

不同底质条件下苦草根部分菌群落的组装模式

张文龙^{1,2}, 王新梓^{1,2}, 潘沈阳^{1,2}, 周鹏程^{1,2}, 李 轶^{1,2}

(1. 河海大学浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 江苏 南京 210098;

2. 河海大学环境学院, 江苏 南京 210098)

摘要:通过室内试验模拟不同底质条件,研究了苦草根部分菌群落的组装模式和功能变化。结果表明:底质条件的改变对苦草根部分菌群落产生了显著影响($p=0.003$),特别是在添加有机质和植物根际促生菌的底质条件下;尽管根际细菌群落与根内生菌群落存在较强联系,但根内生菌群落组装过程拥有更高的确定性,而根际细菌群落组装过程更易受到植物宿主以外叠加的环境因素影响;功能预测结果表明在添加有机质和植物根际促生菌的条件下,苦草根部分菌群落拥有更高的代谢活性,更有利于有益细菌群落在苦草根部的富集。

关键词:底质条件;苦草;根际细菌群落;根内生菌群落;组装模式

中图分类号:X52

文献标志码:A

文章编号:1004-6933(2024)04-0109-09

Assembly patterns of bacterial community in roots of *Vallisneria natans* under different substrate conditions// ZHANG Wenlong^{1,2}, WANG Xinzi^{1,2}, PAN Shenyang^{1,2}, ZHOU Pengcheng^{1,2}, LI Yi^{1,2} (1. Key Laboratory for Integrated Regulation and Resource Development on Shallow Lakes of Ministry of Education, Hohai University, Nanjing 210098, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China)

Abstract: Through laboratory test, different substrate conditions were simulated and the assembly patterns and functional changes of the bacterial community in the roots of *Vallisneria natans* were studied. The results show that changes in substrate conditions have a significant impact on the rhizosphere bacterial community of *Vallisneria natans* ($p=0.003$), especially under substrate conditions with the addition of organic matter and plant rhizosphere growth promoting bacteria. Although there is a strong correlation between the rhizosphere bacterial community and the endophytic bacterial community, the assembly process of the endophytic bacterial community has higher certainty, and the assembly process of the rhizosphere bacterial community is more susceptible to environmental factors superimposed outside the plant host. The functional prediction results indicate that under the conditions of adding organic matter and plant rhizosphere growth promoting bacteria, the bacterial community in the roots of *Vallisneria natans* has higher metabolic activity, which is more conducive to the enrichment of beneficial bacterial communities in the roots of *Vallisneria natans*.

Key words: substrate conditions; *Vallisneria natans*; rhizosphere bacterial community; endophytic bacterial community; assembly pattern

作为河湖生态系统中的初级生产者,沉水植物既是水生生态系统中的重要组成部分,也是维持水生生态系统稳定性的关键一环^[1]。苦草(*Vallisneria natans*)作为水生生态修复中沉水植物群落重构的先锋物种^[2],在提升水体溶解氧^[3]、吸附水体重金属^[4-5]及悬浮颗粒物^[6]、抑制藻类生长^[7]等方面发挥着重要作用。加强对苦草植物性状的研究,有助于更好地开展沉水植物恢复工程,进而提升水生生态系统的质量与稳定性。苦草性状受光照^[8]、溶解氧^[9]、水深^[3]、底质类型^[8]等因素影响,河湖等不同水体的底质类型是影响苦草性状的关键因素,也是

苦草生长发育与植物群落建群恢复的基本条件^[10]。水体底质不仅具有固持作用,而且能影响苦草的定植过程,同时也是苦草获取营养的主要来源之一。不同底质类型的理化性质以及微生物群落组成和结构的差异会对苦草根系分布、繁殖与生长产生不同的影响^[11]。

不同底质的水体中污染物的去除不仅受到沉水植物性状的影响^[12],还受到其根部细菌群落的作用^[13]。一方面,根部细菌群落通过影响植物性状间接参与水体污染物的去除^[14];另一方面,根部细菌群落也可直接参与底质或者泥-水界面污染物的去

基金项目:江苏省碳达峰碳中和科技创新专项重大科技示范项目(BE2022601)

作者简介:张文龙(1987—),男,教授,博士,主要从事水资源保护与生态修复研究。E-mail:1223zhangwenlong@163.com

除,是河湖水质提升的重要因素^[15]。相比沉水植物自身性状在不同底质条件下的变化,根部细菌群落对底质变化的响应更为显著^[16],因此,本文针对不同底质条件下苦草性状及其根部细菌群落对水质改善的影响,通过开展室内模拟试验,设置不同的底质类型,解析不同底质条件下苦草性状变化并识别不同的根部细菌群落组装模式并探究潜在代谢功能,以期在水生态修复过程中沉水植物群落的恢复提供理论支撑。

1 试验材料与方法

1.1 试验材料

为设置不同的底质条件,避免因底质不均匀导致的微生物群落差异,首先以无菌土作为基础底质,分别加入植物根际促生菌(plant growth promoting rhizobacteria,PGPR)、腐殖质、有机质及其不同组合构建相应底质。其中,PGPR通过分泌有机酸、产生螯合物以及酶促反应等途径提高植物的营养代谢效率,并分泌植物激素、酚类等化学物质协助植物应对各种生物和非生物胁迫^[17],因此在底质中添加PGPR来模拟富集有益菌群的沉积物。土壤中有机的含量、储量以及动态是土壤圈生物地球化学过程的主要决定因素,影响着土壤生物区系的活性和植物营养吸收能力^[18]。土壤腐殖质有助于植物根系吸收水分和营养物质,其在促进植物生长方面有着积极作用^[19]。本文以秸秆粉末及稻壳粉末的均匀混合物作为有机质^[20-21],以细筛腐熟橡树叶作为腐殖质^[22]。将有机质和腐殖质加入到底质中,建立5个不同处理组:控制(CK)组,添加2 kg 无菌土;菌剂(A1)组,添加2 kg 无菌土+PGPR;腐殖质(A2)组,添加1.8 kg 无菌土+0.2 kg 腐殖质+PGPR;有机质(A3)组,添加1.8 kg 无菌土+0.2 kg 有机质+PGPR;腐殖质+有机质(A4)组,添加1.8 kg 无菌土+0.1 kg 腐殖质+0.1 kg 有机质+PGPR。本试验中采用的PGPR为枯草芽孢杆菌,用量均为105 g(以菌落形成单位计)。试验采用的苦草均采自南京莫愁湖,进行7 d的预培养后,筛选体型均衡且健康状况良好的植株作为建群种。所选苦草的单株鲜重为3.7 g左右,高度约为15 cm,分蘖数为3~4个。

