝胶电泳和 NanoDropOne 分光光度计分别评估质量和浓度。随后,采用 ITS1 和 ITS2 引物扩增真菌的 ITS1 区域<sup>[4]</sup>。高通量测序在 Illumina Miseq PE 300 (Illumina, Inc.)上完成。所有原始序列已提交至中国国家基因组数据中心(NGDC),数据编号为 CRA014792。

首先过滤掉低质量的原始序列(读长< 200 bp 或平均质量分数< 20)。高质量测序序列(Clean reads)使用 UPARSE 和 QIIME2 的组合方法进行分析。清洗后的序列以 100%的相似度阈值进行聚类,从而获得操作分类单元(Operational taxonomic units, OTUs)。代表性序列通过 UNITE 数据库(v8.0)进行注释,真菌的功能类群则通过 FUNGuild 进行分类。所有样品的序列数均衡抽平至 10 718 条,以便进行后续分析。

### 1.3 土壤理化性质测定

将 20 g 新鲜土壤放置于 105 °C烘箱中烘干至恒重,以测定土壤含水量(Soil water content, SWC)。土壤 pH 使用 pH 计(FE28, Mettler-Toledo, 美国)测量,测定时土水比 2.5:1。电导率(Electrical conductivity, EC)通过电导率仪(Bante902P, Bante, 中国)进行测量。全碳(Total carbon, TC)和全氮(Total nitrogen, TN)含量通过元素分析仪(Vario EL III, Elementar, 德国)分析。有机碳(Total organic carbon, TOC)采用重铬酸钾外加加热法进行测定。有机质(Organic matter, OM)则通过灼烧减量法来测定。微生物生物量碳(Microbial

biomass carbon, MBC) 和微生物生物量氮 (Microbial biomass nitrogen, MBN) 则采用氯仿熏蒸-提取法进行测定<sup>[15]</sup>。

#### 1.4 真菌共存网络构建

采用生态关联的稀疏逆协方差估计与统计推断的方法 (Sparse inverse covariance estimation for ecological association and statistical inference, SPIEC-EASI) 进行了土壤真菌共存网络的分析<sup>[16]</sup>。针对不同生境分别进行了共存网络的构建。其中, 为降低群落中存在的大量稀有物种在网络推断中可能带来的偏差, 过滤掉相对丰度小于 0.01% 且出现在少于 5 份土壤样品中的 OTUs。所有网络的可视化和网络参数均使用 Gephi (v0.9.7) 进行分析。将生态网络中的连接者 (Connectors) 和模块枢纽 (Module hubs) 定义为核心物种, 网络节点的角色使用 R 语言 metcarto 包分析。

#### 1.5 统计分析

使用物种丰富度 (Species richness)、香农指数 (Shannon index) 和均匀度指数 (Pielou's evenness index) 来表征土壤真菌群落的  $\alpha$  多样性, 并使用 Wilcoxon 检验评估不同生境间土壤微生物  $\alpha$  多样性的显著差异。使用 Spearman 相关系数检验物种丰富度与环境因子之间的相关性。使用 R 语言 glm.hp 包评估了各环境变量对土壤真菌功能类群物种丰富度的相对重要性。构建了一个包含所有环境因素的混合线性模型, 并将生境视为随机因子, 以确定影响土壤真菌功能类群相对丰度的关键环境因子。此分析使用了 R 语言 MuMIn 包的多模型推理方法, 通过这种方法, 可以生成初始变量所有可能组合的模型。随后, 使用最大似然估计法 (Maximum likelihood estimation) 对其进行拟合, 并根据阿凯克信息准则 (Akaike information criterion, AIC) 进行排序。然后将每个模型的 AIC 值转换为  $\Delta$  AIC, 表示每个模型的 AIC 与表现最好的模型之间的差值。保留了所有  $\Delta$  AIC < 2 的模型, 并将其确定为最佳拟合模型。对于每个真菌功能类群, 通过 model.avg 函数使用条件平均法 (Conditional averaging approach) 对最佳拟合模型中选出的环境预测因子估计值进行平均。不同生境中的真菌生物标志物使用 R 语言 indicpecies 包进行识别, 并利用二分网络 (Bipartite networks) 进行可视化。使用基于 Bray-Curtis 矩阵的非度量多维排列 (NMDS) 来评估土壤真菌群落的相异性。利用置换多元方差分析 (Permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA) 确定不同生境之间土壤真菌群落差异的显著性。以上分析均在 R 语言 (v4.4.0) 中进行, 所有统计的显著性阈值设定为  $P < 0.05$ 。

