

滨海湿地土壤微生物群落多样性及其影响因素

张爱娣, 郑仰雄, 吴碧珊, 黄东兵

(广东生态工程职业学院, 广州 510520)

摘 要:连续 3 年(2015—2018 年)研究了珠江三角洲滨海红树林湿地、芦苇湿地、碱蓬湿地和互花米草湿地土壤微生物群落多样性及其影响因素。结果表明:土壤 pH 基本表现为互花米草湿地>碱蓬滩湿地>芦苇湿地>红树林湿地,其中不同湿地植物群落土壤 pH 值差异均不显著($p>0.05$);土壤有机碳、全氮、全钾基本表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地。滨海湿地不同植物群落土壤微生物碳源利用(AWCD)总体上呈逐渐增加的趋势,在培养 24~72 h 内 AWCD 快速增长,72 h 后增长缓慢,192 h 后急剧增长;相同时间土壤微生物碳源利用大致表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,局部有所波动。碳水化合物和羧酸类碳源是滨海湿地不同植物群落土壤微生物的主要碳源,其次为氨基酸类、酚酸类和聚合物类,胺类碳源的利用率最小。土壤微生物群落的物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)、优势度指数(D_s)和碳源利用丰富度指数(S)基本表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,其中优势度指数(D_s)差异均不显著($p>0.05$)。主成分分析结果表明,具有较高相关性的碳源有 18 种,其中羧酸类化合物有 5 种,多聚化合物有 3 种,碳水化合物有 6 种,芳香化合物 1 种,氨基酸 2 种,胺类化合物 1 种,在主成分分离中起主要贡献作用的是胺类和氨基酸类碳源。相关性分析显示,土壤养分和 pH 与微生物群落功能多样性密切相关,其中 pH 对土壤微生物群落功能多样性贡献为负,土壤养分对土壤微生物群落功能多样性贡献为正,是滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落多样性差异的重要影响因素。

关键词:滨海湿地; 土壤养分; 土壤微生物多样性

中图分类号:X172; S153.6

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2020)03-0008-07

Soil Microbial Community Diversity and Its Influencing Factors in Coastal Wetland

ZHANG Aidi, ZHENG Yangxiong, WU Bishan, HUANG Dongbing

(Guangdong Eco-Engineering Polytechnic, Guangzhou 510520, China)

Abstract:In order to study the variation of soil microbial community diversity and its influencing factors in coastal wetland from 2015—2018, mangrove wetland, reed wetland, salicornia wetland and mutual flower rice grass wetland were selected to explore soil microbial community diversity and its influencing factors. The results showed that the basic soil pH values decreased in the order: mangrove wetland>reed wetland>salicornia wetland>mutual flower rice grass wetland, and there was no significant difference in soil pH value between different wetland plant communities ($p>0.05$); soil organic carbon, total nitrogen and total potassium increased in the order: mangrove wetland<reed wetland<salicornia wetland<mutual flower rice grass wetland; the use of soil microbial carbon sources (AWCD) in different plant communities in coastal wetlands showed a gradually increasing trend on the whole, AWCD increased rapidly within 24 to 72 hours after cultivation, but slowly after 72 hours and sharply after 192 hours. At the same time, the uses of AWCD increased in the order: mangrove wetland<reed wetland<salicornia wetland<mutual flower rice grass wetland, with local fluctuations; carbohydrate and carboxylic acid carbon sources are the main carbon sources of soil microorganisms in different plant communities in coastal wetlands, followed by amino acids, phenolic acids and polymers, and amine carbon sources have the lowest utilization rate; the species richness index (H), evenness index (E), dominance index (D_s) and carbon source utilization richness index (S) of soil microbial

收稿日期:2019-05-30

修回日期:2019-06-24

资助项目:2017 年中华科技部资助项目“滨海滩涂湿地资源可持续利用及生态服务产业一体化”(2017YHFC0506205)

第一作者:张爱娣(1974—),女,广东省河源人,本科,讲师,研究方向:湿地生态学。E-mail:ZHANG_AIT@126.com

通信作者:黄东兵(1968—),男,广西平乐人,本科,副教授,研究方向:园林绿地规划设计。E-mail:huangdongbin@163.com

community increased in the order: mangrove wetland < reed wetland < salicornia wetland < mutual flower rice grass wetland, with no significant difference in dominance index (Ds) ($p > 0.05$). Principal component analysis results show that there is the high correlation among 18 kinds of carbon sources, among which there are five kinds of carboxylic acid compounds, 3 kinds of polymer compounds, 6 kinds of carbohydrates, 1 kind of aromatic compound, 2 kinds of amino acids, 1 kind of amine compound, amines and amino acids carbon source have main contribution to the separation of main component. Correlation analysis showed that soil nutrients and pH were closely related to the microbial community functional diversity, pH had the negative contribution to soil microbial community functional diversity, and soil nutrients had the positive contribution to soil microbial community functional diversity, which were the important influence factors on the differences of soil microbial community diversity in different plant communities in coastal wetland.

