

# 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

贾建伟, 王磊\*, 唐玉姝, 李艳丽, 张文俊, 王红丽, 付小花, 乐毅全

(同济大学环境科学与工程学院, 污染控制与资源化国家重点实验室, 上海市 200092)

**摘要:**通过分析九段沙不同演替阶段湿地土壤微生物呼吸及其土壤微环境因子, 研究了不同类型湿地土壤微生物呼吸的差异性及其影响因素。结果表明, 处于不同植被演替阶段的湿地土壤微生物呼吸具有显著差异 ( $P < 0.05$ ), 海三棱藨草区高于芦苇区, 互花米草区最高 ( $0.367 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$ ), 互花米草的引种及蔓延增强了入侵区域土壤微生物呼吸。综合考虑不同植被类型湿地土壤微生物呼吸及植被生物量, 芦苇区呼吸微弱、植被生物量最高, 在理论上具有更高的有机碳碳汇聚能力。通径分析结果显示, 影响土壤微生物呼吸强度的主要生物因素有: 原核微生物多样性 (Shannon 指数) 和土壤微生物生物量; 土壤有机质、硝态氮及土壤含水量对上述微生物活性指标有显著影响, 因此也属于土壤微生物呼吸的主要影响因素。

**关键词:** 通径分析; 土壤微生物呼吸; 植被类型; 九段沙湿地

## Variability in and factors influencing soil microbial respiration in the Jiuduansha Wetland under different successional stages

JIA Jianwei, WANG Lei\*, TANG Yushu, LI Yanli, ZHANG Wenquan, WANG Hongli, FU Xiaohua, LE Yiquan

State Key Laboratory of Pollution Control and Resources Reuse, College of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China

**Abstract:** To clarify variability in soil microbial respiration (SMR) and its influencing factors, characteristics of SMR and soil physical and biochemical factors under different successional stages were studied at the Jiuduansha Wetland, located at the Yangtze Estuary. Results indicate that SMR varies significantly among different successional stages of vegetation ( $P < 0.05$ ). SMR in the *Phragmites australis* district is lower than that in the *Scirpus mariqueter* district, and SMR of *Spartina alterniflora* district ( $0.367 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24 \text{ h})^{-1}$ ) is the highest among the five vegetation types. This implies that *S. alterniflora* can greatly enhance SMR. Considering both SMR and input of organic matter from decayed plant biomass of different vegetation types, wetlands composed of a *P. australis* community, in theory, have higher capability to accumulate carbon. Results from Path analysis show that the main biological factors influencing SMR include prokaryon microbial diversity (Shannon index) and soil microbial biomass (SMB). In addition, soil organic matter (SOM), nitrate nitrogen and soil water content significantly affect the above-mentioned biological factors, thereby also influence SMR.

**Key Words:** path analysis; soil microbial respiration (SMR); vegetation type; Jiuduansha Wetland

湿地是陆地生态系统的重要碳库, 约占全球陆地生态系统碳库的 10%, 在化学元素循环, 特别是在  $\text{CO}_2$  和  $\text{CH}_4$  等温室气体的固定和释放中起着重要的“开关”作用<sup>[1]</sup>。土壤呼吸作用是湿地生态系统碳素回到大气的主要途径, 其微小变动都会引起大气  $\text{CO}_2$  浓度的较大变化<sup>[2]</sup>。因此, 土壤呼吸是陆地生态系统碳收支的重要环节, 研究土壤呼吸及其空间波动特征, 阐明其调控机制和影响因素是目前生态学研究的重点内容