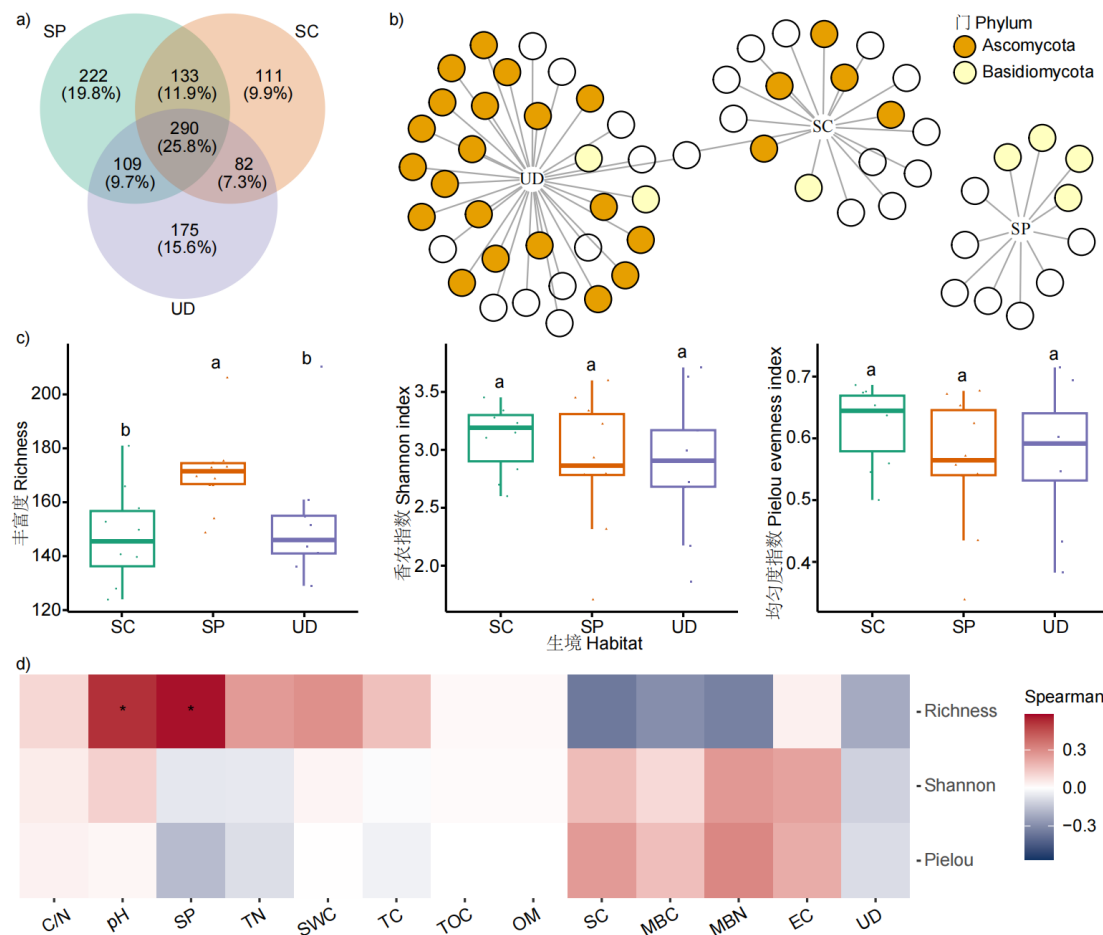
## 2 结果

### 2.1 土壤真菌 $\alpha$ 多样性与群落结构的差异

不同生境土壤中分别富集了特异性真菌类群, 其中, 相比 UD 生境, SP 和 SC 生境土壤分别特异性富集了 222 (19.8%) 和 111 (9.9%) 个真菌 OTUs (图 1a)。生物标志物分析发现, UD 和 SC 生境土壤的真菌生物标志物主要为子囊菌门 (Ascomycota), 而 SP 生境富集的生物标志物主要为担子菌门 (Basidiomycota) (图 1b)。使用物种丰富度、香农指数和均匀度指数三种指标表征土壤真菌群落的  $\alpha$  多样性 (图 1c)。结果表明, SP 生境土壤的真菌物种丰富度显著 ( $P < 0.01$ ) 高于 SC 和 UD 生境。反之, 对于香农指数和均匀度指数来说, 三种生境之间无显著 ( $P > 0.05$ ) 差异。从图 1d 中可以看出, 真菌群落的物种丰富度仅与 pH 和 SP 显著 ( $P < 0.05$ ) 正相关, 而与其他环境因子无显著关系。

在门分类水平上, 子囊菌门的相对丰度最高, 其平均占比超过 30% (图 2a)。此外, 相比 SC (25.39%) 生境, SP 生境和 UD 生境土壤的子囊菌门的平均相对丰度增加至 36.20%。在纲分类水平也进行了比较, 相比 UD 生境, SC 和 SP 生境土壤的粪壳菌纲 (Sordariomycetes)

相对丰度明显降低(图 2b)。基于微生物群落的 Bray-Curtis 相异性矩阵,使用非度量多维排列(NMDS)对三种生境的土壤真菌群落进行了分析,结果表明,不同生境之间的土壤真菌群落存在显著分异(Pseudo-F= 2.156,  $P<0.001$ )(图 2c)。微生物群落的 Bray-Curtis 距离可用于表征群落之间的  $\beta$  多样性,从图 2d 中可以看出,SP 和 UD 生境土壤的真菌群落  $\beta$  多样性高于 SC 生境。



注: UD: 未受干扰的红树林; SC: 钢护筒围堰; SP: 钢板桩围堰; SWC: 土壤含水量; EC: 电导率; TC: 全碳; TN: 全氮; C/N: 碳氮比; TOC: 有机碳; OM: 有机质; MBC: 微生物生物量碳; MBN: 微生物生物量氮。不同小写字母代表显著性差异。下同。UD: Undisturbed mangroves; SC: Steel casing pipe; SP: Sheet pile cofferdam; SWC: Soil water content; EC: Electrical conductivity; TC: Total carbon; TN: Total nitrogen; C/N: Carbon to nitrogen ratio; TOC: Total organic carbon; OM: Organic matter; MBC: Microbial biomass carbon; MBN: Microbial biomass nitrogen. Different lowercase letters indicate significant differences. The same below.