Keywords: coastal wetland; soil nutrients; soil microbial community diversity

生态系统能够维持一个完整的链条,需要各种的物质资源,由此带来了一系列的物种循环与能量流动。土壤质量反映了陆地生态系统的健康状况,土壤中的微生物和养分含量,都能通过一定的聚集和分级作用,作用于土壤质量。其中,土壤微生物的作用较大,能够加速分解有机质,促进形成土壤腐殖质,丰富土壤养分和促进其循环等,使土壤在环境监测、土壤肥力、土地利用等方面的指标得以提升,维持土壤生态系统的生物化学特征^[1-6];与此同时,土壤微生物能够对土壤养分进行分解和转化,使土壤维持能量流动和物质循环,提高质量和健康状况。再以往的研究中,困于微生物学的技术和方法,学界大多从微生物数量方面研究土壤,通过研究微生物的多样性,明确土壤微生物在组成和区系上的变化^[7-8]。而随着一系列生物和化学测试技术的进步,土壤微生物的多样性被人们越来越深入地认识到,一般使用磷脂脂肪酸(PLFA)分析法、碳素利用法和核酸分析法,从功能、物种和遗传多样性等角度展开研究。其中,碳素利用法主要通过 Biolog 微平板进行,由于其在微生物群落变化时表现比较明显,所以通过探查 Biolog 代谢多样性,理清其类型和群落结构而达成目标。所以通过该技术,能够研究和发现土壤微生物群落的代谢和其功能的多样性。

珠江三角洲湿地在形成过程中,受到河口周边地质构造、地形地貌、河口水动力过程、海平面变化等外在因素的印象,在珠江与海洋的交汇之地形成的,是珠江入海口与海洋相互作用的产物,并形成了独特的河口三角洲地貌格局^[9-15]。在长期的发展演变过程中,海平面的上升导致随珠江入海的泥沙在河口湾大量沉积,促进了珠江三角洲的形成,主要表现为,在河口处堆积形成了大量浅滩和滨海湿地,大量细颗粒沉积物向河口湾外集中并形成了大面积的水下三角洲及粤西陆架泥质沉积体^[16-17]。但是,从 20 世纪 80 年代以后,由于经济

的飞速发展,引发了珠江三角洲地区自然生态环境的变化,湿地面积逐渐缩小,滨海湿地退化严重,众多湿地景观被破坏,该地区的环境质量急剧下降,生物的多样性也逐步丧失,这给珠江三角洲地区带来了巨大的环境压力,也使该地区的环境保护与适度开发利用呈现不平衡的状态^[18]。在这种情况下,研究湿地土壤微生物多样性显得十分必要。因此,本研究主要集中在对滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落多样性及其影响因素等方面的探究,为我国的湿地环境综合治理与保护提供必要的借鉴和参考价值。

1 材料与方法

1.1 采样点分布

研究区选择珠江三角洲的淇澳岛,面积约为 24 km²,由于地处珠江河口内西岸横门河口,所以盛行亚热带海洋性气候。经统计数据显示,该地区 1 月平均气温为 15.3℃,历年极端最低温为 2.4℃,常年平均气温为 22.4℃;该地区的潮汐则呈现不正规半日潮的特征,主要表现在,涨落潮历时不等,相邻的两个高潮或低潮的潮高不等,平均潮差随洪季、枯季及大、小潮而不同,一般为 0.7~1.9 m;另据数据调查和分析发现,影响广东的热带气旋每年平均多达 12 次,其中,有 50% 的热带气旋显示在广东登陆,而有 21% 的热带气旋显示在珠江口登陆。

1.2 样品采集

选择了淇澳岛上的芦苇湿地、红树林湿地、互花米草湿地和碱蓬湿地,并在每个湿地选择 3 个重复样地,在 2015 年 8 月—2018 年 8 月期间,在每个样地选择 5 个 20 m × 20 m 代表方,用于采集土壤样品,同时,使用直径为 4 cm 的土钻按混合采样法获得 0—20 cm 土层,并将 5 个采集点的土壤混合形成土样,再用四分法将定量的土壤置于封口袋中,放入冰盒带回实验室。带回实验室的土样分为两部分使用,

风干、磨细一部分土样,过 100 目筛用于测定土壤理化性质;置于 4℃ 温度中保存另一部分土样,以作为分析土壤微生物群落功能多样性之用。

1.3 土壤微生物群落功能多样性

土壤微生物能够使土壤保持活性和肥力,可以从 McIntosh, Shannon 和 Simpson 指数等角度进行多样性测定;而在测定 Simpson 指数时,务必要放大数据至一千倍,避免出现负数;在分析多样性时,首先要确认无菌的环境,称取等同于烘干状态下 10 kg 重量的土壤,加入 90 ml NaCl 溶液,使其浓度达到 0.145 mol/L,继续振荡半小时,将样品稀释至 1 000 倍,继而使用 BIOLOG 排枪从土壤溶液中取出 100 μ l,用 ECO 板进行接种后再进行初次读数,再将其放在 25℃ 环境中培养 216 h,注意每间隔 12 h 进行一次读数;然后使用 0.85% NaCl 无菌溶液稀释样品,并将其放置在 25℃ 下的 Biolog-Eco 板进行培养,注意在此过程中要媒体都读取吸光值^[19]。