1.2 试验方法

试验装置采用的是透明亚克力圆筒(高60 cm、半径10 cm、壁厚5 mm)。设置试验底质的高度为10 cm,合理填充沉积物以保持一定的松弛度,避免压实。每个圆筒中采用扦插式均匀种植6株苦草。试验用水取自南京莫愁湖,初始水温为26℃,COD、TN、TP、NO₃⁻-N、SS的原始质量浓度分别为8.2、

0.56、0.02、0.20、0.18 mg/L,原始浊度为6.17 NTU。

在预培养与正式试验期间,每天以磷酸二氢钾(KH₂PO₄)和硝酸钾(KNO₃)的形式向试验装置中加入5 μg/L的磷和50 μg/L的氮作为营养物质。试验开始时间为2022年8月,正式试验周期共计40 d,分别在试验开始后的第20天和试验结束时的第40天进行苦草植株以及根际细菌与根内生菌群落采集。

1.3 高通量测序

对采集的植物根际与根内样本进行DNA抽提,从提取出的DNA样品中分离3 μL进行1%琼脂糖凝胶电泳检测。若质量达到检测标准,则将抽提样本送至上海凌恩生物科技有限公司进行16S rRNA高通量测序。然后,利用引物799F(5'-AACMGGATTAGATACCKG-3')和1392R(5'-ACGGGCGGTGTGTRC-3')对16S rRNA基因的V5-V7区进行扩增^[23],并在Illumina MiSeq平台进行高通量测序。基于测序结果使用MOTHUR对序列进行处理,使用QIIME(v.1.9.0, Quantitative Insights Into Microbial Ecology)软件进行序列分析^[24]。以SILVA 132数据库作为对照,以97%相似性阈值进行操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs)聚类,创建测序序列的OTU表用于后续数据分析。

1.4 数据分析方法

利用R4.2.3(<https://www.r-project.org/>)中的Vegan包计算不同底质组成下的植物根际细菌及根内生菌群落α多样性指数,并基于Kruskal-Wallis检验对不同底质组成的α多样性指数进行差异分析。将植物根际细菌及根内生菌群落相对丰度排名前十的门及相对丰度排名前二十的属绘制成相对丰度柱状图,比较细菌群落组成的变化。利用基于Bray-Curtis距离的主坐标分析对不同底质组成的根部细菌群落组成差异性进行分析。利用PICRUS2功能预测对每个样本中细菌群落的功能进行注释,并使用STAMP统计分析工具对不同底质组成下苦草根际细菌群落的功能差异进行分析^[25]。

2 结果与分析

2.1 不同底质条件下苦草根际细菌群落结构

2.1.1 苦草根际细菌和根内生菌群落结构分析

利用主坐标分析对试验中苦草根际细菌群落和根内生菌群落的β多样性进行差异分析,结果见图1。由图1可见,对于根际细菌群落而言,不同试验组在PCoA1轴的解釋度为37.54%且整体具有显著性差异($p=0.003$),表明不同底质条件下苦草根际细菌群落出现显著性变化。其中,A3组和A4组

与其他 3 组之间区分明显,即添加了有机质的底质根际细菌群落结构变化显著,表明在底质中添加有机质和 PGPR 对苦草根际细菌群落有较大影响。CK 组与 A1 组大部分重合,说明 CK 组与 A1 组的根际细菌群落组成差异并不明显,即单纯添加 PGPR 不能显著改变苦草根际细菌群落,这可能是因为 PGPR 需要借助有机质等环境条件才能存活的原因^[26]。根内生菌群落整体并无显著性差异,表明与不同底质相比,沉水植物根内生菌更易受到宿主本身的影响^[27]。

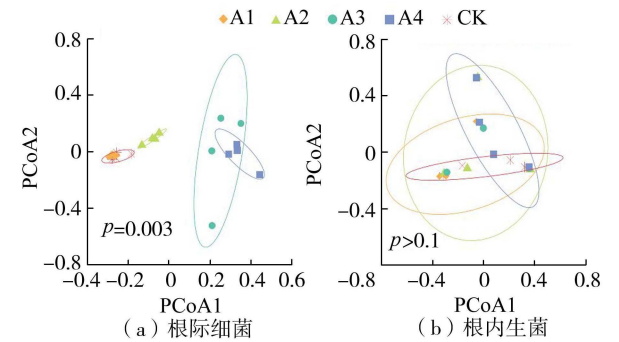


图 1 苦草根际细菌群落主坐标分析结果

Fig. 1 Principal coordinate analysis results of bacterial communities in roots of *Vallisneria natans*

对不同底质条件下苦草根际细菌群落和根内生菌群落的 α 多样性进行分析,结果见图 2。就根际细菌群落而言,无论是基于群落丰富度 Chao1 指数还是群落多样性香农指数,不同底质条件下均表现出显著性差异,且均以 A2 组的 α 多样性指数最高,即以腐殖质作为底质的条件下,有助于苦草根际细菌群落的多样性表达。而 A3 组的 α 多样性指数在

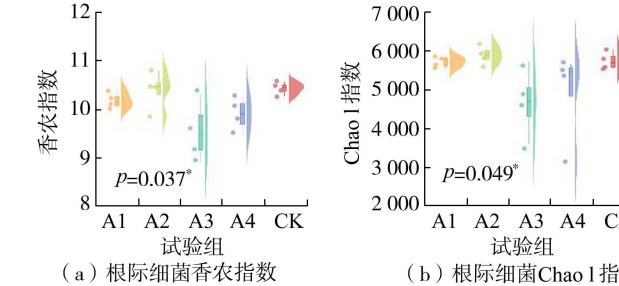


图 2 苦草根际细菌群落 α 多样性分析结果

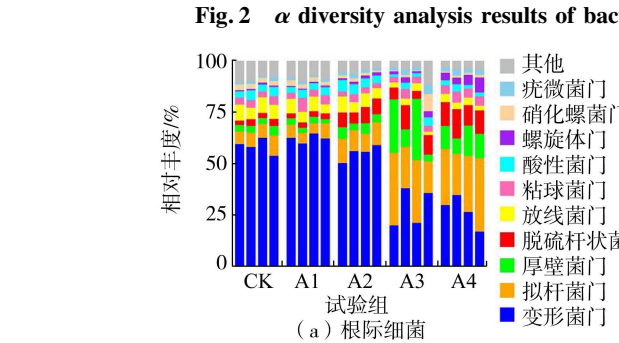


图 2 苦草根际细菌群落 α 多样性分析结果

所有试验组中是最低的,表明在底质中添加有机质和 PGPR 会导致苦草根际细菌群落的减少。就根内生菌群落而言,不同底质组成下的苦草根内生菌群落多样性没有显著差异,这与 β 多样性结果一致,进一步验证了沉水植物根内生菌群落强烈地受到宿主本身的影响。这种根内与根际细菌群落的差异也表明了从植物根际部位到植物根内部位的过程中,植物本身的富集筛选过程降低了细菌群落的多样性差异^[28]。