图 1 不同生境土壤特有和共有 OTUs 比例 (a)、生物标志物 (b)、 $\alpha$  多样性 (c) 以及  $\alpha$  多样性与环境因子之间的 Spearman 相关性 (d)

Fig. 1 Proportion of soil endemic and shared OTUs in different habitats (a), biomarkers (b),  $\alpha$  diversity (c), and Spearman's correlation between  $\alpha$  diversity and environmental factors (d)

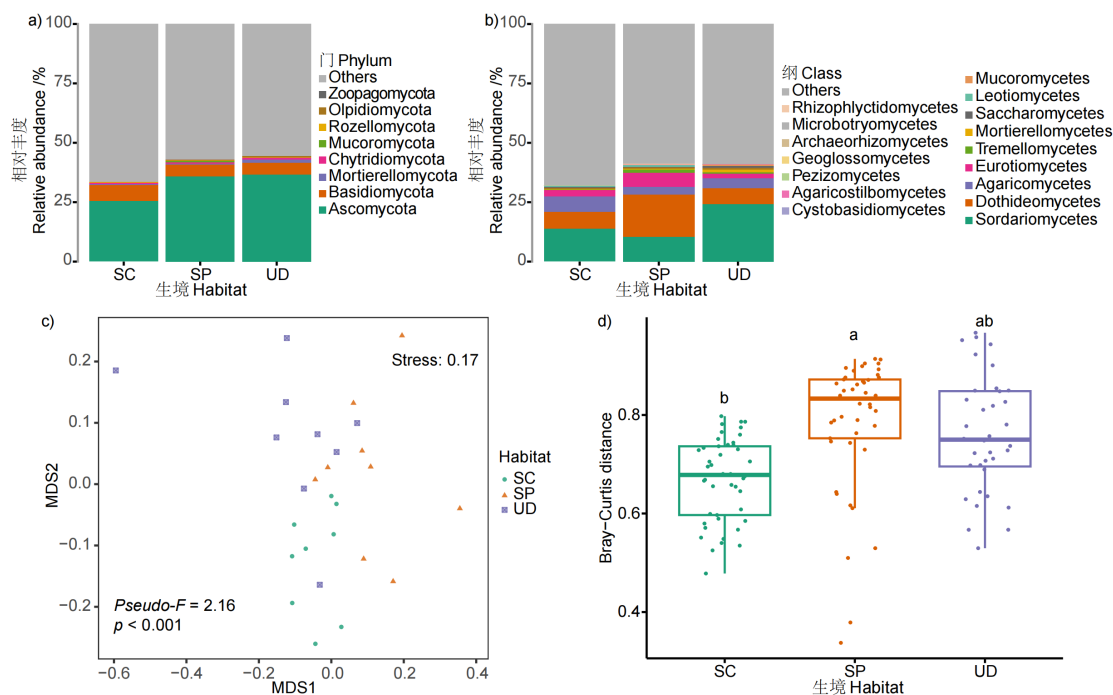


图2 不同生境土壤真菌类群在门(a)和纲(b)水平的相对丰度差异、非度量多维排列(NMDS)分析展示微生物群落结构的相异性(c)以及 Bray-Curtis 距离反映的真菌群落差异(d)

Fig. 2 Differences in the relative abundance of soil fungal taxa at the phylum (a) and class (b) levels across habitats, non-metric multidimensional disorder (NMDS) analyses demonstrating dissimilarity in microbial community structure (c), and differences in fungal communities as reflected by Bray-Curtis distances (d)

## 2.2 土壤真菌功能类群的变化及其环境影响因素

根据营养方式将真菌分为三大功能类群：腐生营养型（Saprotroph）、病理营养型（Pathotroph）和共生营养型（Symbiotroph）。SP 生境土壤的腐生营养型真菌的物种丰富度显著（ $P < 0.05$ ）高于 SC 和 UD 生境（图 3a）。此外，SC 生境土壤的腐生营养型真菌的相对丰度显著（ $P < 0.05$ ）高于 UD 生境（图 3b）。然而，对于病理营养型和共生营养型真菌来说，无论是物种丰富度还是相对丰度，三个生境之间均无显著差异。进一步将真菌细分为不同的功能类群（Guilds），相比 UD 生境，SC 显著（ $P < 0.01$ ）增加了动物病原菌（Animal pathogen）、附生植物（Epiphyte）、植物腐生菌（Plant saprotroph）和木质腐生菌（Wood saprotroph）的相对丰度（图 4）。

通过变差分解和层次分割分析发现，环境因子如 SP、TC、TN 和 C/N 等是影响真菌主要营养类型物种丰富度的主要环境因素（图 3c）。为了更全面解析影响真菌功能类群的关键环境驱动因子，使用了多模型推断法，通过将不同真菌功能类群相对丰度与环境因子构建混合线性模型，结果表明，土壤 C/N、TN 和 pH 是影响真菌功能类群的主要环境驱动因子（图 5）。