**基金项目:** 国家科技部科技支撑重大资助项目 (2006BAC01A14); 上海市科委重点科技攻关资助项目 (072312032)

**收稿日期:** 2009-05-11; **修订日期:** 2009-06-28

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: celwang@yahoo.com

之一<sup>[3]</sup>。

土壤呼吸主要由气候条件决定,但同一气候区域土壤呼吸常因植被状况的不同而存在差异<sup>[4]</sup>。植被类型的分异一定程度上反映了凋落物输入土壤的数量及其分解的难易程度,能有效改变土壤养分状况,从而影响湿地土壤微生物代谢。有研究指出,土壤微环境(湿度、有机质、氮含量等)的改变也会对土壤呼吸造成影响<sup>[5]</sup>。因此植被类型和土壤微环境的相互作用使得土壤呼吸的空间变异模式在宏观上因植被类型不同而存在差异。目前,对湿地土壤呼吸的评价主要通过测定土壤表面 CO<sub>2</sub> 通量,该方法易受到现场因素扰动,且难以完全反映天然湿地土壤的呼吸潜能<sup>[6]</sup>。近年来湿地土壤评价的生物学指标越来越受到重视<sup>[7-8]</sup>,其中土壤微生物呼吸作为土壤微环境变化最敏感的指标之一,可以有效指示并反映湿地土壤碳库的最大净输出量。

九段沙是长江口最富变化的原生态盐沼湿地生态系统,对沿海经济带发挥着重要的生态服务功能<sup>[9]</sup>。现阶段对九段沙的研究主要集中在地上部分,多以湿地植被群落结构及其空间分布为主<sup>[10]</sup>,而对其地下部分,尤其是湿地土壤呼吸及碳代谢方面的研究还较少。为了阐明九段沙湿地演替过程中土壤微生物呼吸的变化特征,本研究选取有代表性的处于不同植被演替阶段的湿地为研究对象,阐述其土壤微生物呼吸的分异特征及其微生物影响效应,并分析不同植被类型湿地土壤微生物呼吸与土壤理化因子的相关性。研究结果将为优化九段沙湿地的管理以提升湿地生态调节功能,应对过量碳排放导致的气候变暖问题提供理论指导和决策依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 研究区概况

九段沙位于北纬 31°06′ 20″—31°14′ 00″,东经 121°53′ 06″—122°04′ 33″,北临长江口北槽深水航道,东西长约 46.3 km,南北宽约 25.9 km,总面积约 420 km<sup>2</sup>,属典型盐沼生态系统。亚热带大陆性季风气候,年均气温 15.7℃;年均降水量约 1143 mm,夏季降水量最大,占全年的 42.0%。土壤发育时间仅 50a 左右,成土过程原始,主要发育土壤类型为滨海盐土类和潮土类。九段沙分上沙、中沙和下沙 3 个主要沙洲,下沙植被沿高程增加依次为盐渍藻类带(光滩)、海三棱藨草带(*Scirpusma riqueret*)、互花米草带(*Spartina alterniflora*),互花米草/芦苇混合带、芦苇带(*Phragmites australis*),植被分布符合一定的“高程植物群落”模式<sup>[11]</sup>。

### 1.2 采样点设置与样品采集

九段沙湿地土壤样品采集站位如图 1 所示,样区基本参数见表 1。在下沙沿潮沟选取有代表性的不同植被类型湿地采集土样。每一类型湿地选取 3 块样地,样地中心间距 50m;每块样地按对角线法采取 5 个重复样(表层土壤 5—20cm),混合后采用四分法分取一个土样。新鲜土样用于土壤微生物呼吸及微生物多样性分析,其余样品风干、研磨、过筛,4℃ 保存,待测土壤酶活性、有机质等指标。2008 年 7 月和 2008 年 10 月采样 2 次,测定求其平均值。

### 1.3 分析方法

土壤微生物呼吸在原有室内培养法<sup>[12]</sup>的基础上,采用气相色谱替代 NaOH 溶液检测 CO<sub>2</sub>。

土壤原核微生物多样性分析:采用 16S rDNA 的 PCR-DGGE 分析土壤原核微生物群落结构(电泳仪 D-Code system(Bio-Rad,美国伯乐公司)。微生物多样性通过香农-威纳指数(Shannon-Weiner Index)计算<sup>[13]</sup>。其中总 DNA 的 PCR 扩增先用 8f(5′-AGAGTTT G ATCCTGGCTCAG-3′),1492r(5′-GGTTACCTTGTTCGACTT-3′)作为引物,再以 PCR 产物为模板,用 341f(5′-CGCCCGCC GCGCG CGGCGGGCG GGGCGGGGCA CG GG GGGCCTAGGGGAGG CAGCAG-3′)和 534r(5′-ATTACCGCGGCTGCTGG-3′)作为引物。

