

闽江河口湿地植物多样性与土壤养分和微生物因子关联分析

郭舜¹, 黄启堂²

(1.闽西职业技术学院, 福建 龙岩 364000; 2.福建农林大学 园林学院, 福州 350002)

摘要:为了探究闽江河口湿地植物多样性与土壤养分和微生物因子关联性,采用野外定期观测和室内化验相结合的方法,调查了 2015—2019 年闽江河口不同湿地(香蒲群落、苔草群落、莎草群落和芦苇群落)植物多样性特征和微生物群落等特征。结果表明:Shannon-Wiener 多样性指数和 Margalef 丰富度指数大致表现为香蒲群落>苔草群落>莎草群落>芦苇群落,其中苔草群落和莎草群落差异不显著($p>0.05$);Simpson 优势度指数和 McIntosh 均匀度指数大致表现为芦苇群落>苔草群落>莎草群落>香蒲群落,香蒲群落由于处于湿地和绿洲的交界处,因而具有更复杂的环境,其 α 多样性分布水平最高,这主要在于其复杂的环境因子结构。土壤 pH 值大致表现为莎草群落>苔草群落>芦苇群落>香蒲群落,有机碳和全氮含量大致表现为香蒲群落>苔草群落>莎草群落>芦苇群落,土壤全磷含量不同植物差异均不显著($p>0.05$)。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芦苇群落>香蒲群落>苔草群落>莎草群落,局部有所波动。碳水化合物和羧酸类碳源是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')基本表现为芦苇群落>香蒲群落>苔草群落>莎草群落,其中优势度指数(D_s)差异均不显著($p>0.05$)。相关性分析显示,土壤养分和 pH 与植被多样性密切相关,其中 pH 对植被多样性贡献为负,土壤养分对植被多样性贡献为正,是湿地不同植物群落多样性差异的重要影响因素。

关键词:闽江河口;湿地植物;多样性;微生物

中图分类号:S154.3

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2021)03-0030-08

Correlation Analysis of Plant Diversity and Soil Microecological Environmental Factors in Wetland of Minjiang Estuary

GUO Shun¹, HUANG Qitang²

(1.Minxi Vocational and Technical College, Longyan, Fujian 364000, China;

2.College of Landscape Architecture, Fujian agriculture and forestry University, fuzhou 350002, China)

Abstract: The relationship between plant diversity and soil microecological environment factors in different wetlands (cattpha community, carex community, sedge community and reed community) in the estuary of Minjiang River from 2015 to 2019 was analyzed. The results show that the Shannon-wiener diversity index and the Margalef richness index decreased in the order: cattpha community>carex community>sedge community>reed community, among which there was no significant difference between carex community and sedge community ($p>0.05$); Simpson dominance index and McIntosh evenness index decreased in the order: reed community>carex community>sedge community>cattail community; Cattail community was located at the junction of wetland and oasis, so it had a more complex environment; Cattail community had the highest lep diversity distribution level, which was mainly due to its complex environmental factor structure; soil pH decreased in the order: sedge community>carex community>reed community>cattpha community, and

收稿日期:2020-03-29

修回日期:2020-06-28

资助项目:福建省教育厅中青年教育科研项目“基于城市双修理念的城乡绿地景观综合评价指标体系构建的研究与应用项目”(JAT191540)

第一作者:郭舜(1973—),男,福建龙岩人,硕士,副教授,主要从事湿地生态学、土壤学及园林植物应用研究。E-mail:Sun_guo73@126.com

the organic carbon and total nitrogen contents decreased in the order: cattpha community > carex community > sedge community > reed community in cattlia community; there was no significant difference in soil total phosphorus content among different plant communities ($p > 0.05$); soil microbial carbon source utilization (AWCD) of different plant communities showed a general trend of gradual increase; AWCD increased rapidly within 24~72 h after culture, but slowly after 72 h, and increased sharply after 192 h; at the same time, the utilization of soil microbial carbon source decreased in the order: carex community > cattail community > carex community > sedge community, which fluctuated locally; carbohydrate and carboxylic acid carbon sources were the main carbon sources of soil microorganisms in different plant communities in wetland, followed by amino acids, phenolic acids and polymers, and amine carbon sources had the lowest utilization rate; the species richness index (H), evenness index (E), dominance index (D_s) and carbon source utilization richness index (S) of the soil microbial community decreased in the order: carex community cattail community > carex community > sedge community in reed community, among which the differences in dominance index (D_s) were not significant ($p > 0.05$). Correlation analysis showed that soil nutrients and pH were closely related to vegetation diversity, in which pH negatively contributed to vegetation diversity and soil nutrients positively contributed to vegetation diversity, which was the important factor affecting the diversity of different plant communities in wetlands.