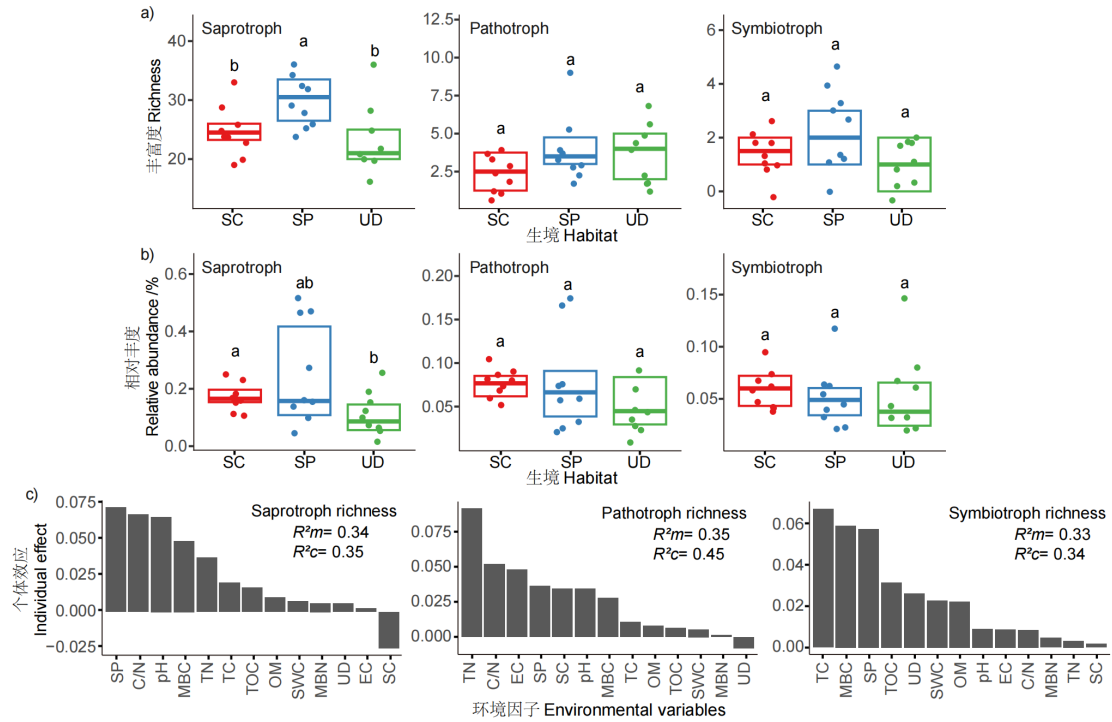


图 3 不同生境土壤真菌功能类群丰富度 (a) 和相对丰度 (b) 的差异以及影响土壤真菌功能类群丰富度的环境因子 (c)

Fig. 3 Differences in the species richness (a) and relative abundance (b) of soil fungal guilds across different habitats, and the environmental factors influencing the species richness of soil fungal guilds (c)

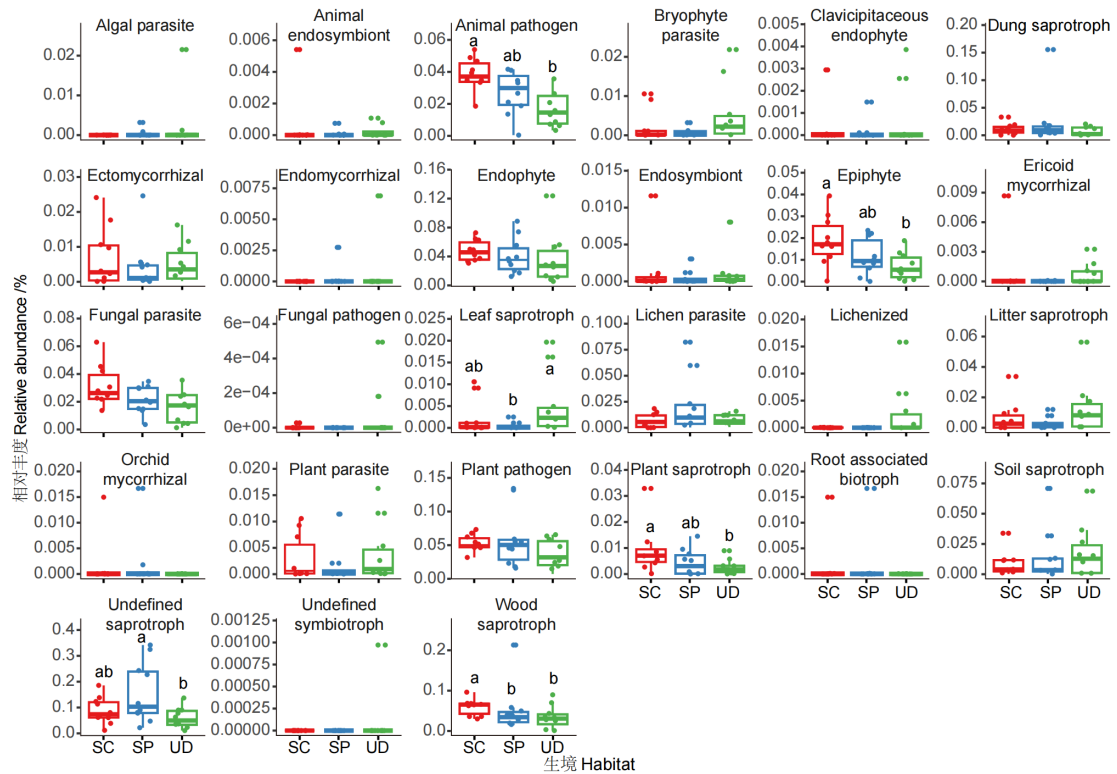


图 4 不同生境土壤真菌功能类群相对丰度的差异

Fig. 4 Differences in the relative abundance of soil fungal guilds across different habitats