土壤微生物数量、微生物生物量、脱氢酶及蔗糖转化酶测定方法参见文献<sup>[12]</sup>。

土壤有机质采用总有机碳分析仪(日本岛津 TOC-VCPN)测定;

其它土壤理化指标(盐分、土壤含水量、铵态氮、硝态氮及速效磷)用常规方法测定<sup>[14]</sup>。

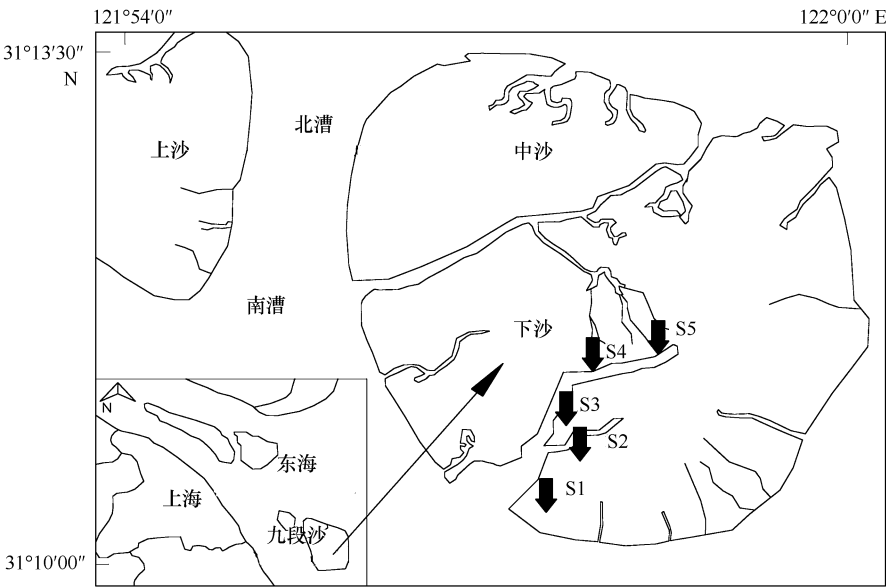


图 1 九段沙样区分布图  
Fig. 1 Location map of sampling stations in Jiuduansha wetland

表 1 采样区的基本状况

Table 1 The status of the sampling stations

| 样区<br>Sample station | 植被类型<br>Type vegetation                | 位置<br>Location                                    | 高程/m<br>Height | pH   | 日渍水时间/h<br>Daily mean time<br>of waterlogging |
|----------------------|----------------------------------------|---------------------------------------------------|----------------|------|-----------------------------------------------|
| S1                   | 盐渍藻类群落 (光滩)                            | 31°10'219"—31°10'236",<br>121°57'610"—121°57'627" | 0.9—1.1        | 8.75 | 15.1                                          |
| S2                   | 海三棱藨草群落<br><i>Scirpus mariqueter</i>   | 31°10'240"—31°10'259",<br>121°57'779"—121°57'784" | 1.3—1.6        | 8.51 | 14.0                                          |
| S3                   | 互花米草群落<br><i>Spartina alterniflora</i> | 31°10'562"—31°10'567",<br>121°57'825"—121°57'853" | 1.7—2.0        | 8.42 | 11.2                                          |
| S4                   | 互花米草/芦苇<br>混合群落                        | 31°11'132"—31°11'183",<br>121°58'253"—121°58'312" | 2.1—2.4        | 8.76 | 7.6                                           |
| S5                   | 芦苇群落<br><i>Phragmites australis</i>    | 31°11'187"—31°11'193",<br>121°58'431"—121°58'467" | 2.4—2.6        | 8.51 | 5.4                                           |