Keywords: estuary of Minjiang River; wetland plants; diversity; microbes

生态系统是大气、陆地、河流等成为尤为关键的组成部分,与此同时,草原、森林、江河湖泊等多种生态子系统也是其不可或缺的^[1-2],综合来看,其多样性生态特点尤为突出^[3],此外其更体现出突出的复杂性,鉴于其影响的环境因子具有多种多样,其中难免产生交互效应,这种交互作用进一步增强了局地生态复杂性、多样性并存的复杂生态局地环境^[3-5]。立足于陆地生态这一研究视角,其不仅呈现出突出的重要性,更为关键的是体现着尤为突出的特殊性,究其原因在于其发挥着人类生产生活直接承载者的角色^[6],此外,更为数不胜数的动植物提供了良好的生长发育空间^[7-8],其重要性毋庸置疑。而其中多种生态子系统充斥其中^[9-10],其影响因素呈现多样性、复杂性并行的特点,尤为关键的是土壤及微生物等。物种的多样性受制于一系列影响因素的制约,鉴于其影响的环境因子具有多种多样,其中难免产生交互效应,这种交互作用进一步增强了物种分布的复杂性、多样性并存效果。为了对其进行具体的细化分析,在研究过程中不仅借助于丰度等 α 多样性,还包括 β 多样性。在研究过程中对丰富度的差异显著性进行了分析,具体借助于 Duncan 多重比较分析的研究方法^[11-12]。

在生态系统中,河流湖泊等水域扮演着不可或缺的角色,不仅在农业生产生活中发挥巨大作用,同时对于生态的影响至关重要,在促进局地生态平衡方面效果突出^[12-13],必须深度、多方面探究其地下水系统,对其补给、径流的季节变化进行深入研究,从而才能合理

利用水域资源^[14]。而介于二者之间的还有湿地之一特殊局地生态,其由于分布的特殊性导致了与众不同的生物多样性特点,且体现出更为敏感的环境适应性,同时起着地球之肾的作用,无论是调节局地气候,还是涵养水源等方面,均发挥着尤为突出的作用^[15-16],同时因其生物多样性尤为特殊。对于湿地而言,其不仅分布着芦苇等植被,更有大量的生物资源分布其中;从影响因素的角度来讲,其深受水域及人为影响,尤其是近些年来外部环境的不断变化^[4],加之人为活动的干预,导致其生物多样性发生了明显的改变。

闽江河口湿地不仅具有重要的航运、养殖等经济效益,同时在涵养水源、调节局地环境等方面作用显著,可以说其经济价值和社会价值巨大;在其进入大量蓄水后,原有的生态环境发生巨大改变,原本的生态稳定性被改变,生态多样性发生了很大变化,其生境稳定性被改变,相应地其植被分布特性也发生了明显改变。随着该区域开发力度的不断加大,原有的湿地面积不断降低,进而导致生物多样性分布降低,土壤生产力下降,原有的生态分布特点被改变,不利于维持其局地生态平衡,植被的生长发育受到了明显制约,该区域的生态环境亟需恢复。近些年来,该区域人口不断上升,加之过度的开发利用,原有生态被改变,湿地的整体面积呈现明显下降,湿地植被生长环境下降,对于生物多样性群落分布产生了重要影响^[17]。本研究基于 2015—2019 年对闽江河口不同湿地(香蒲群落、苔草群落、莎草群落和芦苇群落),研

究湿地植物多样性与土壤微生态环境因子关联分析,为维持生物多样性提供有益参考和借鉴,从而为该区域生态保护提供有益的参考和借鉴。

1 材料与方法

1.1 采样方法

本研究开始于 2015 年,并进行了连续 5 a 的观测研究,这样能够获取更为准确的原始研究数据,为后续数据分析奠定基础,所选择的湿地研究位于闽江河口,所选择的湿地植被群落共 4 种(香蒲、莎草群落,还包括苔草、芦苇);每个群落选择 5 块长、宽均 20 m 的样地,具体的采样时间为 8 月份,在每个样地通过五点混合法,将采样均匀混合后一部分备用,剩余部分去杂质后风干,后 20 目过筛,选取其中 50 g,磨细后过筛,然后聚乙烯袋保存,以备指标测定 5 a 共搜集土壤样品 300 个。为降低误差,进行 3 次重复^[12]。

1.2 样品测定

物种的多样性受制于一系列影响因素的制约,鉴于其影响的环境因子具有多种多样,其中难免产生交互效应,这种交互作用进一步增强了物种分布的复杂性、多样性并存效果。为了对其进行具体的细化分析,在研究过程中不仅借助于丰度等 α 多样性,还包括 β 多样性。在研究过程中对丰富度的差异显著性进行了分析,具体借助于 Duncan 多重比较分析的研究方法。

主要从以下方面对 α 多样性加以分析^[13]:

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

$$JP = H / \ln S$$

$$S = (N - 1) / \ln N$$

$$D = 1 - \sum (P_i)^2$$

式中: H 表示 Shannon-Wiener 多样性指数; S 表示 Margalef 丰富度指数; D 表示 Simpson 优势度指数; JP 表示 McIntosh 均匀度指数; P_i 表示重要值; N 表示物种数目

对于 β 多样性分析借助于以下计算方法^[14-15]:

$$\text{Cody 指数 } \beta_c = (G + L) / 2$$

式中: G 和 L 分别表示两个群落的物种数目。

$$\text{Sorenson 指数 } C_s = 2j / (a + b)$$

式中: a 和 b 分别表示两个群落的物种数目; j 表示共有物种数目。

1.3 土壤微生物群落功能多样性

对于微生物分布而言,其影响因素复杂多样,土壤、气候等一系列影响因素对其施加复杂多变的制约,正是这一因素导致其群落分布也呈现突出的差异性,从而造就了不同的多样性分布,即无论是均匀度还是丰度等方面其差异均较为突出。对于不同的微