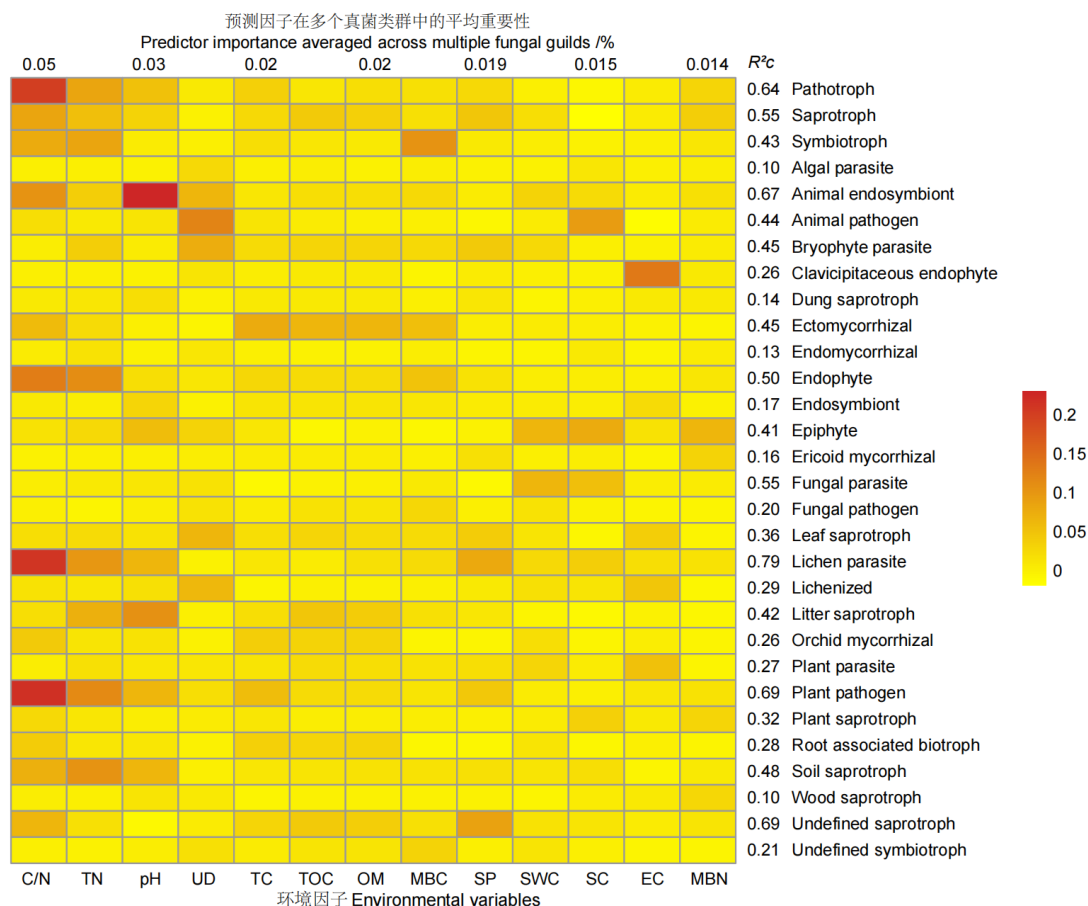


图 5 影响多个真菌功能类型相对丰度的环境预测因子的相对重要性

Fig. 5 Relative importance of environmental predictors influencing the relative abundance across multiple fungal guilds

### 2.3 土壤真菌共存网络核心物种识别与网络属性差异

进一步构建了土壤真菌共存网络并使用 avgK 代表共存网络的复杂性。从图 6a 中可以看出,相比 SC 和 SP 网络,UD 网络具有最高的网络复杂性 (avgK=1.94)。此外,在 UD 生境中,存在 1.06% 的共生营养型真菌,而在 SC 和 SP 网络中未发现相关类群。由于不同微生物在生态网络中行使的角色各异,通过计算其在生态模块内和模块间的连通性,进一步识别了网络的核心物种。结果表明,在 SC、SP 和 UD 网络中,所鉴定的核心物种分别为 OTU\_57、OTU\_28 和 OTU\_44 (图 6b)。网络拓扑学参数可以帮助我们更深入认识不同生境之间土壤真菌生态网络的差异。UD 生境的网络中的节点具有最高的连接度 (Degree),其次是 SC 生境,最后是 SP 生境 (图 6c)。此外,相比 SC 和 SP 生境,UD 生境土壤真菌共存网络也拥有最高的介数中心度 (Betweennesscentrality) 和特征向量中心度 (Eigencentality)。