高程数据由华东师范大学河口所提供,渍水时间依据潮位表数据计算

1.4 统计方法

采用 SPSS 13.0 统计软件对所测数据进行单因素方差分析 (ANOVA), LSD 多重比较 ( $P = 0.05$  或  $0.01$ ) 分析不同植被类型湿地间指标的显著差异。

采用通径分析求得因素间的直接和间接作用,具体理论见《试验设计与分析》<sup>[15]</sup>

3 结果与讨论

3.1 不同演替阶段土壤微生物呼吸的分异特征

九段沙不同演替阶段湿地土壤微生物呼吸的分布如图 2。与崇明东滩围垦农田相比,九段沙湿地土壤微生物呼吸强度 (SMR) 整体较弱,其中中/高潮滩 > 低潮滩,互花米草区最高 ( $0.367 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$ ),盐渍藻类区最低 ( $0.127 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$ ),海三棱藨草区 > 芦苇区。由此可知,九段沙不同植被类型湿地土壤微生物呼吸 (SMR) 具有显著差异 ( $P < 0.05$ )。李红生等<sup>[16]</sup>研究了黄土高原 4 种人工植物群落土壤呼吸,发现同一气候区不同植物群落土壤呼吸分布有明显差异,与本研究结果相似。另外,互花米草自 1997 年引种后在九段沙迅速蔓延,其增长速率远高于土著种海三棱藨草,入侵区域土壤有机质含量增加,增强了该区域 SMR。

程晓莉等<sup>[17]</sup>对比入侵长江口九段沙湿地 7a 的互花米草群落土壤碳库和已有 30a 的海三棱藨草群落土壤碳库,结果表明互花米草群落土壤比海三棱藨草土壤有机碳含量更高。又有研究指出,在温度和土壤水分相对稳定的情况下,土壤表面 CO<sub>2</sub>年通量与一定深度土层有机碳含量有显著正相关关系<sup>[18]</sup>。因此,可以推断互花米草可能通过增加土壤有机质含量而增大互花米草区 SMR。

图 2 显示,湿地植被生物量沿高程上升而增大,芦苇区最高,可以看出中/高潮滩植被生物量的增加高于其 SMR 的增大速率。综合考虑植物生物量和土壤微生物呼吸,中/高潮滩显现了更强的有机碳汇聚能力,芦苇区尤为明显。淹水状况能有效抑制土壤微生物代谢活性,从而降低 SMR,而处于高潮滩的芦苇湿地渍水时间远低于中/低潮滩的渍水时间,但其 SMR 相对微弱,因此芦苇是比海三棱藨草、互花米草更具汇碳潜力的湿地植物。

3.2 不同演替阶段土壤微生物活性的分异规律

土壤微生物呼吸主要是在土壤微生物产生的与碳代谢相关的酶的作用下氧化分解有机质的结果,是土壤碳库的最大净输出途径,在一定程度上体现了湿地土壤对碳库保留能力的强弱,同时又具有与环境的统一性,受到土壤环境中生物、化学和物理因素的影响<sup>[19]</sup>。因此微生物活性的差异直接影响土壤的微生物呼吸强度。

3.2.1 土壤原核微生物多样性

图 3 和表 2 分别表示 S1—S5 区土壤原核微生物 16S rDNA 的 PCR-DGGE 图谱及微生物多样性指数。图 3 中 PCR-DGGE 图谱中处于不同位置的每条 DNA 带及其相对亮度代表原核微生物群落中某一特定微生物种及其在群落中的相对丰度,定性说明了土壤微生物群落结构特征。可以发现,不同植被类型湿地土壤原核微生物群落结构存在差异。由表 2 可知,S1—S5 区 Shannon 指数总体呈增大趋势,S4 区最大,这与 SMR 的分布特征相似。