2.1.2 苦草根际细菌和根内生菌群落组成分析

分别对苦草根际细菌群落和根内生菌群落组成进行分析,结果如图 3、图 4 所示。在苦草根际细菌群落中,共得到 18841 个 OTU 分类单元,归属 59 个门。其中,CK 组、A1 组和 A2 组以变形菌门 (Proteobacteria) 为主,A3 组和 A4 组则以变形菌门和拟杆菌门 (Bacteroidota) 为主。A3 与 A4 组的变形菌门相对丰度较 CK 组、A1 组和 A2 组下降显著 (方差分析, $p<0.001$),而拟杆菌门 (方差分析, $p<0.001$) 显著上升。结果表明不同底质组成下植物根际细菌群落的组成存在差异,在底质中添加有机质可以显著改变苦草根际细菌群落的门水平组成。苦草根际细菌群落归属 1502 个属。其中,A3 组和 A4 组的溶杆菌属 (*Lysobacter*)、Ellin6067 属、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、沙壤土杆菌属 (*Ramlibacter*) 相比于 CK 组、A1 组和 A2 组有着显著的下降趋势 (方差分析, $p<0.01$)。相反,杆菌属 VadinHA17-未命名菌属和拟醋杆菌属

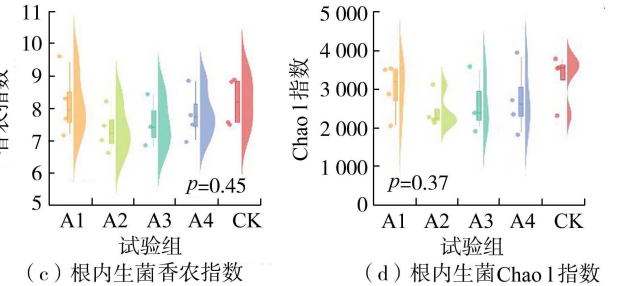


图 2 苦草根际细菌群落 α 多样性分析结果

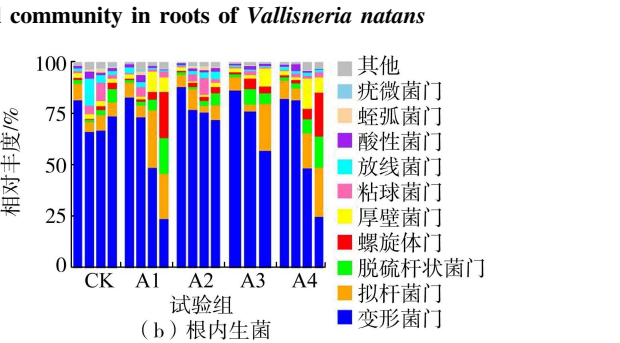


图 3 苦草根际细菌群落相对丰度分布

Fig. 3 Relative abundance distribution of bacterial communities in roots of *Vallisneria natans*

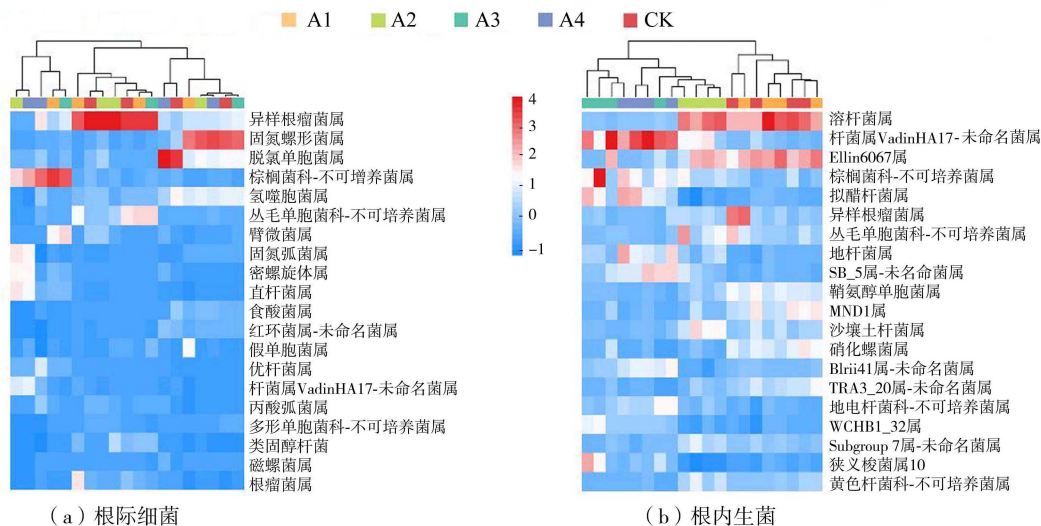


图4 苦草根细菌群落属聚类结果分布

Fig. 4 Cluster analysis of bacterial communities in roots of *Vallisneria natans*