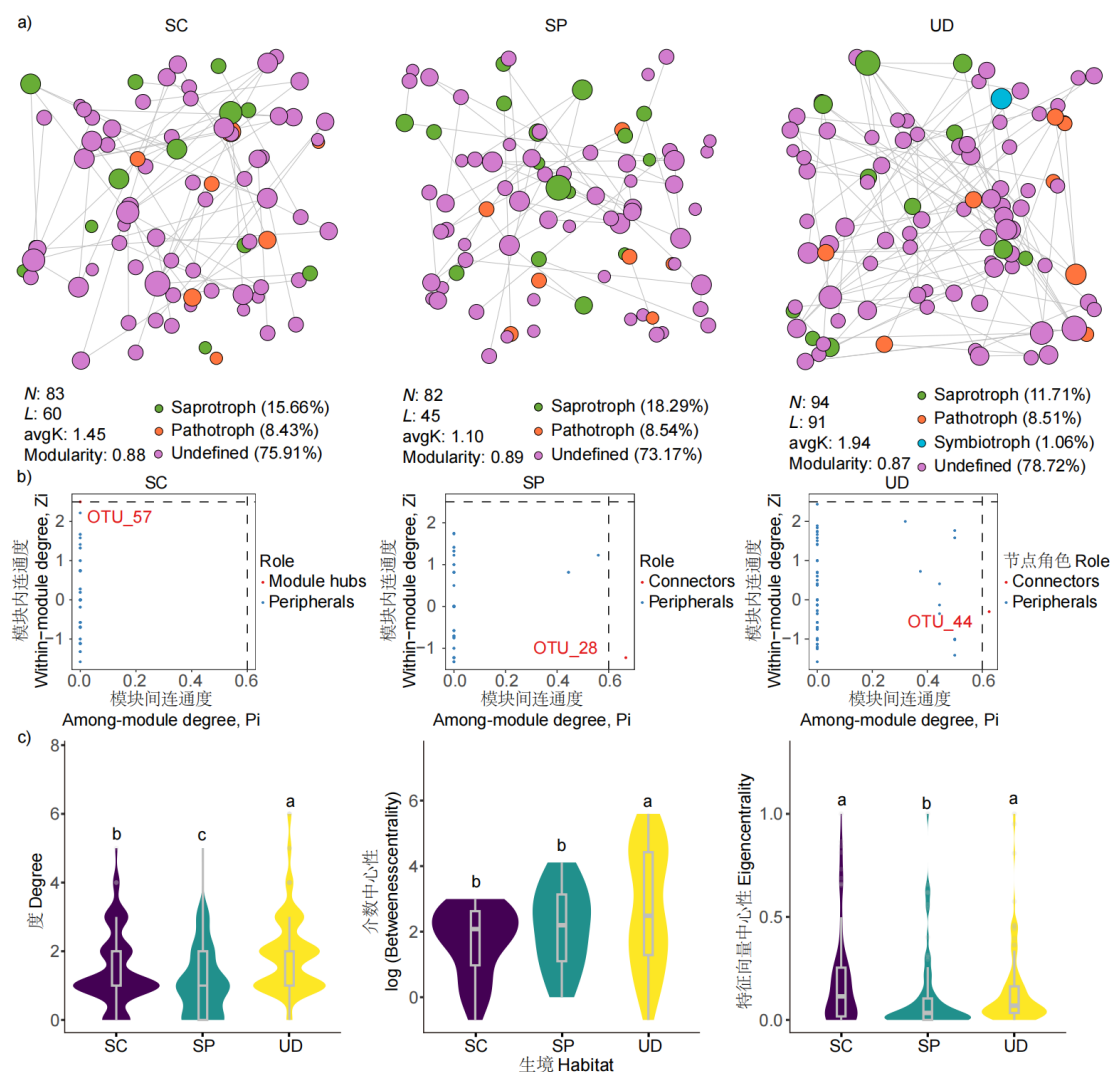


图 6 不同生境土壤真菌共存网络 (a)、核心物种 (b) 和网络属性差异 (c)

Fig. 6 Soil fungal co-occurrence networks in different habitats (a), keystone species (b), and the differences in network properties (c)

### 3 讨论

桥梁等基础设施建设作为滨海湿地的典型人类干扰活动,对红树林土壤微生物群落的多 样性、结构和生态功能产生了深远影响<sup>[2-3]</sup>,尤其是在滨海湿地这样的脆弱生态系统中,微 生物群落的变化对生态系统功能的影响至关重要。本研究揭示了桥梁施工对红树林土壤真菌 群落的潜在影响,尤其是多样性、真菌功能类群和共存网络,以及土壤真菌群落变异的环境 驱动因子。本研究加深了对人类活动下滨海湿地生态系统土壤微生物群落及功能演变的理 解。

土壤真菌多样性作为生态系统健康的重要指标,能够反映土壤微生物群落对环境变化的 敏感性和适应性<sup>[17-18]</sup>。桥梁施工区域的土壤真菌群落显著不同于未受干扰红树林区域,表明 桥梁施工造成了土壤微生物群落的变化。通过生物标志物分析可以发现,相比未受干扰区域, 桥梁建设会特异性富集部分真菌类群(如担子菌门),表明施工活动通过土壤扰动可能激发了 真菌群落中某些生态功能类群的增殖,反之,施工区乔木层(尤其是秋茄和桐花树)的局

部清除可能直接导致部分根系共生真菌的相对丰度降低(图 2)。值得注意的是,两种施工方式对真菌类群的富集模式存在较大差异,SP 生境特异性富集了 222 个 OTUs,且以担子菌门为主导生物标志物。相比之下,SC 生境仅富集 111 个 OTUs,且其生物标志物以子囊菌门为主。这种差异可能反映了两种施工方式对植被清除强度的不同,施工过程中木材碎屑等富含木质素的有机残留物输入为木质腐生型担子菌提供了独特的底物条件(图 4)。此外,尽管香农指数和均匀度指数在各生境间无显著差异,但 SC 生境的  $\beta$  多样性显著低于其他生境,说明施工活动可能降低了真菌群落的空间异质性。两种施工方式对真菌  $\alpha$  多样性的影响呈现分异:SP 生境的物种丰富度显著高于 SC 和 UD 生境(图 1c),而 SC 生境的腐生营养型真菌相对丰度却达到最高(图 3b)。这表明,SP 施工可能通过引入异质性有机残留(如木材碎屑)短暂增加了真菌的物种库,而 SC 施工可能因长期土壤压实或养分流失导致群落趋同化,仅耐受性腐生类群(如动物病原菌、木质腐生菌)得以富集(图 4)。这一结果表明,施工方式中物理扰动与有机质输入的权衡可能是驱动真菌多样性分异的关键机制之一。已有研究表明,人类活动对土壤微生物群落的影响通常表现为物种多样性的下降以及功能类群的重组<sup>[19]</sup>。本研究结果与先前的研究相一致,即桥梁建设也降低了红树林土壤细菌群落的空间异质性<sup>[2]</sup>。施工区域中腐生真菌的富集现象,尤其是施工区域土壤中腐生营养型真菌的相对丰度和物种丰富度显著增加,这可能与植被清除导致的凋落物输入减少、根系分泌物中断以及施工扰动新增有机残留物(如木材碎屑)的分解密切相关<sup>[20]</sup>。施工过程可能导致有机物的积累或增加了土壤中可供腐生真菌分解的有机物质,这种有机物变化可能是由于施工过程中土壤扰动、植物死亡及残留物的分解等过程的作用。