由于 Biolog-Eco 板中的碳源种类繁多,大约有 31 种,为准确探究微生物的利用水平,本研究采取了平均颜色变化率(AWCD)的研究方式。研究表明,当土壤微生物对碳源的利用水平越高时,AWCD 值越大,并且具有刚大的丰度,该值的计算公式如下^[20]:

$$AWCD = \sum[(C_i - R)/31]$$

式中: C_i 代表第 i 孔的吸光值; R 表示对照孔则;若 $(C_i - R) < 0$,则计算过程中将之记为 0,即 $(C_i - R) \geq 0$ 。

土壤微生物对土壤肥力的保持具有重要的推动作用,其群落功能多样性的测量,一般通过 3 个指数测定实现:McIntosh 指数、Shannon 多样性指数和 Simpson 指数^[18-19]。

$$H = -\sum P_i (\ln P_i)$$

式中: H 表示物种丰富度指数; P_i 表示微平板相对吸光值,计算公式为:

$$P_i = (C_i - R_i) / \sum (C_i - R_i)$$

S = 被利用碳源的总数(当吸光值 ≥ 0.25 的情况下微孔总和)

$$Ds = 1 - \sum P_i$$

式中: S 表示碳源利用丰富度指数; Ds 表示优势度指数。

想要得到相应的光密度值,需要培养 96 h 才能实现,然后用主成分法对其进行分析,在本试验中,共提取了 2 个主因子,再继续分析微生物对碳源的利用水平。

统计分析:Excel 2007 和 SPSS 21.0 进行数据分析和显著性水平检验。

2 结果与分析

2.1 滨海湿地不同植物群落土壤养分

滨海湿地不同植物群落土壤 pH 变化范围在 7.13~7.56,基本表现为:互花米草湿地 > 碱蓬滩湿地 > 芦苇湿地 > 红树林湿地,其中不同湿地植物群落土壤 pH 值差异均不显著($p > 0.05$);土壤有机碳变化范围在 9.63~13.98 g/kg,基本表现为:互花米草湿地 < 碱蓬滩湿地 < 芦苇湿地 < 红树林湿地,其中芦苇湿地和红树林湿地差异不显著($p > 0.05$),二者显著高于互花米草湿地和碱蓬滩湿地($p < 0.05$);土壤全氮变化范围在 0.91~1.18 g/kg,基本表现为:互花米草湿地 < 碱蓬滩湿地 < 芦苇湿地 < 红树林湿地,其中不同湿地差异均显著($p < 0.05$);土壤全氮变化范围在 26.52~43.09 g/kg,基本表现为:互花米草湿地 < 碱蓬滩湿地 < 芦苇湿地 < 红树林湿地,红树林湿地显著高于其他湿地($p < 0.05$)(图 1)。

2.2 滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落代谢平均颜色变化率

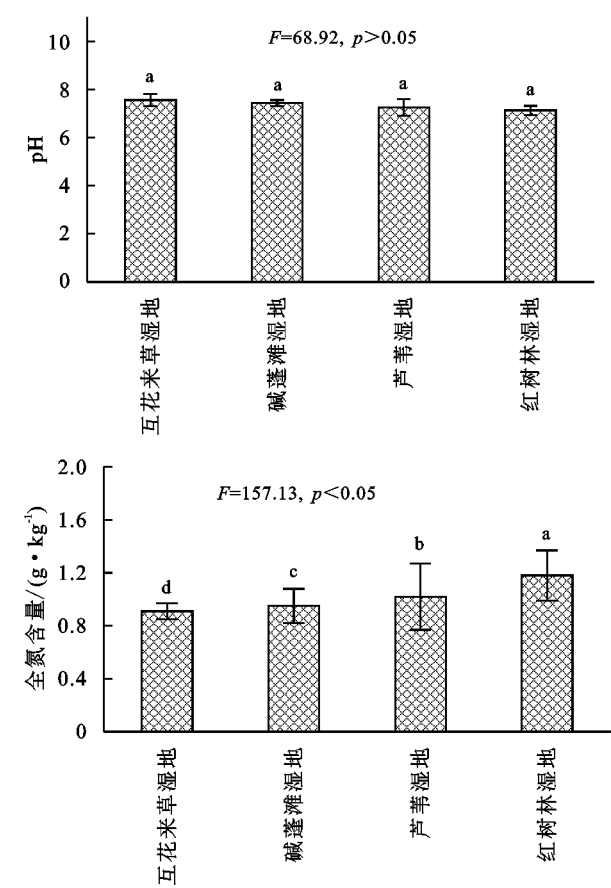
微生物群落功能多样性不仅与土壤微生物群落的生态功能具有较强的相关性,更能体现土壤微生物群落的生态功能,作为反映土壤微生物群落利用碳源能力的重要指标,平均颜色变化率(AWCD)在一定程度上反映土壤微生物的代谢活性。在滨海湿地,培养不同的植物群落土壤时,要注意每隔 24 h 测定 AWCD 值,就能得到 AWCD 随时间的动态变化图(图 2)。观察动态变化图能够发现,滨海湿地不同植物群落土壤微生物碳源利用与培养时间呈正比例发展关系,会随着培养之间的增加而增加。在开始培养的 24 h 内,AWCD 变化不甚明显;但在培养的 24~72 h 内,碱蓬滩湿地、互花米草湿地、红树林湿地和芦苇湿地中的土壤微生物碳源利用 AWCD 快速增长,说明微生物在这个阶段活性较强;培养时间达到 72 h 后,AWCD 增长速度减慢;而在 192 h 后,又开始急剧增长。具体来说,培养时间在 48 h 之内时,滨海湿地中不同植物群落土壤微生物碳源利用基本保持一致的态势;而培养时间超出 48 h 之后,在某时间段内,土壤微生物碳源利用的情况为红树林湿地 > 芦苇湿地 > 碱蓬滩湿地 > 互花米草湿地,只是在局部有所波动。