(*Acetobacteroides*) 的相对丰度则是显著上升的 (方差分析, $p < 0.001$)。杆菌属 *VadinHA17* -未命名菌属和拟醋杆菌属均属于拟杆菌门, 均具有水解酸化的功能, 对木质素的降解有一定的促进作用^[29]。添加了有机质的底质中细菌群落结构会发生显著变化, 进而引起植物根系的代谢功能变化。在苦草根内生菌群落中, 共得到 17 523 个 OTU 分类单元, 归属 55 个门。在所有的试验组中, 苦草根内生菌群落均是以变形菌门占主导, 其平均相对丰度达 67.6%。CK 组的放线菌门 (*Actinobacteriota*) 平均相对丰度水平为 7.2%, 远高于其他试验组。A3 组的脱硫杆状菌门 (*Desulfobacterota*) 平均相对丰度 (5.4%) 和螺旋体门 (*Spirochaetota*) 平均相对丰度 (3.2%) 均远高于其他试验组。苦草根内生菌群落归属于 1 073 个属。根瘤菌属 (*Rhizobium*) 在 A2 组中的相对丰度是最高的 (平均 41.6%), 在 A3 组及 A4 组中的相对丰度是最低的 (分别为 12.6%、9.2%), 表明在底质中单独添加腐殖质会显著增加苦草根内根瘤菌属的相对丰度, 而在底质中添加有机质则会显著降低根内根瘤菌属 (*Rhizobium*) 的相对丰度。根瘤菌属促进植物组脱羧氨基酸的合成, 从而为植物提供有益特性^[30]。此外, 在底质中添加有机质和 PGPR 会显著提升固氮螺杆菌属 (*Azospira*)、脱氮单胞菌属 (*Dechloromonas*) 等有益细菌的相对丰度, 这些细菌可能通过利用木质素为碳源、固氮及促进植物根部生长等多种途径改变苦草功能性状。

2.2 不同底质条件驱动苦草根细菌群落构建过程

2.2.1 苦草根细菌群落结构差异分析

为进一步阐明苦草根微环境中的细菌群落的结构组成, 尤其是根际细菌群落与根内生菌群落之间的生物学过程, 通过非度量多维标度分析方法探

究根际细菌群落和根内生菌群落之间的相似性与差异性, 结果如图 5 所示。由图 5 可见, 根际细菌群落与根内生菌群落在 NMDS1 轴有较好分区, Stress 值小于 0.2, 具有较好的解释度。而且, 不同底质条件下的根内生菌群落分布较根际细菌群落更为聚集, 验证了苦草的宿主特异性选择对根内细菌群落的驱动作用。

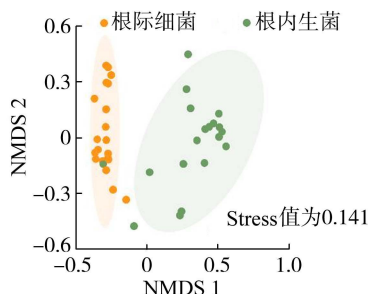


图5 苦草根细菌群落的非度量多维标度分析结果

Fig. 5 Results of non-metric multidimensional scaling analysis of bacterial community in roots of *Vallisneria natans*

对苦草根际细菌及根内生菌群落 α 多样性进行分析, 结果如图 6 所示, 可以发现 α 多样性指数从苦草根际到根内均呈现显著的下降趋势。苦草通过宿主特异性选择从根际细菌群落中富集和筛选有益细菌群落至苦草根内, 导致细菌群落的多样性降低^[31]。总体来说, 苦草根系细菌群落 α 多样性变化存在相似性, 苦草根可能也存在着根系细菌组装模式。

对苦草根系细菌群落在门水平上的组成进行分析, 结果如图 7 所示。根据苦草根系细菌群落组成的变化趋势, 苦草根内生菌群落对比于根际细菌群落, 不同底质组成的变形菌门均呈现上升的趋势, 拟杆菌门和脱硫杆状菌门则是呈现下降的趋势, 表明

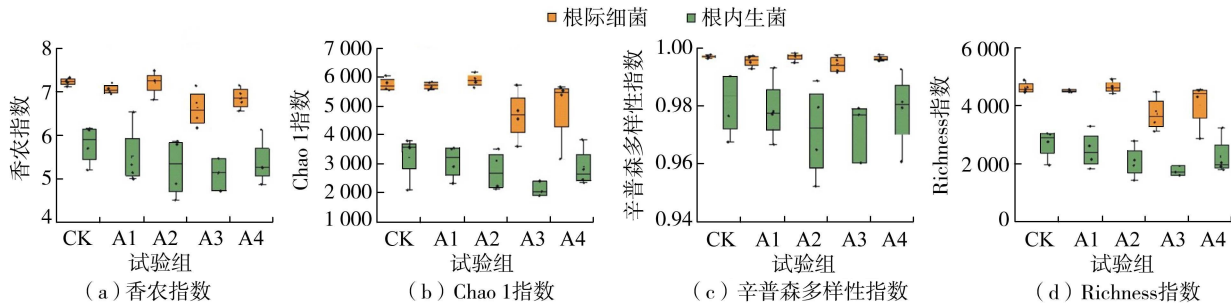


图 6 苦草根部细菌群落 α 多样性箱型图

Fig. 6 α diversity analysis boxplots of bacterial community in roots of *Vallisneria natans*

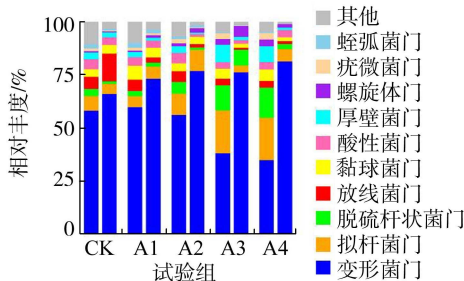


图 7 苦草根部细菌群落门水平细菌群落组成

Fig. 7 Composition of phylum level of bacterial community in roots of *Vallisneria natans*

在所有试验组中苦草根系细菌群落组成变化是具有相似性的,这种相似性证实了苦草根系细菌群落组装模式的存在。虽然所有试验组苦草根系细菌群落组成变化具有相似性,但不同底质组成下的细菌群落变化程度是不一致的,表明不同的底质条件会一定程度上影响到苦草根系细菌群落组装过程。通过 Upset 图进一步分析苦草根际和根内生菌群落的数量组成(图 8),Upset 图基于 50% 共有样点,即每组内 50% 样本含有该元素,则认为该组含有该元素,可以发现根际细菌群落拥有更多的 OTUs,这也符合根际细菌群落拥有更高的多样性。但根际与根内生菌群落共有 OTUs 在各自群落中的占比均超过了