本研究进一步揭示了环境因子在驱动土壤真菌群落变化中的关键作用,土壤扰动通常会破坏土壤结构、改变养分循环,进而影响微生物群落的稳定性和生态功能<sup>[21-22]</sup>。施工活动会直接或间接导致土壤压实、养分流失以及污染物积累,这些因素会对土壤生物的分布和功能产生多重压力<sup>[23]</sup>。桥梁施工对真菌群落的驱动具有双重机制:一方面,植被清除(尤其是宿主植物清除)直接削弱了共生真菌的定殖基础;另一方面,施工导致的土壤理化性质改变影响了真菌功能类群。土壤 pH、C/N、TN 等是影响不同功能类群真菌的分布和物种丰富度的主要环境因子。具体而言,土壤 pH 和 C/N 与腐生营养型真菌物种的丰富度密切相关,TN 含量则对腐生营养型真菌的相对丰度有显著影响。这些结果与先前研究一致,即土壤的养分状态和酸碱度显著影响了土壤真菌的生态位及群落构建<sup>[24]</sup>。土壤 C/N 可能通过调节养分平衡影响真菌的分解速率和生态功能<sup>[25]</sup>。环境扰动对某些特定功能类群的选择性作用可能是这一现象的重要机制,例如,施工区域的土壤压实可能为耐受厌氧的真菌类群提供竞争优势。值得注意的是,施工区域中腐生真菌的增加可能会改变土壤中碳、氮等元素的循环,进而影响土壤的整体生态功能<sup>[26]</sup>。

此外,微生物共存网络是揭示微生物群落内部物种潜在互作关系及其生态功能的重要工具。本研究结合了真菌共存网络分析,揭示了桥梁施工对土壤真菌共存网络的影响。结果表明,施工区域的土壤真菌群落网络复杂性相对较低,且不同生境中的核心物种差异较大。前人研究发现,环境扰动会显著改变微生物生态网络的拓扑结构,并可能通过削弱群落间的协同作用降低生态系统的功能<sup>[27]</sup>。在未受干扰区域,真菌群落具有较高的网络复杂性,这可能是由于该区域的环境条件相对稳定,真菌群落的相互作用较为均衡,且群落内的物种间互助关系较为紧密。而在施工区域,由于环境的剧烈扰动,真菌群落的稳定性受到了一定程度的干扰,导致了网络结构的简化。核心物种的变化也反映了施工活动对微生物生态网络的影响,特定物种的消失或入侵可能会导致生态系统功能的退化或改变<sup>[28]</sup>。因此,未来在红树林区域的基础设施建设过程中,应更加重视施工对土壤微生物多样性和生态网络稳定性的影响,减少过度的施工扰动对红树林生态系统功能造成的负面影响。

尽管本研究揭示了桥梁施工对红树林土壤真菌群落的影响及其环境驱动因子,但仍存在

一些不足。首先,本研究仅开展了单次取样,缺乏季节重复性。由于温度、盐度等环境因子具有显著的季节波动特征,这种单时间点的采样设计可能无法全面反映真菌群落的动态响应规律,从而影响研究结论的普适性。其次,土壤 pH 和 TN 等理化性质对真菌功能类群的具体调控机制尚未明确,未来需结合转录组、代谢组等多组学技术与模型模拟,从分子互作和代谢途径层面解析其内在关联。此外,本研究仅聚焦于桥梁施工后的微生物群落特征,后续需通过长期监测追踪自然恢复或人工干预下群落的动态演替过程,并进一步评估生态管理措施(如植被修复、土壤改良)对微生物功能恢复的促进作用。

## 4 结 论

桥梁施工显著影响了红树林土壤真菌群落的多样性和群落结构,不同的桥梁施工方法富集了特异性的真菌生物标志物。此外,桥梁施工显著改变了真菌功能类群的物种丰富度和相对丰度,并且降低土壤真菌共存网络的复杂性。其中,土壤 C/N、TN 和 pH 是影响真菌功能类群的主要环境驱动因子。本研究为滨海湿地生态系统的土壤微生物多样性保护和施工管理提供了科学依据,并为未来红树林生态系统的恢复策略提供了新视角。