有研究指出,影响土壤微生物群落结构组成和多样性的自然因素包括植被、土壤类型、温度、水分以及 pH 等<sup>[20]</sup>。其中植被的存在有利于增大土壤微生物多样性和微生物生物量。本研究结果符合这一论点,S1 区,盐渍藻类带,即光滩,几乎没有高等植物出现,只存在一定数量的硅藻,其土壤原核微生物 DGGE 图谱条带及 Shannon 指数显著低于其它植被类型湿地。应用 16S rDNA 分析、PCR-DGGE 等手段开展的研究都证明不同植被类型湿地土壤微生物群落组成和多样性均有明显不同<sup>[21-22]</sup>,这也可以解释 S2—S5 区土壤原核微生物群落结构和多样性呈现的差异。对于 S4 区具有最大的原核微生物多样性指数,则可能由于该区域是互花米草和芦苇的混合区,植被的根系、凋落物组成和数量发生了明显变化,改变了土壤的营养物质输入、水分状况及土壤结构等物理特性,从而直接或间接影响土壤原核微生物群落结构组成和多样性。为了能进一步明确九段沙土壤微生物群落组成,后续应对 DGGE 结果进行测序、鉴定及主成分分析等相关研究。

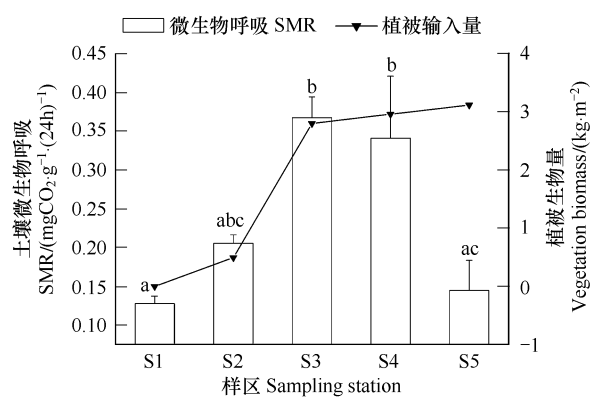


图 2 九段沙土壤微生物呼吸及植被生物量的分布特征  
Fig. 2 The characteristics of SMR and vegetation biomass in Jiuduansha wetland  
柱状图上方有相同字母标识说明各样区间无显著差异 (LSD 法, P>0.05)

表 2 不同类型湿地土壤微生物 PCR-DGGE 图谱分析  
Table 2 Analysis on PCR-DGGE pattern of soil microbe under different vegetation type

| 样区<br>Sample station | PCR-DGGE 条带<br>Strip of PCR-DGGE | Shannon 指数<br>Shannon Index |
|----------------------|----------------------------------|-----------------------------|
| S1                   | 41                               | 3.09                        |
| S2                   | 53                               | 4.42                        |
| S3                   | 50                               | 5.39                        |
| S4                   | 57                               | 6.03                        |
| S5                   | 49                               | 5.29                        |

### 3.2.2 土壤微生物及酶代谢活性

不同植被类型湿地土壤微生物及酶代谢活性如图 4 所示。图 4A 中土壤可培养微生物总数与好氧微生物数量的分布特征相似, S1—S5 区两者总体呈增大趋势, 有显著差异 ( $P < 0.05$ ), 都在 S4 区达到最大(分别为  $4.66 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$  和  $4.21 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$ )。对于土壤厌氧微生物, 其数量远低于好氧微生物数量, 各区分布无明显变化 ( $P > 0.05$ )。