生物而言,其多样性分布状况^[17]对有机质的分解速率等具有突出制约效应,形成了突出差异的碳源利用水平,为了探究其与土壤等方面的关系,常对其进行多样性分布分析^[18]。为了深入测定微生物多样性,首先需要对所用数据温育处理,并借助于 Biolog-Eco 进行,然后在 NaCl 溶液中加入土样,要求其等同于十克烘干土样,且浓度为 0.14 mol/L,振荡处理 10 min 后读数,频率为每 12 h。待稀释后再次培养,对其吸光值核算及记录^[18-19]。

通过对 Biolog-Eco 板碳源数量进行统计分析,其种类共计 31 种,为了对微生物的碳源利用状况进行多角度分析,本研究在 Biolog-Eco 板的参与下进行有效的展开分析,具体来讲主要借助于 AWCD 加以衡量。该值计算如下^[20]:

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

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

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

$$D_s = 1 - \sum P_i$$

式中:AWCD 表示颜色平均变化率; C_i 代表固定波段光密度值; R 代表对照的光密度值; P_i 为第 i 孔的相对吸光值。

本研究过程中对于光密度值的获取建立在 Biolog-Eco 板培养的基础上,要求时间持续 96 h,从而获取相应值;接下来借助于主成分法开展相应的分析,通过试验得知,其主因子共 2 个,然后结合微生物状况开展碳源利用水平。

统计分析:所有数据均为 5 a 的平均值 \pm 标准偏差,Excel 2007 和 SPSS 21.0 进行单因素方差分析。

2 结果与分析

2.1 植物 α 多样性变化

从图 1 可知,闽江河口不同湿地植被多样性指数差异均显著($p < 0.05$),Shannon-Wiener 多样性指数和 Margalef 丰富度指数大致表现为香蒲群落 > 苔草群落 > 莎草群落 > 芦苇群落,其中苔草群落和莎草群落差异不显著($p > 0.05$);Simpson 优势度指数大致表现为芦苇群落 > 苔草群落 > 莎草群落 > 香蒲群落,芦苇群落和苔草群落差异不显著($p > 0.05$),莎草群落和香蒲群落差异不显著($p > 0.05$);McIntosh 均匀度指数大致表现为莎草群落 > 苔草群落 > 芦苇群落 > 香蒲群落,莎草群落和苔草群落差异不显著($p > 0.05$),芦苇群落和香蒲群落差异不显著($p > 0.05$)。整体来看,香蒲群落由于处于湿地和绿洲的交界处,因而具有更复杂的环境,其 α 多样性分布水平最高,这主要在于其复杂的环境因子结构。

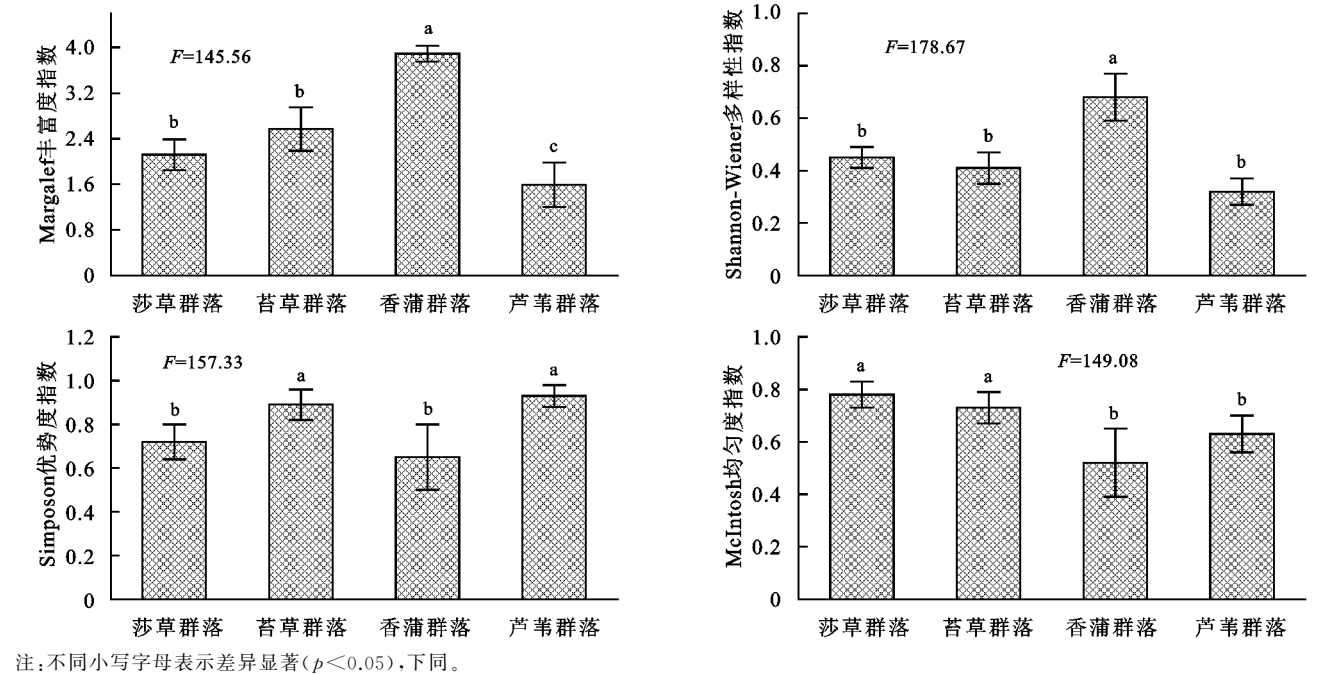


图 1 α 多样性变化

2.2 植物 β 多样性

对于物种的变动分析主要通过 Cody 指数进行衡量,这样能够对物种的替代进行测量,从而分析该区域环境对物种的影响效果,当外部环境发生较大变化的情况下,原有物种生长所处的水热、土壤等外部条件被改变,其原有生存条件发生巨大改变,从而发生不断的物种交替。不同区域生物群落分布的共有种越少,说明其