2.3 滨海湿地不同植物群落土壤微生物对碳源利用强度

土壤群落总体的改变,是由土壤微生物的多样性而引起的,但是通过该信息无法得知微生物群落代谢的情况,但是了解微生物对碳源的利用情况,能发现

一些端倪。研究土壤微生物群落代谢的多样性,可使用光密度增加较快的 120 h 的 AWCD 值进行分析。从化学基团的性质出发,将 ECO 板上的 31 种碳源分

成氨基酸类、碳水化合物类、羧酸类、聚合物、胺类、酚酸类等 6 类。如果对碳源进行培养,时间越久,微生物对其的利用数量也会越来越多。



注:不同小写字母表示差异显著($p<0.05$),下同。

图 1 滨海湿地不同植物群落土壤养分

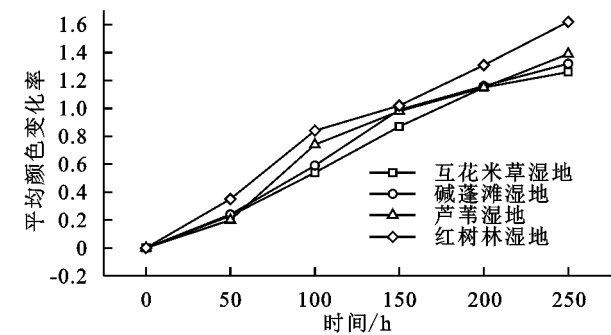


图 2 滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落代谢平均颜色变化率

由表 1 可知,对于碳源的利用,不同的微生物之间的区别一般比较大。以滨海湿地为主要考察地域来看,不同植物群落土壤微生物对碳源的利用率也大不相同。通过试验发现,红树林湿地中的土壤生物对碳源的利用率最高,互花米草湿地中的土壤生物对碳源的利用率最低,芦苇湿地和碱蓬滩湿地居中,且芦苇湿地中的土壤生物对碳源的利用率小于红树林湿地大于碱蓬滩湿地。其中,对碳水化合物类的利用比率变化范围为 0.79~1.46,利用羧酸类的比率变化范

围为 1.02~1.51,利用聚合物类的比率变化范围为 0.65~0.99,利用胺类率变化范围为 0.17~0.37,对酚酸类利用率变化范围为 0.61~0.71。概而言之,滨海湿地不同植物群落土壤微生物的主要碳源,除了碳水化合物、羧酸类碳外,还包括氨基酸类、酚酸类、聚合物类和胺类碳源等种类。

2.4 滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落多样性

由图 3 可知,滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落功能多样性指数存在一定差异,土壤微生物物种丰富度指数(H)变化范围为 1.63~3.35,基本表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,其中不同湿地差异均显著($p<0.05$);土壤微生物均匀度指数(E)变化范围为 0.24~0.75,基本表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,其中互花米草湿地和碱蓬滩湿地差异均不显著($p>0.05$);优势度指数(D_s)变化范围变化范围为 0.686~0.701,基本表现为互花米草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,其中不同湿地差异均不显著($p>0.05$);碳源利用丰富度指数(S)变化范围为 7.15~16.79,基本表现为互花米

草湿地<碱蓬滩湿地<芦苇湿地<红树林湿地,其中不同湿地差异均显著($p<0.05$)。

表 1 滨海湿地不同植物群落土壤微生物对碳源利用强度

滨海湿地	氨基酸类	碳水化合物类	羧酸类	聚合物类	胺类	酚酸类
互花米草湿地	0.51±0.03c	0.79±0.02c	1.02±0.3c	0.65±0.03d	0.17±0.01c	0.61±0.02a
碱蓬滩湿地	0.55±0.05c	0.87±0.05c	1.07±0.16c	0.72±0.04c	0.21±0.02c	0.63±0.03a
芦苇湿地	0.66±0.06b	1.13±0.07b	1.22±0.21b	0.81±0.06b	0.26±0.03b	0.70±0.06a
红树林湿地	0.81±0.05a	1.46±0.12a	1.51±0.14a	0.99±0.05a	0.37±0.02a	0.71±0.04a
平均值	0.63	1.06	1.21	0.79	0.25	0.66
F 值	156.32	145.89	152.31	147.15	149.58	56.89
p 值	<0.05	<0.05	<0.05	<0.05	<0.05	>0.05