采用底物诱导呼吸强度表征土壤微生物生物量 (SMB) 如图 4B。由图可知, S1 区 SMB 最小 ( $0.079 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (2\text{h})^{-1}$ ), S3 区最大, 约是 S1 区的 2 倍。S2 和 S5 区 SMB 无显著差异, 约为  $0.117 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (2\text{h})^{-1}$ 。不同植被类型湿地土壤酶代谢活性如图 4C 和 4D 所示。可以看出, 土壤脱氢酶与蔗糖酶的分布相似, S1—S5 区两者总体呈现增大趋势, S1 区土壤酶活性最低, 分别为  $0.534 \mu\text{g TPF} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$  和  $0.564 \text{ mg} \cdot \text{glucose} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$ ; S4 区酶活性达到最大, 分别为  $2.664 \mu\text{g TPF} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$  和  $3.316 \text{ mg} \cdot \text{glucose} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24\text{h})^{-1}$ ; S5 区土壤酶代谢活性有所减弱, 但明显高于 S1 和 S2 区的酶代谢活性。

SMB、脱氢酶及蔗糖酶的分布相似:  $S4 > S5 > S3 > S2 > S1$ , 样区差异性显著 ( $P < 0.05$ )。土壤微生物量及酶代谢活性是土壤中最易受影响的因子, 不同植被类型湿地土壤微环境的改变, 如土壤有机质、氮磷等都会使其在空间上呈现差异<sup>[23]</sup>。5 种不同植被类型湿地冲淤形成的时间顺序为  $S5 > S4 > S3 > S2 > S1$ , 这也是距离海岸线由近及远的变化。其中土壤生物指标 (SMB、脱氢酶及蔗糖酶)  $S4 > S5$ , 与形成湿地的时间顺序  $S5 > S4$  相反, 这可能与引种互花米草相关。周军等<sup>[24]</sup>通过研究互花米草入侵对盐沼土壤微生物生物量 and 功能群的影响, 发现互花米草的生长使得当地潮间带的 SMB 增加, 并随着植被的生长状况的变化而发生变化。总体上, 外来种互花米草在滨海潮间带的大面积生长, 改善了土壤理化性质, 为该区域土壤微生物提供了不同的碳源, 改变了土壤微生态结构, 增强了土壤微生物活性。

### 3.2.3 土壤生物因子对 SMR 的通径分析

SMR 与土壤状况的关系历来为各国学者所关注, 所用的方法多见于简单相关、多元回归分析。但是简单相关不能全面考察变量间的相互关系, 使结果带有一定的片面性; 多元回归分析虽然在一定程度上能够消除变量之间的混淆, 能够真实地表现出各个自变量和因变量的关系, 但由于偏回归系数带有单位, 使原因对结果的效应不能直接进行比较。通径分析由于具有比相关和回归更为精确、对多变数资料的统计分析更符合实际的优点, 而被广泛应用。

土壤生物因子对 SMR 的通径分析见表 3。土壤微生物数量与 SMR 的相关性太小, 没能通过逐步回归。可以看出, SMB 对 SMR 的直接通径系数最大, 表现为强烈的直接效应, 是影响 SMR 的主要因素。脱氢酶对 SMR 的直接通径最小, 尽管其通过其它因素对 SMR 的间接通径系数较大, 但相互抵消, 表观上其对 SMR 的作用较小, 因而不是影响 SMR 的主要因素。同理, 蔗糖酶不属于影响 SMR 的主要因素, 而 Shannon 指数通过其它因素对 SMR 的间接通径系数最大, 综合结果显示, 其与 SMR 的相关性较强。表 3 所示的土壤生物因子对