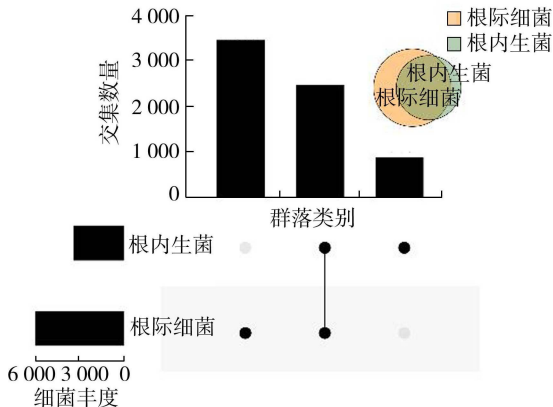


图 8 苦草根部细菌群落 Upset 图

Fig. 8 Upset map of bacterial community in roots of *Vallisneria natans*

50%,表明根际细菌与根内生菌群落存在较强联系,苦草根部的细菌群落组装模式不仅受到苦草自身的宿主特异性影响,细菌群落自身的交流与演替过程也不可忽视^[32]。

2.2.2 苦草根部细菌群落组装模式

明确苦草根际细菌与根内生菌群落组装模式对维持水生态系统的稳定性意义重大。本文结合 Raup-Crick 相异指数 β_{RC} ,进一步探讨苦草根际细菌群落和根内生菌的群落构建过程,结果如图 9 所示。 β_{RC} 范围为 $(-1, 1)$,表示两个群落之间的相似(或相异)程度,当 β_{RC} 值越接近于 -1 时,表示群落相似程度越高,越接近于 1 表示群落相异度越高。就群落构建过程而言, 0 值表示观察到的相似(或相异)程度与零期望没有区别, 1 表示群落之间的差异完全大于偶然的预期, -1 表示观察到群落之间的差异完全小于偶然的预期。由此可见,根内生菌群落的群落组内相似度更高,根内生菌群落的 β_{RC} 值基本分布范围为 $-1 \sim -0.5$,意味着所处环境中存在较强的生态过滤器,对该环境内的群落做了较严格的约束,根内生菌群落更多地受到确定性过程影响。相比之下,根际细菌群落组内相似程度低于根内生菌群落,更为分散, β_{RC} 值基本分布范围为 $-1 \sim 0$,这表明尽管不同底质条件对根际微生物群落构建有一定影响,但与根内生菌相比,确定性过程占比更少。进一步考虑,一方面是因为植物根际到根内的过程中受宿主选择效应的影响^[33];另一方面根际细菌群落更易

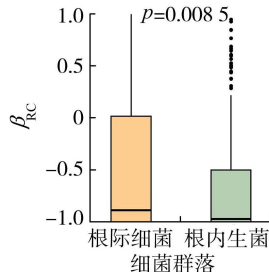


图 9 基于 Raup-Crick 相异指数的组内箱型图

Fig. 9 Within-group boxplots based on Raup-Crick dissimilarity indices

受到植物宿主以外的环境因素影响,由于本试验时间周期限制,环境选择的贡献相对有限,这些因素的叠加会进一步影响根际细菌群落组装的确定性过程^[34]。

2.2.3 苦草根细菌群落共线网络

构建共线网络以探究不同底质条件下苦草根际细菌与根内生菌群落之间的相互作用关系,结果如图 10 所示,图中门水平按颜色分类,标签显示属水平。对于 CK 组,变形菌门主导了苦草根际与根内之间的相互作用。对于 A1 组,植物根际与根内部位共有的细菌为慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*),其具有促进植物根系生长、固氮等功能。在 A2 组中,植物不同部位共有的 OTUs 包含有固氮螺形菌属、

慢生根瘤菌属与食氢产水菌属 (*Hydrogenophaga*)。其中,固氮螺形菌属可以通过氨氧化还原氮污染物,促进植物对氮素的吸收以及通过分泌生长激素促进植物生长。慢生根瘤菌属是一种可以与植物根部共生的有益菌属,表明在植物根系细菌群落的组装过程中,植物根部招募了有益菌群以促进植物的生长发育。对于 A3 组,在网络中厌氧贪食菌属 (*Anaerovorax*)为根际和根内生共有菌属,表明该细菌在网络中有着重要的作用。A4 组的苦草根际细菌与根内生菌互作网络主要包含变形菌门 (45.95%)、拟杆菌门 (18.92%) 等 6 种门水平的细菌。度是微生物网络分析中一个重要的量化指标,用于衡量微生物群体中每个微生物个体与其他微生物