注:同列不同小写字母表示差异显著($p<0.05$)。

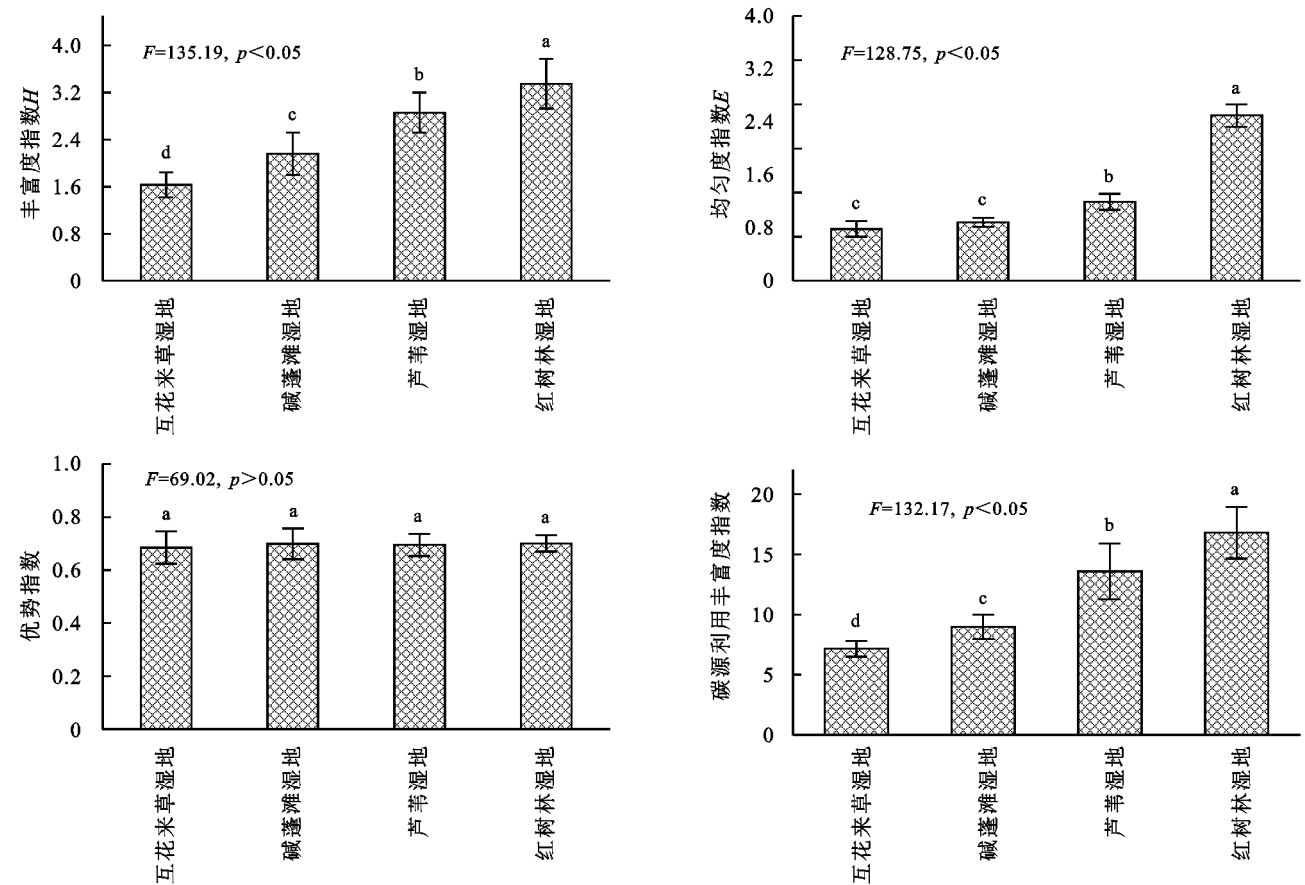


图 3 滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落多样性

2.5 土壤微生物群落碳源利用类型的主成分分析

在处理数据降维时,可以考虑使用主成分分析法。主成分分析法可以被用作对多个变量进行线性变换,并选择出少个数重要变量。在分析滨海湿地不同植物群落根区土壤微生物群落功能的差异时,要从 31 种碳源的利用情况出发进行分析。明确试验对象的主成分(PC)分析(PCA)后,选取第 120 小时时间点的数据,明确 4 个主成分。其中,主成分 1,2 能分别解释变量方差的 69.286%和 84.156%,前 3 个主成分之和为 94.197%,所以,本文主要阐释前 3 种成分。对主成分进行分析后可知,3 个主成分载荷 31 个碳源,见表 2,如果主成分载荷的碳源分子越多,受到的

影响就越大。由表 3 可知,与第一主成分密切相关的碳源总数为 18 种,占据种类数量最多的为碳水化合物,达 6 种;其次为羧酸类化合物,达 5 种;接着是多聚化合物、氨基酸、芳香化合物和胺类化合物,数量分别为 3 种、2 种、1 种和 1 种。需要注意的是,对主成分分离影响最大的是胺类和氨基酸类碳源。

表 2 方差分解主成分提取分析

主成分	特征值	方差贡献率/%	累积贡献率/%
1	26.125	64.169	69.286
2	7.026	17.023	84.156
3	3.154	9.014	94.197