具有较高的 β 多样性,这说明该区域物种发生了明显的物种替代。该指标能够对物种的群落分布结构加以反映,从图 2 可以看出,Cody 指数大致表现为香蒲群落>芦苇群落>苔草群落>莎草群落,不同植物群落差异均显著($p < 0.05$);Sorensen 指数大致表现为苔草群落>芦苇群落>莎草群落>香蒲群落,苔草群落和芦苇群落差异不显著($p > 0.05$)。

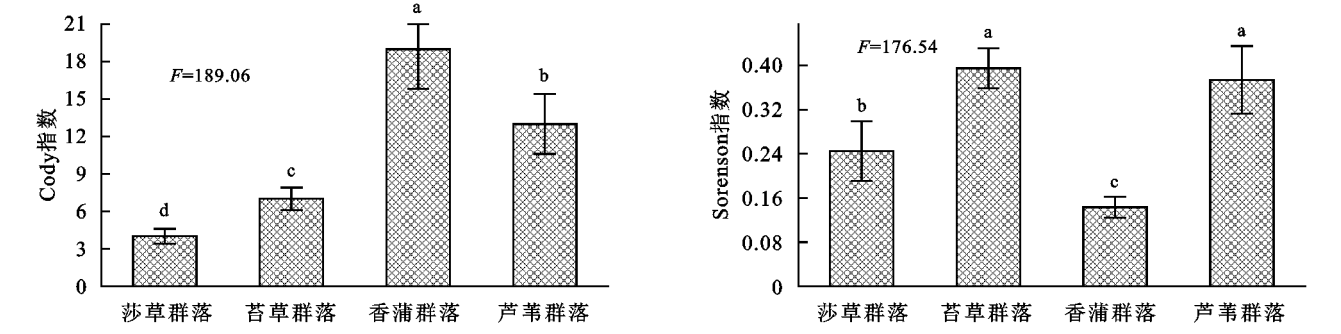


图 2 β 多样性变化

2.3 不同湿地植被土壤养分

不同植物群落土壤 pH 值大致表现为莎草群落>苔草群落>芦苇群落>香蒲群落,香蒲群落显著低于其他植物群落($p < 0.05$);有机碳含量大致表现为香蒲群落>苔草群落>莎草群落>芦苇群落,莎草群落和芦苇群落差异不显著($p > 0.05$);土壤全氮含量大致表现为香蒲群落>芦苇群落>苔草群落>莎草群落,芦苇群落和苔草群落差异不显著($p > 0.05$);土壤全磷含量不同植物差异均不显著($p > 0.05$)(图 3)。