致 谢: 感谢贾利强、蒋树勤和李莘哲等人在土壤样品采集中提供的帮助。

## 参考文献 (References)

- [1] Cumick D J, Pettorelli N, Amir A A, et al. The value of small mangrove patches[J]. *Science*, 2019, 363(6424): 239.
- [2] Gao G F, He Y, Li J S, et al. Sea-crossing bridge construction interference reduced soil microbial biomass and diversity in mangrove ecosystems[J]. *Soil Ecology Letters*, 2025, 7: 240257.
- [3] Li T, Lai X Y, Xiang J, et al. Ecological impacts of sea-crossing bridge construction on local sediment microbiome in East China[J]. *Regional Studies in Marine Science*, 2022, 53: 102363.
- [4] Li Q, Qian R, Gao J F, et al. Environmental impacts and risks of bridges and tunnels across lakes: An overview[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 319: 115684.
- [5] Averill C, Hawkes C V. Ectomycorrhizal fungi slow soil carbon cycling[J]. *Ecology Letters*, 2016, 19(8): 937-947.
- [6] Bahram M, Netherway T. Fungi as mediators linking organisms and ecosystems[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2022, 46(2): fuab058.
- [7] Chen W Q, Wang J Y, Meng Z X, et al. Fertility-related interplay between fungal guilds underlies plant richness-productivity relationships in natural grasslands[J]. *New Phytologist*, 2020, 226(4): 1129-1143.
- [8] Jia S L, Chi Z, Liu G L, et al. Fungi in mangrove ecosystems and their potential applications[J]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2020, 40(6): 852-864.
- [9] Liu A R, Wu X P, Xu T. Research advances in endophytic fungi of mangrove[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18(4): 912-918. [刘爱荣, 吴晓鹏, 徐同. 红树林内生真菌研究进展[J]. *应用生态学报*, 2007, 18(4): 912-918.]
- [10] Liu M, Huang H Q, Xu Y L, et al. Diversity of culturable soil fungi in different habitats and depths in mangrove ecosystem[J]. *Microbiology China*, 2014, 41(10): 1969-1975. [刘敏, 黄惠琴, 徐友林, 等. 红树林生态系统中不同生境不同深度土壤的可培养真菌的多样性[J]. *微生物学通报*, 2014, 41(10): 1969-1975.]
- [11] Zhou Z D, Hua J F, Xue J H. Salinity drives shifts in soil microbial community composition and network complexity along vegetation community succession in coastal tidal flats[J]. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 2022, 276: 108005.
- [12] Chu H Y, Gao G F, Ma Y Y, et al. Soil microbial biogeography in a changing world: Recent advances and future perspectives[J]. *mSystems*, 2020, 5(2): e00803-19.
- [13] Layeghifard M, Hwang D M, Guttman D S. Disentangling interactions in the microbiome: A network perspective[J]. *Trends*

in Microbiology, 2017, 25(3): 217-228.

[14] Yang T, Adams J M, Shi Y, et al. Soil fungal diversity in natural grasslands of the Tibetan Plateau: Associations with plant diversity and productivity[J]. New Phytologist, 2017, 215(2): 756-765.

[15] Oren A, Rotbart N, Borisover M, et al. Chloroform fumigation extraction for measuring soil microbial biomass: The validity of using samples approaching water saturation[J]. Geoderma, 2018, 319: 204-207.

[16] Kurtz Z D, Müller C L, Miraldi E R, et al. Sparse and compositionally robust inference of microbial ecological networks[J]. PLoS Computational Biology, 2015, 11(5): e1004226.

[17] Zhang F S, Zhu Y G, Peng J J, et al. Linking the soil microbiome to soil health[J]. Scientia Sinica Vitae, 2021, 51(1): 1-11.

[18] Zhou L X, Ding M M. Soil microbial characteristics as bioindicators of soil health[J]. Biodiversity Science, 2007, 15(2): 162-171. [周丽霞, 丁明懋. 土壤微生物学特性对土壤健康的指示作用[J]. 生物多样性, 2007, 15(2): 162-171.]

[19] Wang N, Gao J, Wei J, et al. Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain[J]. Environmental Science, 2019, 40(5): 2375-2381. [王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, 40(5): 2375-2381.]

[20] Courty P E, Buée M, Diedhiou A G, et al. The role of ectomycorrhizal communities in forest ecosystem processes: New perspectives and emerging concepts[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2010, 42(5): 679-698.

[21] Philippot L, Chenu C, Kappler A, et al. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. Nature Reviews Microbiology, 2024, 22(4): 226-239.

[22] Wu X H, Wang R, Gao C Q, et al. Variations of soil properties effect on microbial community structure and functional structure under land uses[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(20): 7989-8002. [吴希慧, 王蕊, 高长青, 等. 土地利用驱动的土壤性状变化影响微生物群落结构和功能[J]. 生态学报, 2021, 41(20): 7989-8002.]

[23] Yang X J, Li C J. Impacts of mechanical compaction on soil properties, growth of crops, soil-borne organisms and environment[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(7): 2008-2015. [杨晓娟, 李春俭. 机械压实对土壤质量、作物生长、土壤生物及环境的影响[J]. 中国农业科学, 2008, 41(7): 2008-2015.]

[24] Hu Z K, Delgado-Baquerizo M, Fanin N, et al. Nutrient-induced acidification modulates soil biodiversity-function relationships[J]. Nature Communications, 2024, 15(1): 2858.

[25] Luo G W, Xue C, Jiang Q H, et al. Soil carbon, nitrogen, and phosphorus cycling microbial populations and their resistance to global change depend on soil C: N: P stoichiometry[J]. mSystems, 2020, 5(3): e00162-20.

[26] Ning Q, Chen L, Zhang C Z, et al. Saprotrophic fungal communities in arable soils are strongly associated with soil fertility and stoichiometry[J]. Applied Soil Ecology, 2021, 159: 103843.

[27] Banerjee S, Schlaeppi K, van der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning[J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(9): 567-576.

[28] Qiao Y Z, Wang T T, Huang Q W, et al. Core species impact plant health by enhancing soil microbial cooperation and network complexity during community coalescence[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2024, 188: 109231.

(责任编辑: 卢萍)