表 3 不同碳源的主成分载荷因子

	碳源类型	PC ₁	PC ₂	PC ₃
芳香化合物	2-羟基苯甲酸	0.314	−0.725	−0.323
	4-羟基苯甲酸	0.723	0.212	−0.002
胺类化合物	腐胺	0.978	−0.120	−0.175
	苯基乙胺	0.623	0.216	0.014
	D-葡萄糖胺	0.775	0.35	−0.352
	D-半乳糖醛酸	0.921	−0.161	0.125
	D-苹果酸	0.743	−0.226	−0.117
羧酸类化合物	α-丁酮酸	0.413	0.749	−0.467
	γ-羟基丁酸	0.941	0.437	−0.132
	丙酮酸甲酯	0.924	0.245	−0.265
	衣康酸	0.717	0.153	−0.547
	α-环糊精	0.513	−0.251	0.063
多聚化合物	吐温-40	0.917	−0.021	−0.086
	吐温-80	0.825	−0.318	−0.279
	糖原	0.875	−0.177	−0.175
	α-D-乳糖	0.501	−0.545	0.498
	β-甲基-D-葡萄糖苷	0.436	−0.169	0.832
碳水化合物	i-赤藓糖醇	0.546	0.885	−0.242
	D-木糖	0.775	0.125	0.635
	D-甘露醇	0.824	0.017	0.203
	D-纤维二糖	0.353	−0.108	0.957
	D,L-α-磷酸甘油	0.917	−0.049	−0.225
	D-半乳糖酸-γ-内酯	0.942	−0.106	−0.114
	N-乙酰基-D-葡萄糖胺	0.832	0.176	0.724
	葡萄糖-1-磷酸	0.302	0.067	0.902
	L-精氨酸	0.942	0.568	−0.298
	L-丝氨酸	0.923	−0.429	0.065
氨基酸	L-苏氨酸	−0.504	0.313	0.542
	L-天门冬酰胺酸	0.907	−0.112	0.130
	L-苯基丙氨酸	0.212	0.272	0.256
	葡萄糖-L-谷氨酸	0.817	−0.195	−0.228

2.6 土壤养分与微生物多样性之间相关性

土壤微生物想要生存和繁殖,必须要依赖土壤中的养分,确切地说,要依赖有机碳和氮源。所以,土壤养分对微生物群落多样性具有至关重要的作用(表 4),土壤微生物群落功能的变化与土壤养分的变化呈正比例关系。与土壤 pH 之间的关系为负相关。土壤微生物群落优势度指数不容易受到土壤养分的影响,这是因为,碳源利用丰富度指数(S)、均匀度指数(E)和物种丰富度指数(H)土壤养分各指标的相关系数,均高于优势度指数(Ds)。概而言之,土壤养分、土壤 pH 和微生物群落功能多样性之间,是相互依赖和影响的,土壤养分的贡献程度较高,土壤 pH 的贡献程度较低。由以上推断可知,滨海湿地不同植物群落土壤微生物群落多样性会存在较大差异。

表 4 土壤养分与微生物多样性之间相关性

微生物 多样性	pH	全碳/ (g·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	全钾/ (g·kg ⁻¹)
物种丰富度指数(<i>H</i>)	-0.903 **	0.942 **	0.932 **	0.823 **
碳源利用丰富度指数(<i>S</i>)	-0.613 *	0.974 **	0.842 **	0.727 **
优势度指数(<i>D</i> _s)	-0.303	0.526 *	0.534 *	0.437
均匀度指数(<i>E</i>)	-0.713 **	0.914 **	0.801 **	0.426

注:*,** 分别表示在 0.05,0.01 水平上差异显著。

3 讨论与结论

土壤微生物利用碳源的程度显示了其活性,这种利用水平为平均颜色变化率(AWCD),侧面反映了微生物种群数量及其活动规律、分布特征等。其中 AWCD 值越大,说明微生物群的密度较大,具有较强的活性,而如果 AWCD 值越小,则说明微生物群的密度较小,不具备较强的活性。人们在研究中发现,在不同的植物群落的土壤中培养微生物,其活性存在较大的差异性,尤其是从 Biolog-ECO 板中碳源代谢能力角度来讲,红树林湿地和芦苇湿地中的微生物代谢能力更为强大,探究其深层次的原因,与碳源物质密不可分。在红树林湿地和芦苇湿地中,由于土壤中的养分含量高,那些与碳源物质能够融洽并存的微生物能够充分利用板中的碳源,提高碳源代谢能力,产生更多可利用碳源,从而有利于更多的微生物滋生。相关研究还发现了另一个现象,即微生物活性能够影响植被属性,这也收到了以往研究者的证实。红树林湿地和芦苇湿地中存在数量巨大的根系分泌物或植物残体,提高了土壤中的有机质含量,能够给予微生物更多的养分,从而提高其生物,促进微生物的生长发育与滋生,增加了新陈代谢的效率^[21-22]。而在碱蓬滩湿地和互花米草湿地中,土壤中的含水量较低,养分不多,仅能满足植物生长所需,对于微生物获取养分造成了一定的阻碍,从而使微生物减少了参与有机质分解活动,缺乏代谢活性,影响其生长发育及繁殖;红树林湿地和芦苇湿地具有天然优良的自然环境,能够提供充沛的养分,不仅能使植物旺盛生长,也能给微生物创造良好的生长环境,从而使得湿地中微生物的活性较为显著。研究人员还发现,微生物对不同碳源的利用也存在一些差异,对碳源利用水平最低的微生物位于湖滨高滩地,而对碳源利用水平最高的微生物位于沉水区,总体而言,微生物利用效果较好的碳源为羧酸类、碳水化合物碳源,而利利用效果较差的为胺类碳源。