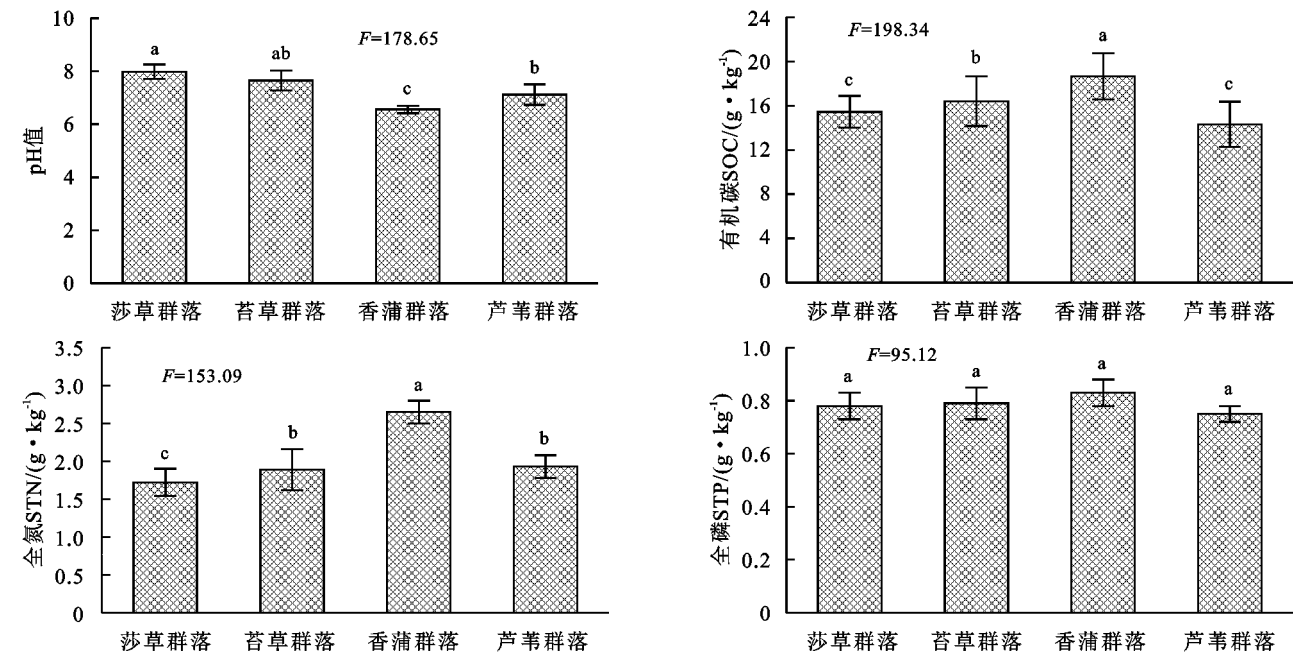
2.4 不同湿地植物群落土壤微生物群落代谢平均颜色变化率

微生物群落功能多样性能够反映土壤中微生物

的生态功能,与土壤微生物群落的生态功能更具相关性。平均颜色变化率(AWCD)是判断土壤微生物群落利用碳源能力的重要指标之一,代表土壤微生物的代谢活性。湿地不同植物群落土壤开始培养后每隔 24 h 测定 AWCD 值,得到 AWCD 随时间的动态变化图(图 4),由图可知,随着培养时间的延长,湿地不同植物群落土壤微生物碳源利用总体上呈逐渐增加的趋势,培养起始的 24 h 内 AWCD 变化不明显,互花米草湿地、碱蓬滩湿地、芦苇湿地、红树林湿地土壤微生物碳源利用在培养 24~72 h 内 AWCD 快速增长,此时微生物活性旺盛,72 h 后增长缓慢,192 h 后

急剧增长;在培养 48 h 以前,湿地不同植物群落土壤微生物碳源利用基本相一致,在 48 h 以后,相同时间

土壤微生物碳源利用大致表现为芦苇群落>香蒲群落>苔草群落>莎草群落,局部有所波动。



注:不同小写字母表示差异显著($p<0.05$),下同。

图 3 不同湿地植被土壤养分

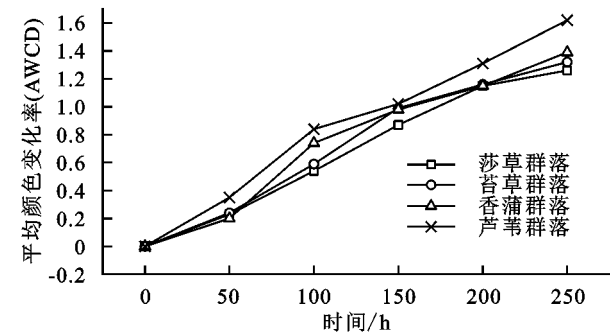


图 4 不同湿地植物群落土壤微生物群落代谢平均颜色变化率

2.5 不同湿地植物群落土壤微生物对碳源利用强度

土壤微生物多样性反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落代谢的详细信息。根据湿地不同植物群落土壤微生物碳源利用情况,综合考虑其变化趋势,选取光密度增加较快的 120 h 的 AWCD 值进行土壤微生物群落代谢多样性的分析,按化学基团的性质将 ECO 板上的 31 种碳源分成 6 类:氨基酸类、

碳水化合物类、羧酸类、聚合物、胺类、酚酸类,6 类碳源均呈现出随着培养时间的延长,微生物利用碳源的量逐渐增加的趋势。将每类碳源的 AWCD 取平均值。土壤微生物对不同种类碳源的利用强度存在较大差异。不同植物群落土壤微生物对 6 种不同碳源的利用率表现大致相同,即香蒲群落>芦苇群落>苔草群落>莎草群落,其中对酚酸类物质利用率差异不显著($p>0.05$),对氨基酸类利用率变化范围为 0.51~0.81,对碳水化合物类利用率变化范围为 0.79~1.46,对羧酸类利用率变化范围为 1.02~1.51,对聚合物类利用率变化范围为 0.65~0.99,对胺类利用率变化范围为 0.17~0.37,对酚酸类利用率变化范围为 0.61~0.71。总体而言,碳水化合物和羧酸类碳源是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(表 1)。

表 1 不同湿地植物群落土壤微生物对碳源利用强度

项目	氨基酸类	碳水化合物类	羧酸类	聚合物类	胺类	酚酸类
莎草群落	0.50±0.03c	0.76±0.02c	1.01±0.3c	0.69±0.03d	0.18±0.01c	0.62±0.02a
苔草群落	0.59±0.05c	0.89±0.05c	1.21±0.16c	0.78±0.04c	0.23±0.02c	0.67±0.03a
香蒲群落	0.86±0.05a	1.45±0.12a	1.59±0.14a	0.99±0.05a	0.39±0.02a	0.78±0.04a
芦苇群落	0.62±0.06b	1.12±0.07b	1.24±0.21b	0.82±0.06b	0.25±0.03b	0.71±0.06a
F 值	145.56	150.23	117.19	180.35	176.45	78.23
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($p<0.05$)。

2.6 不同湿地植物群落土壤微生物群落多样性

微生物群落多样性指数可用来指示土壤微生物群落利用碳源的程度,根据培养第 96 小时的 AWCD 值计算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