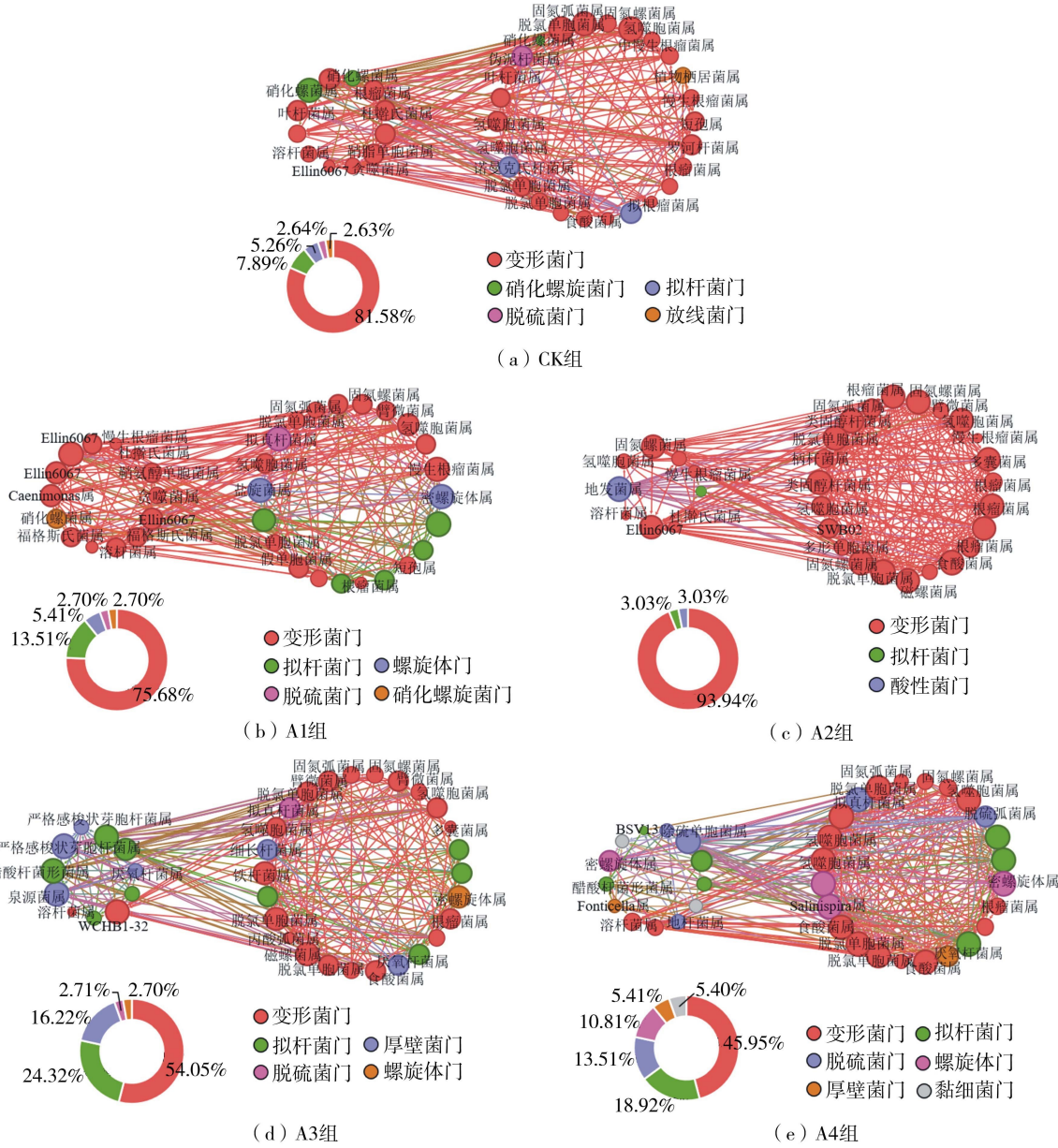


图 10 不同底质组成下苦草根际与根内细菌群落的共线网络

Fig. 10 Collinear network of rhizosphere and endophytic bacterial communities in *Vallisneria natans* under different substrate compositions

物个体之间的连接程度,可以反映共生、竞争、共存等微生物间的相互作用^[35]。本文基于 Spearman 分析对不同底质组成下微生物网络节点的度进行了差异分析,结果如图 11 所示。由图 11 可见,A3 组的网络节点度相较于控制组更高 (Spearman, $p = 0.034$),表示 A3 组中的根际细菌与根内生菌具有更强的关联性。

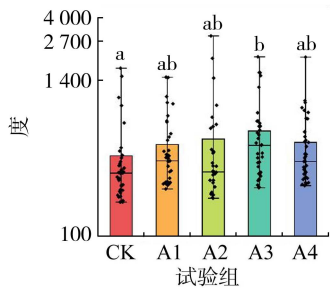


图 11 基于苦草根部共线网络节点的度
Fig. 11 Degree based collinear network node graph of *Vallisneria natans* roots

2.3 不同底质条件下苦草根部细菌群落功能特性
采用 PICRUS2 功能对不同底质条件下苦草根

际细菌及根内生菌进行功能注释,结果如图 12 所示。CK 组、A1 组和 A2 组的苦草根细菌功能方面较为相似,而 A3 组和 A4 组的功能较为相似。其中,A3 组和 A4 组相较于 CK 组、A1 组和 A2 组在核苷酸代谢 (nucleotide metabolism)、能量代谢 (energy metabolism)、聚糖生物合成与代谢 (glycan biosynthesis and metabolism) 和辅助因子和维生素代谢 (metabolism of cofactors and vitamins) 功能表达上更高。能量代谢和聚糖生物合成代谢水平的提升有助于植物进行营养元素的累积和营养代谢效率的提高^[36]。核苷酸的代谢过程则参与了植物体内的物质合成与消耗、能量传输等过程,从而调节植物的生长和发育状态^[37]。辅助因子和维生素代谢水平的升高代表着根部细菌群落分泌更多激素、维生素和抗生素,分别在植物叶绿素合成、酶的催化以及应对环境胁迫过程中起到了关键作用^[38]。这些功能的表达上升表明添加了有机质和 PGPR 的底质条件有利于有益细菌群落在苦草根部的富集,可能在植物抵抗环境胁迫过程中起到了关键作用。