土壤微生物对不同的碳源利用效果不同,呈现出不同的利用水平,大多是从多样性指数和丰富度方面体现的;而 Shannon 指数能体现微生物的功能多样性指数,即在颜色变化率相同的条件下,土壤微生物

利用碳源的种类和数量,该指数不仅能反映微生物物种的变化度,还能体现其差异度。当微生物利用碳源种类和数量较少时,该指数呈现较低的状态^[23-25]。另外,研究物种时,还要考虑其分布均匀程度,一般采用 Mc-Intosh 指数进行衡量,即单位面积内分布的物种数量越多,则该指数越大。而 Shannon 指数除了能够反映微生物群落分布的均匀度,还能反应物种数量。研究人员发现,微生物群落在红树林湿地和芦苇湿地的 Shannon-Wiener 指数较高,说明该区域的微生物分布比较均匀,且种类繁多,是较为适宜微生物群落生长的区域。

分析碳源利用的主成分分析发现,不同的土壤微生物在代谢功能多样性等方面存在较大差异,而差异表现最明显的是聚合物类和羧酸类,主要原因在于其成分具有与根系分泌物相似的成分,由此表明,该类分泌物极大地影响了微生物的群落功能^[26-28],主要表现在分泌物不断积累,不仅会影响植株正常的生长发育,还会影响微生物的活动。微生物在生长发育过程中所需要的碳源和氮源,能够从土壤养分中获得,本研究探究和分析的问题是土壤养分与微生物多样性之间存在的关系(表 4)。此外,本研究发现,微生物所需的养分主要来源于土壤养分,其多样性受到土壤养分的影响为正向的,而受到土壤 pH 的影响为负向的,土壤有效养分与微生物多样性呈现正相关关系。整体而言,土壤养分和土壤 pH 是微生物多样性的显著指标之一,影响了微生物群落的分布;微生物群落分布还受到植物种类、土壤属性和植被覆盖度等因素的影响,对这些因素的研究有助于土壤肥力的保持。

参考文献:

- [1] Shen G, Ashworth D J, Gan J, et al. Biochar amendment to the soil surface reduces fumigant emissions and enhances soil microorganism recovery[J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, 50(3):1182-1189.
- [2] Lange M, Eisenhauer N, Sierra C A, et al. Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage[J]. *Nature Communications*, 2015, 6:6707. doi:10.1038/ncomms7707.
- [3] Leff J W, Jones S E, Prober S M, et al. Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2015, 112(35):10967-10972.
- [4] Hartmann M, Frey B, Mayer J, et al. Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming[J]. *the Isme Journal*, 2015, 9(5):1177. doi:10.1038/ismej.2014.210.
- [5] Berg M, Stenuit B, Ho J, et al. Assembly of the *Cae-norhabditis elegans* gut microbiota from diverse soil microbial environments[J]. *the Isme Journal*, 2016, 10(8):1998. doi:10.1038/ismej.2015.253.
- [6] Maestre F T, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T C, et al. Increasing aridity reduces soil microbial diversity and abundance in global drylands[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2015, 112(51):15684-15689.
- [7] Locey K J, Lennon J T. Scaling laws predict global microbial diversity[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2016, 113(21):5970-5975.
- [8] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. *Nature Communications*, 2016, 7:10541. doi:10.1038/ncomms10541.
- [9] Simonin M, Richaume A. Impact of engineered nanoparticles on the activity, abundance, and diversity of soil microbial communities: a review[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, 22(18):13710-13723.
- [10] Zhelnina K, Dias R, de Quadros P D, et al. Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 69(2):395-406.
- [11] Zeng J, Liu X, Song L, et al. Nitrogen fertilization directly affects soil bacterial diversity and indirectly affects bacterial community composition[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 92:41-49.
- [12] Su J Q, Ding L J, Xue K, et al. Long - term balanced fertilization increases the soil microbial functional diversity in a phosphorus-limited paddy soil[J]. *Molecular Ecology*, 2015, 24(1):136-150.
- [13] 刘红宜,陈冲,卢瑛,等.珠江三角洲平原农田土壤有机碳组分及剖面分布特征[J].*土壤通报*, 2017, 48(2):399-405.
- [14] 韩志轩,王学求,迟清华,等.珠江三角洲冲积平原土壤重金属元素含量和来源解析[J].*中国环境科学*, 2018, 38(9):3455-3463.
- [15] 鲍恋君,郭英,刘良英,等.珠江三角洲典型有机污染物的环境行为及人群暴露风险[J].*化学进展*, 2017, 29(9):943-961.
- [16] 陈冲,贾重建,卢瑛,等.珠江三角洲平原土壤磷剖面分布及形态特征研究[J].*土壤通报*, 2015, 46(5):1025-1033.
- [17] 郭颖,郭治兴,刘佳,等.亚热带典型区域水稻土氧化铁高光谱反演:以珠江三角洲为例[J].*应用生态学报*, 2017, 28(11):3675-3683.
- [18] 肖蓉,韩玲,白军红,等.基于污染压力一退化表征的珠江河口湿地土壤退化评价[J].*北京师范大学学报:自然科学版*, 2018, 54(1):125-130.
- [19] 杨宁,邹冬生,杨满元,等.衡阳紫色土丘陵坡地不同植被恢复阶段土壤微生物群落多样性的变化[J].*林业科学*, 2016, 52(8):146-156.