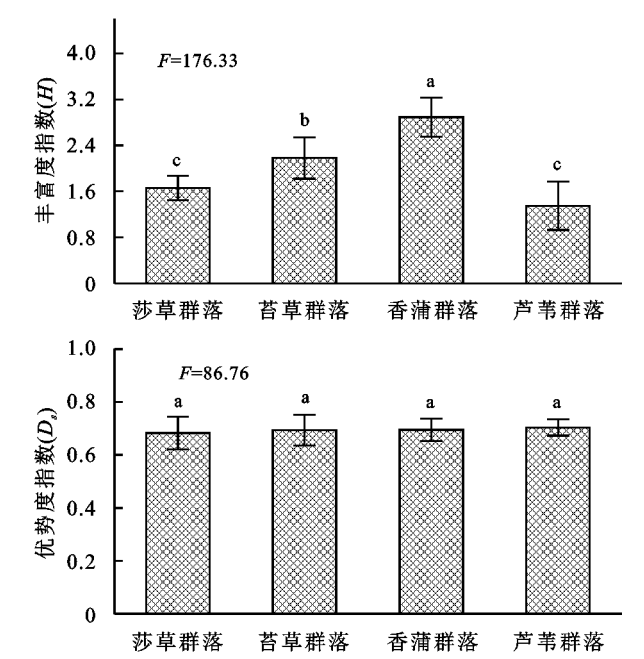


图 5 不同湿地植物群落土壤微生物群落多样性

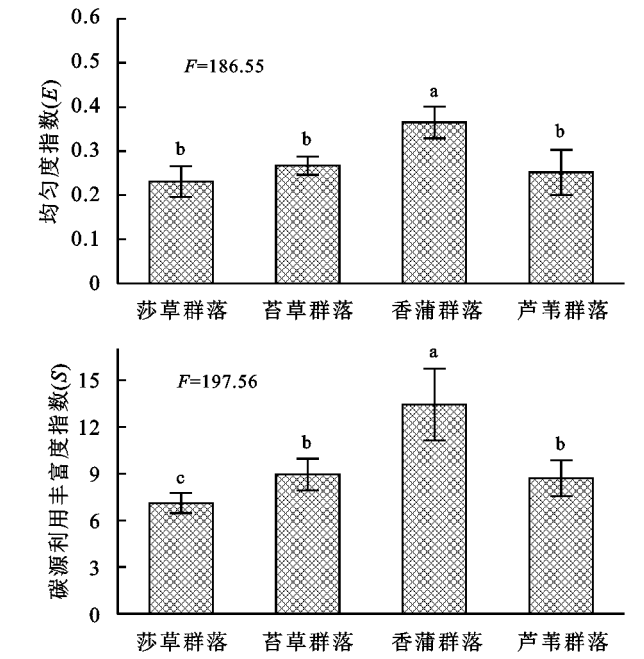
2.7 不同植物群落土壤养分、微生物多样性与植被多样性相关性

对不同植物群落土壤养分、微生物多样性与植被多样性进行相关性分析可知(表 2),不同群落 Simpson 指数与 pH 值呈极显著负相关($p < 0.01$),与有机碳和均匀度指数呈显著负相关($p < 0.05$)。McIntosh 指数与 pH 值呈显著负相关($p < 0.05$),与 SOC 和 STN 呈显著正相关($p < 0.05$)。总的来看,植被 α 多样性与 pH 值呈显著正相关($p < 0.05$),与养分和微生物多样性呈显著负相关($p < 0.05$)。

3 讨论

对于湿地生态而言,其中多种生态子系统充斥其中,其影响因素呈现多样性、复杂性并行的特点,尤为关键的是土壤及微生物等,受制于微生物分布数量和群落特点,其对碳源的利用水平也呈现较为突出的差异^[19],为了探究这一差异,通常使用丰度等多样性指数加以研究。对于湿地植被群落分布而言,其影响因素不仅呈现突出的多样性,并在此基础上凸显复杂性,其中尤为突出的是微生物以及酶,在微生物的普遍参与下^[20],大量的有机质能够得以有效降解,而在酶这一关键角色的参与作用下,形成高效的养分转

(S)。由图 5 可知,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)、均匀度指数(E)和碳源利用丰富度指数(S)表现出一致的变化规律,而优势度指数(D_s)在不同植物群落之间差异并不显著($p > 0.05$)。



化,进而促进湿地植被多样性分布^[21]。通过连续 5 a 的观测分析不难发现,立足于 α 多样性的角度来说,在 Shannon, Margalef 丰度方面,虽然植被具有明显的不同,导致其出现较为突出的差异,但是整体而言,其明显呈现较为接近的变化特点,即均在年份不断增加的情况下呈现上升态势,且最高的是香蒲,其次是苔草,而芦苇最低;对于 Simpson, McIntosh 均匀度方面,则与丰度呈现较大的不同,其具有最高指数的是芦苇,其次苔草,而香蒲最低;对于香蒲而言,由于其分布于独特的绿洲边缘,其生长环境更为独特、复杂,因此其多样性分布呈现明显的不同,具有更高水平的 α 多样性。立足于 β 多样性这一角度,在时间不断增加的情况下, Cody 指数呈现较为突出的上升态势,且最高的是香蒲,其次是苔草,而芦苇最低;对于 Sorenson 指数来讲恰好相反。综合来看,对于闽江河口湿地来讲,其植被多样性分布呈现整体的上升态势,尤其是芦苇群落,具有较稳定的生态群落分布;从 Sorenson 指数的角度来讲,该指数的下降说明物种不断增多,这主要受制于自然环境及人为因素。对于土壤有机碳及全氮而言,虽然植被群落分布出现大幅差异,但是其分异趋势相差并不明显,总有机碳含量对于全氮施加重要影响,有机碳含量直接受制于有机质分解和利用状况,这将

受到腐殖质及微生物分解的制约,对于芦苇而言,其具有较为发达的根系,能够有效利用土壤有机碳,从而形成较高水平的有机碳含量。

对于氮而言,其一方面来源与枯枝落叶等腐殖质,另一方面来自于生物固氮;对于氮输出而言,其一方面是植被的吸收利用所致,另一方面是硝化及反硝化作用下导致氮输出^[19]。对于土壤 pH 来讲,不同