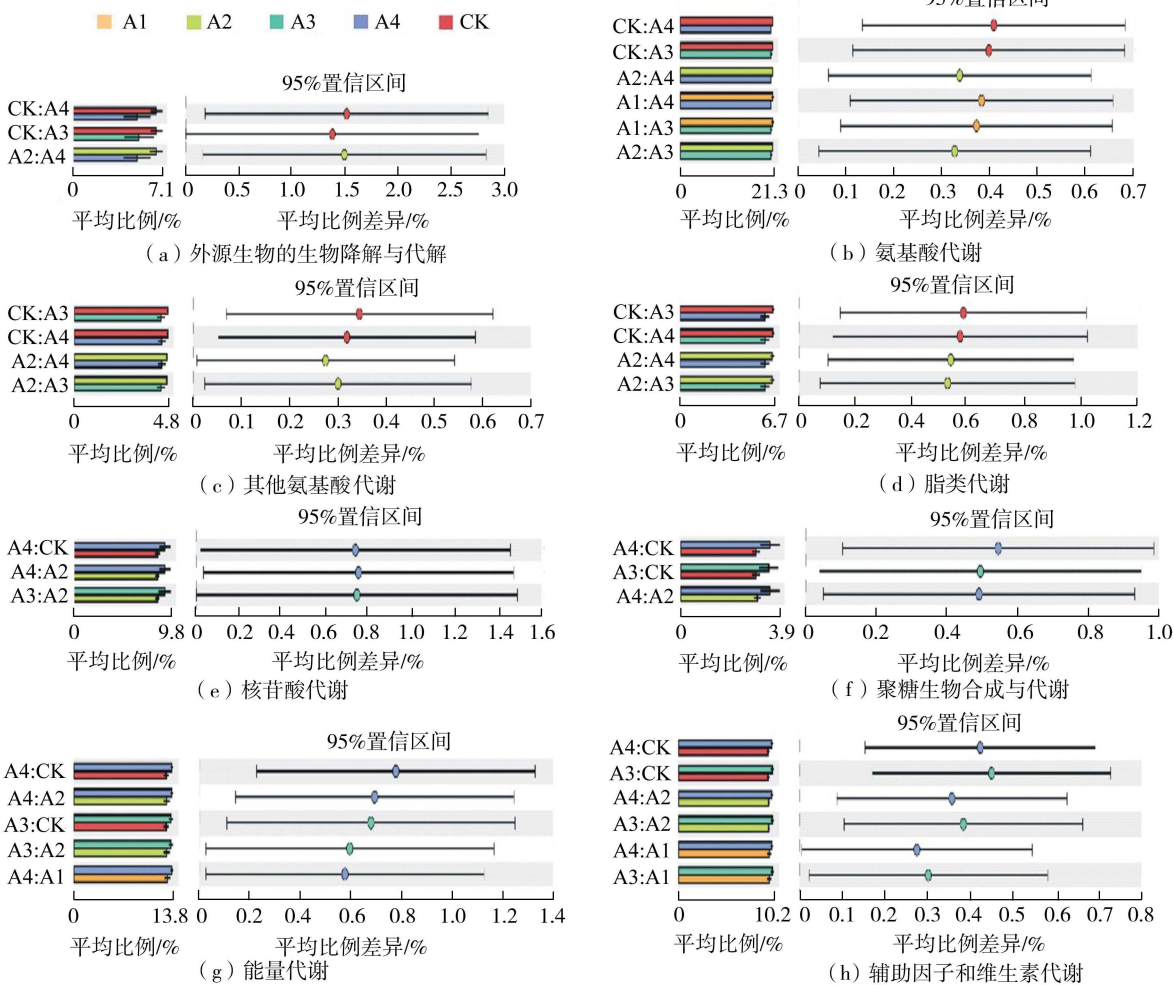


图 12 不同底质组成下苦草根部细菌群落功能差异

Fig. 12 Functions differences of *Vallisneria natans* rhizosphere bacterial communities under different substrate compositions

3 结 论

- a. 不同底质条件显著影响了苦草根际细菌群落的结构,尤其是在添加有机质和 PGPR 的条件下,根际细菌群落发生显著变化。
- b. 根内生菌群落受宿主植物的影响更大,不同底质条件下根内生菌群落的多样性没有显著差异,但根际细菌与根内生菌群落之间存在明显的差异。
- c. 根内生菌群落组装拥有更高的确定性过程,而根际细菌群落组装的过程更易受到植物宿主以外叠加的环境因素影响。
- d. 功能预测结果表明,在添加有机质和 PGPR 的底质条件下,苦草根际细菌群落表现出更多的代谢活性,有助于植物的生长和适应环境胁迫。

参考文献:

[1] PAICE R L, CHAMBERS J M, ROBSON B J. Potential of submerged macrophytes to support food webs in lowland agricultural streams [J]. Marine and Freshwater Research, 2017, 68(3) :549-62.

[2] 葛绪广,王国祥,陈成忠,等. 苦草生长对沉积物中磷迁移转化的影响 [J]. 生态学报,2014,34(20) :5802-5811. (GE Xuguang , WANG Guoxiang, CEHN Chengzhong, et al. Effects on the transformation of phosphorus in sediment with growing of *Vallisneria natans* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(20) :5802-5811. (in Chinese))

[3] LI H, LI Q, LUO X, et al. Responses of the submerged macrophyte *Vallisneria natans* to a water depth gradient[J]. Science of the Total Environment, 2020, 701 :134944.

[4] XING W, BAI G L, WU H P, et al. Effect of submerged macrophytes on metal and metalloid concentrations in sediments and water of the Yunnan Plateau lakes in China [J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, 17(10) : 2566-2575.

[5] 燕文明,蒋超,陈红,等. 苦草对沉积物-水界面不同形态砷的削减 [J]. 河海大学学报(自然科学版), 2023, 51(3) : 65-71. (YAN Wenming, JIANG Chao, CHEN Hong, et al. Reduction effect of *Vallisneria natans* on different forms of arsenic in sediment-water interface[J]. Journal of Hohai University(Natural Sciences), 2023, 51(3) :65-71. (in Chinese))

[6] ZHANG W, ZHOU P, PAN S, et al. The role of microbial communities on primary producers in aquatic ecosystems: implications in turbidity stress resistance [J]. Environmental Research, 2022, 215 :114353.

[7] SONG Y Z, WANG J Q, GAO Y X, et al. The physiological responses of *Vallisneria natans* to epiphytic algae with the increase of N and P concentrations in water bodies[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22(11) :8480-8487.

[8] 李鹏善,朱正杰,严燕儿,等. 不同光照强度和底质营养对三种沉水植物的影响[J]. 生态科学,2018,37(1) : 101-107. (LI Pengshan, ZHU Zhenjie, YAN Yaner, et al. Effects of different light intensity and sediment nutrition on three submerged macrophytes [J]. Ecological Science, 2018, 37(1) :101-107. (in Chinese))

[9] 赵凤斌,徐后涛,王丽卿,等. 淀山湖沉水植物:苦草群落恢复影响因子研究[J]. 生态环境学报,2011,20(增刊1) :1097-1101. (ZHAO Fengbin, XU Houtao, WANG Liqing, et al. Effects of environmental factors on *Vallisneria natans* restoration in Lake Dianshan [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2011, 20(Sup1) :1097-1101. (in Chinese))

[10] 张国庆,晏再生,吴慧芳,等. 不同基质对沉水植物苦草生长的影响研究进展[J]. 化学与生物工程,2020,37(12) : 1-8. (ZHANG Guoqing, YAN Zaisheng, WU Huifang, et al. Research progress in effects of different substrates on growth of submerged macrophyte *Vallisneria natans*[J]. Chemistry & Bioengineering, 2020, 37(12) : 1-8. (in Chinese))

[11] 王磊,胡效卿,张卓伦,等. 不同水深和基质下苦草 (*Vallisneria natans*) 的生理生态适应策略 [J]. 生态学杂志, 2021, 40(8) : 2421-30. (WANG Lei, HU Xiaoqing, ZHANG Zhuolun, et al. Physiological and ecological adaptation strategies of *Vallisneria natans* to different water depths and sediments [J]. Chinese Journal of Ecology, 2021, 40(8) : 2421-30. (in Chinese))

[12] 孙泽悦,姜翠玲. 基于水生植物修复的玄武湖生态水位研究 [J]. 水利水电科技进展, 2023, 43(3) :49-54. (SUN Zeyue, JIANG Cuiling. Study on ecological water level of Xuanwu Lake based on aquatic plant restoration [J]. Advances in Science and Technology of Water Resources, 2023, 43(3) :49-54. (in Chinese))

[13] 刘赵文,周葆华,寇乐勇,等. 武昌湖典型退化湿地菰草根际微生物群落结构 [J]. 地球与环境, 2018, 46(4) : 339-347. (LIU Zhaowen, ZHOU Baohua, KOU Leyong, et al. Microbial diversity of *Zizania Latifolia* Rhizosphere in typical degenerating wetland of Wuchang Lake [J]. Earth and Environment, 2018, 46(4) :339-347. (in Chinese))

[14] HONG Y, ZHOU Q, HAO Y, et al. Crafting the plant root metabolome for improved microbe-assisted stress resilience [J]. New Phytol, 2021, 234(6) : 1945-1950.