- on plant productivity and nutrient cycling: a meta-analysis[J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2013, 5(2): 202-214.
- [21] Han G, Lan J, Chen Q, et al. Response of soil microbial community to application of biochar in cotton soils with different continuous cropping years[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 10184.
- [22] 吴伟祥, 孙雪, 董达, 等. 生物质炭土壤环境效应[M]. 北京: 科学出版社, 2015.
- [23] Stewart C E, Zhang J Y, Botte J, et al. Co-generated fast pyrolysis biochar mitigates green-house gas emissions and increases carbon sequestration in temperate soils[J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2013, 5(2): 153-164.
- [24] Liu Y, Liu S, Wan S, et al. Differential responses of soil respiration to soil warming and experimental throughfall reduction in a transitional oak forest in central China[J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2016, 226: 186-198.
- [25] Al-Wabel M I, Al-Omran A, El-Naggar A H, et al. Pyrolysis temperature induced changes in characteristics and chemical composition of biochar produced from conocarpus wastes[J]. *Bioresource Technology*, 2013, 131: 374-379.
- [26] Sagrilo E, Jeffery S, Hoffland E, et al. Emission of CO₂ from biochar-amended soils and implications for soil organic carbon[J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2015, 7(6): 1294-1304.
- [27] 王颖, 娄运生, 石一凡, 等. 夜间增温对稻田甲烷排放的影响及其高光谱估算[J]. *生态学报*, 2018, 38(14): 5099-5108.
- [28] Wu C, Gaumont-Guay D, Black T A, et al. Soil respiration mapped by exclusively use of MODIS data for forest landscapes of Saskatchewan, Canada[J]. *Isprs Journal of Photogrammetry and Remote Sensing*, 2014, 94: 80-90.
- [29] Huang N, He J S, Niu Z. Estimating the spatial pattern of soil respiration in Tibetan alpine grasslands using Landsat TM images and MODIS data[J]. *Ecological Indicators*, 2013, 26: 117-125.

~~~~~

(上接第 7 页)

- [33] 王志杰. 延河流域植被与侵蚀产沙特征研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2014.
- [34] 赵春红. 坡面侵蚀性降雨径流水动力学特性及其对输沙的影响[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 2014.
- [35] 许炯心. 无定河流域侵蚀产沙过程对水土保持措施响应[J]. *地理学报*, 2004, 59(6): 972-981.
- [36] 张君茹. 基于尺度转换的黄土洼流域侵蚀产沙研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2018.
- [37] 王万中, 张宪奎. 中国降雨侵蚀力 R 值的计算与分布(D)[J]. *水土保持学报*, 1995, 9(4): 7-18.
- [38] Foster G R, Lombardi F, Moldenhauer W C. Evaluation of rainfall-runoff erosivity factors for individual storms[J]. *Transactions of the Asae*, 1982, 25(1): 124-129.
- [39] Bagarello V, D'Asaro F. Estimating single storm erosion index[J]. *Transactions of the Asae*, 1994, 37(3): 785-791.
- [40] 李静, 刘志红, 李锐. 黄土高原不同地貌类型区降雨侵蚀力时空特征研究[J]. *水土保持通报*, 2008, 28(3): 124-127.

~~~~~

(上接第 15 页)

- [20] 赵亚丽, 郭海斌, 薛志伟, 等. 耕作方式与秸秆还田对土壤微生物数量、酶活性及作物产量的影响[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(6): 1785-1792.
- [21] 朱永官, 沈仁芳, 贺纪正, 等. 中国土壤微生物组: 进展与展望[J]. *中国科学院院刊*, 2017, 32(6): 554-565.
- [22] 韩剑, 张静文, 徐文修, 等. 新疆连作, 轮作棉田可培养的土壤微生物区系及活性分析[J]. *棉花学报*, 2015, 23(1): 69-74.
- [23] 邹锋, 李金前, 韩丽丽, 等. 鄱阳湖湿地土壤微生物活性对年际水文变化的响应[J]. *湖泊科学*, 2019, 31(2): 551-559.
- [24] 张杰, 胡维, 刘以珍, 等. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2015, 35(4): 729-734.
- [25] 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, 2(5): 321-329.
- [26] 刘亚军, 蔡润发, 李赟璟, 等. 湿地土壤微生物碳源代谢活性对不同水分条件的动态响应: 以鄱阳湖为例[J]. *土壤*, 2018, 50(4): 8-13.
- [27] 青烨, 孙飞达, 李勇, 等. 若尔盖高寒退化湿地土壤碳氮磷比及相关性分析[J]. *草业学报*, 2015, 24(3): 38-45.
- [28] 肖烨, 黄志刚, 武海涛, 等. 三江平原典型湿地类型土壤微生物特征与土壤养分的研究[J]. *环境科学*, 2015, 36(5): 1842-1848.