的植被形成了不同的 pH 值,其值最高的是莎草,其次是苔草,而香蒲最低;对于有机碳来讲,含量最高的属于香蒲群落,其次是苔草,而含量最低的是芦苇,而全氮含量刚好与之相反。对于全磷含量而言,其基本相差不大。对于香蒲而言,土壤具有更好的含水量,长时间的水质影响之下,其土壤表层并不厚,且其有机质含量并不高,因此其在氮素利用方面并不强。

表 2 不同植物群落土壤养分、微生物多样性与植被多样性相关性

群落	项目	土壤养分				土壤微生物多样性			
		pH	SOC	STN	STP	物种丰富度 指数(H)	优势度 指数(D _s)	均匀度 指数(E)	碳源利用丰富 度指数(S)
莎草群落	Simpson	0.786 **	−0.556 *	−0.367	0.085	−0.467	−0.235	−0.589 *	−0.235
	McIntosh	−0.540 *	0.509 *	0.598 *	0.123	−0.435	0.069	0.369	0.069
	Margalef	−0.425	0.478	0.655 *	0.167	−0.115	0.355	0.255	0.147
	Shannon-Wiener	−0.612 *	0.247	0.067	−0.098	0.237	0.087	−0.345	−0.098
	Sorensen 指数	−0.356	0.315	0.314	0.025	0.568 *	0.231	0.569 *	0.231
	Cody 指数	−0.432	0.534 *	0.367	0.325	−0.632 *	0.254	0.725 **	0.254
苔草群落	Simpson	0.765 **	−0.591 *	−0.689 *	−0.016	−0.569 *	−0.156	−0.752 **	−0.156
	McIntosh	−0.536 *	0.598 *	0.356	0.169	−0.621 *	0.452	0.547 *	0.452
	Margalef	−0.409	0.034	0.558 *	−0.167	−0.335	0.322	0.098	0.332
	Shannon-Wiener	−0.654 *	0.256	0.714 **	−0.254	−0.198	−0.371	0.156	0.157
	Sorensen 指数	−0.088	0.372	0.523 *	0.158	−0.268	0.526 *	0.623 *	0.526 *
	Cody 指数	−0.189	0.628 *	0.750 **	0.504 *	−0.546 *	0.321	0.789 **	0.321
香蒲群落	Simpson	0.745 **	−0.816 **	−0.752 **	0.234	−0.691 *	0.385	−0.501 *	0.385
	McIntosh	−0.578 *	0.624 *	0.686 *	0.385	−0.536 *	0.187	0.523 *	0.187
	Margalef	−0.411	0.345	0.187	0.445	−0.256	−0.235	0.233	0.245
	Shannon-Wiener	−0.667 *	0.127	0.225	−0.098	0.515 *	0.559 *	0.467	−0.115
	Sorensen 指数	−0.312	0.753 **	0.623 *	0.410	0.725 **	0.546 *	0.569 *	0.546 *
	Cody 指数	−0.267	0.689 *	0.763 **	0.058	−0.654 *	0.352	0.617 *	0.352
芦苇群落	Simpson	0.792 **	−0.897 **	−0.853 **	0.175	−0.752 **	−0.214	−0.658 *	−0.214
	McIntosh	−0.508 *	0.682 *	0.712 **	0.360	−0.689 *	0.257	0.325	0.257
	Margalef	−0.324	0.342	0.567 *	−0.215	−0.509 *	0.087	0.553 *	0.223
	Shannon-Wiener	−0.678 *	−0.098	0.056	−0.309	0.413	0.156	0.332	0.109
	Sorensen 指数	−0.167	0.722 **	0.634 *	0.257	−0.755 **	0.632 *	0.698 *	0.632 *
	Cody 指数	−0.113	0.815 **	0.803 **	0.373	−0.723 **	0.214	0.756 **	0.214

注: ** 相关性在 0.01 水平上显著(双尾); * 相关性在 0.05 水平上显著(双尾)。

对于湿地植被群落分布而言,其影响因素不仅呈现突出的多样性,并在此基础上凸显复杂性,其中尤为突出的是微生物以及酶,在微生物的普遍参与下,大量的有机质能够得以有效降解,而在酶这一关键角色的参与作用下,形成高效的养分转化,进而促进湿地植被多样性分布。为了对微生物的碳源利用状况进行多角度分析,本研究在 Biolog-Eco 板的参与下进行有效的展开分析,具体来讲主要借助于 AWCD 加以衡量,该值越高说明其具有更高水平的碳源利用能力。通过连续 5 a 的湿地观测分析得知,受不同植被分布影响,其微生物分布

及活性也并不相同,无论是丰度 *H*、均匀度 *E*,还是碳源利用丰度 *S* 来说,虽然植被具有明显的不同,导致其出现较为突出的差异,但是整体而言,其明显呈现较为接近的变化特点,即指数最高的是芦苇^[21],其次是香蒲,而莎草最低;而对于优势度指数 *D_s* 来讲,不同植被间的差异并未达到显著水平^[22]。

为了探究闽江河口湿地微生物与植被之间的复杂关系,本研究开展了相关分析,从多样性的角度来看,二者具有紧密关系,这说明微生物新陈代谢等活动能够显著地制约着植被分布多样性,反过来植被状