[15] 李轶,雷梦婷,杨楠,等. 河流微生物生态学的研究进展 [J]. 水资源保护, 2022, 38(1) :190-197. (LI Yi, LEI Mengting, YANG Nan, et al. Research and prospect on river microbial ecology [J]. Water Resources Protection, 2022, 38(1) :190-197. (in Chinese))

[16] ZHANG X, LIU S, JIANG Z, et al. Gradient of microbial communities around seagrass roots was mediated by sediment grain size [J]. Ecosphere, 2022, 13(2) : e3942.

[17] 勾宇春,王宗抗,张志鹏,等. 植物根际促生菌作用机

- 制研究进展 [J]. 应用与环境生物学报, 2023, 29 (2): 495-506. (GOU Yuchun, WANG Zongkang, ZHANG Zhipeng, et al. Advance in role mechanisms of plant growth-promoting rhizobacteria [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2023, 29 (2): 495-506. (in Chinese))
- [18] LAL R. Integrating animal husbandry with crops and trees [J]. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 2020, 4:113.
- [19] 窦森, 李艳, 关松, 等. 腐殖物质特异性及其产生机制 [J]. 土壤学报, 2016, 53(4):821-831. (DOU Sen, LI Yan, GUAN Song, et al. The structural distinctiveness of humic substances and its formation mechanism in simulated incubation [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2016, 53(4):821-831. (in Chinese))
- [20] 俞巧钢, 姜铭北, 孙万春, 等. 秸秆覆盖和绿肥种植对丘陵茶园氮磷流失的影响 [J]. 浙江农业学报, 2023, 35(4):903-912. (YU Qiaogang, JIANG Mingbei, SUN Wanchun, et al. Effects of straw mulching and green manure planting on nitrogen and phosphorus runoff loss in hilly tea garden [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2023, 35(4):903-912. (in Chinese))
- [21] 江飞飞, 马剑, 王佳雷. 低碳背景下土木工程实践教学: 稻壳资源化利用实验分析与探讨 [J]. 四川建筑, 2022, 42(6):302-314. (JIANG Feifei, MA Jian, WANG Jialei. Practical teaching of civil engineering under the background of low carbon: experimental analysis and discussion of resource utilization of rice husk [J]. *Sichuan Architecture*, 2022, 42(6):302-314. (in Chinese))
- [22] 杨满元, 李娟, 杨宁, 等. 不同植被覆盖方式对土壤活性有机碳及腐殖质的影响 [J]. 西北农林科技大学学报 (自然科学版), 2023, 51(9): 92-100. (YANG Manyuan, LI Juan, YANG Ning, et al. Effect of different vegetation cover types on soil active organic carbon and humus [J]. *Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition)*, 2023, 51(9):92-100. (in Chinese))
- [23] SINGH B K, MUNRO S, POTTS J M, et al. Influence of grass species and soil type on rhizosphere microbial community structure in grassland soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, 36(2/3):147-155.
- [24] CAPORASO J G, LAUBER C L, WALTERS W A, et al. Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms [J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(8):1621-1634.
- [25] PARKS D H, TYSON G W, HUGENHOLTZ P, et al. STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles [J]. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 2014, 30(21):3123-3134.
- [26] GUO S, TAO C, JOUSSET A, et al. Trophic interactions between predatory protists and pathogen-suppressive bacteria impact plant health [J]. *The ISME Journal*, 2022, 16(8):1932-1943.
- [27] PAN S, ZHANG W, LI Y, et al. Understanding the ecological processes governing hydrophyte-associated bacterial communities involved in hydrophyte growth and development [J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 312:114952.
- [28] TRIVEDI P, LEACH J E, TRINGE S G, et al. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2020, 18 (11):607-621.
- [29] HAO L T, LIU Y J, CHEN N, et al. Microbial removal of vanadium (V) from groundwater by sawdust used as a sole carbon source [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 751:10.
- [30] JARVIS B D W, VANBERKUM P, CHEN W X, et al. Transfer of *Rhizobium loti*, *Rhizobium huakuii*, *Rhizobium ciceri*, *Rhizobium mediterraneum*, and *Rhizobium tianshanense* to *Mesorhizobium* gen. nov [J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1997, 47 (3):895-908.
- [31] EDWARDS J, JOHNSON C, SANTOS-MEDELLIN C, et al. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 2015, 112(8): E911-20.
- [32] BECKERS B, OP DE BEECK M, WEYENS N, et al. Structural variability and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome of field-grown poplar trees [J]. *Microbiome*, 2017, 5(1):25.
- [33] LIU H W, BRETTELL L E, QIU Z G, et al. Microbiome-Mediated Stress Resistance in Plants [J]. *Trends in Plant Science*, 2020, 25(8):733-743.
- [34] LIN X L, LI Y J, XU G H, et al. Biodegradable microplastics impact the uptake of Cd in rice: The roles of niche breadth and assembly process [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 851:12.
- [35] MA B, WANG H Z, DSOUZA M, et al. Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China [J]. *The ISME Journal*, 2016, 10(8):1891-1901.
- [36] HEINEMANN B, HILDEBRANDT T M. The role of amino acid metabolism in signaling and metabolic adaptation to stress-induced energy deficiency in plants [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2021, 72(13): 4634-4645.
- [37] BUSCHE M, SCARPIN M R, HNASKO R, et al. TOR coordinates nucleotide availability with ribosome biogenesis in plants [J]. *Plant Cell*, 2021, 33(5):1615-1632.
- [38] ASENSI-FABADO M A, MUNNE-BOSCH S. *Vitamins in plants*: occurrence, biosynthesis and antioxidant function [J]. *Trends in Plant Science*, 2010, 15(10):582-592.

(收稿日期:2023-09-17 编辑:王芳)