况也能够对微生物状况产生制约,二者相辅相成。为了探究不同影响因素的交互作用,本研究开展了冗余分析,对于河口水质而言,其不仅受到植被及微生物的单个因素制约,同时受制于二者的交互作用影响,且交互作用产生的影响更强。综合来讲,多种环境因子及微生物等制约着闽江河口湿地植被分布,土壤环境的保持离不开微生物,二者是相辅相成的,为了有效保护闽江河口湿地,一方面需要注重植被保护,另一方面需要充分利用微生物和土壤质量的协调。

4 结论

(1) Shannon-Wiener 多样性指数和 Margalef 丰富度指数大致表现为香蒲群落>苔草群落>莎草群落>芦苇群落,香蒲群落由于处于湿地和绿洲的交界处,因而具有更复杂的环境,其 α 多样性分布水平最高,这主要在于其复杂的环境因子结构。

(2) 土壤 pH 基本表现为:土壤 pH 值大致表现为莎草群落>苔草群落>芦苇群落>香蒲群落,有机碳和全氮含量大致表现为香蒲群落>苔草群落>莎草群落>芦苇群落,土壤全磷含量不同植物差异均不显著($p>0.05$)。

(3) 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;碳水化合物和羧酸类碳源是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。

(4) 土壤微生物群落多样性基本表现为芦苇群落>香蒲群落>苔草群落>莎草群落,相关性分析显示,土壤养分和 pH 与植被多样性密切相关,其中 pH 对植被多样性贡献为负,土壤养分对植被多样性贡献为正,是湿地不同植物群落多样性差异的重要影响因素。

参考文献:

[1] 徐惠风,刘兴土,白军红.长白山沟谷湿地乌拉苔草沼泽湿地土壤微生物动态及环境效应研究[J].水土保持学报,2004,18(3):115-117,122.

[2] 刘芳,叶思源,汤岳琴,等.黄河三角洲湿地土壤微生物群落结构分析[J].应用与环境生物学报,2007,13(5):691-696.

[3] 牛世全,李君锋,杨婷婷,等.甘南玛曲沼泽湿地土壤微生物量、理化因子与土壤酶活的关系[J].冰川冻土,2010,32(5):1022-1029.

[4] 唐玉姝,王磊,贾建伟,等.促淤等人为扰动对长江口滩涂湿地土壤微生物呼吸的影响[J].生态学报,2010,6(18):204-214.

[5] 贾建伟,王磊,唐玉姝,等.九段沙不同演替阶段湿地土

壤微生物呼吸的差异性及其影响因素[J].生态学报,2010,5(17):4529-4538.

[6] 裴希超.三江平原沼泽湿地土壤微生物多样性研究[D].哈尔滨:东北林业大学,2009.

[7] 陈会海.三江湿地土壤微生物群落结构的多样性分析[D].哈尔滨:东北农业大学,2013.

[8] 宋艳宇,宋长春,黄靖宇,等.硝基苯、苯胺对湿地土壤微生物和脲酶活性的影响[J].环境科学研究,2009,22(5):612-616.

[9] 高艳娜,戚志伟,仲启铨,等.长期模拟升温对崇明东滩湿地土壤微生物生物量的影响[J].生态学报,2018,38(2):711-720.

[10] 张广帅,于秀波,张全军,等.鄱阳湖湿地土壤微生物群落结构沿地下水位梯度分异特征[J].生态学报,2018,38(011):3825-3837.

[11] 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):249-257.

[12] 陈泓硕,马大龙,姜雪薇,等.季节性冻融对扎龙湿地土壤微生物群落结构和胞外酶活性的影响[J].环境科学学报,2020,40(4):1443-1451.

[13] 王洋,刘景双,窦晶鑫,等.三江平原典型小叶章湿地土壤微生物量碳的动态变化特征[J].浙江大学学报:农业与生命科学版,2009,35(6):105-112.

[14] 孙海慧,吴昊,权跃,等.长白山不同海拔湿地微生物的群落结构及多样性分析[J].水土保持学报,2015,3(12):25-29.

[15] 赵先丽,周广胜,周莉,等.盘锦芦苇湿地土壤微生物数量研究[J].土壤通报,2008,8(6):146-149.

[16] 徐惠风,刘兴土.长白山区沟谷沼泽乌拉苔草(*Carex meyeriana*)湿地土壤酶活性与氮素、土壤微生物相关性研究[J].农业环境科学学报,2009,28(5):88-92.

[17] 曾繁富,赵同谦,徐华山,等.滨河湿地土壤微生物数量及多样性研究[J].环境科学与技术,2009,32(10):13-18.

[18] 周方,白洁,李艳艳.辽河口芦苇湿地土壤微生物数量及酶活性与石油污染的关系[J].海洋湖沼通报,2012,15(1):159-166.

[19] 郭冬楠,臧淑英,赵光影.冻融交替对不同年代排水造林湿地土壤微生物活性及有机碳密度的影响[J].冰川冻土,2017,39(1):175-184.

[20] 王萌,许新,陈章和.人工湿地土壤微生物生物量碳与污水净化效果的关系[J].应用与环境生物学报,2013,19(1):115-120.

[21] 周小梅,赵运林,董萌,等.镉胁迫对洞庭湖湿地土壤微生物数量与活性的影响[J].土壤通报,2016,47(5):1148-1153.

[22] 李辉.辽河口湿地土壤微生物群落结构的影响因素及厌氧下反硝化率的研究[D].山东青岛:中国海洋大学,2012.