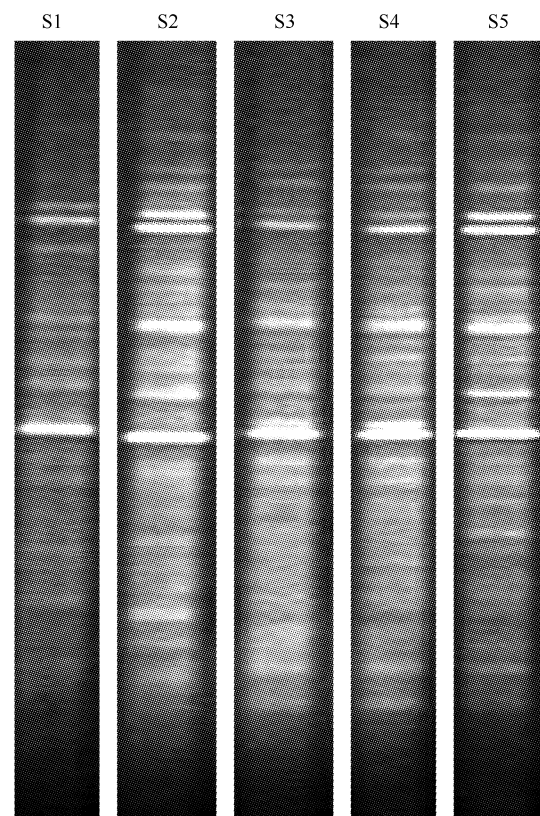


图 3 不同类型湿地土壤微生物 PCR-DGGE 图谱

Fig. 3 The PCR-DGGE pattern of soil microbe under different vegetation type

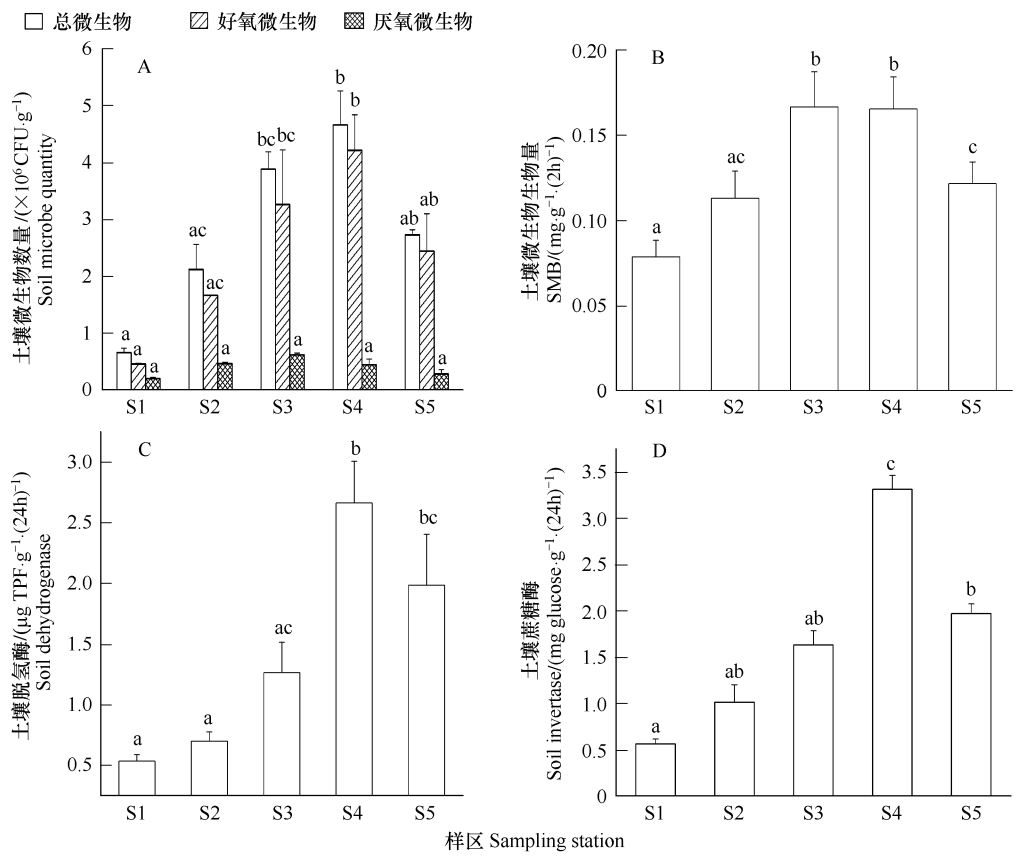


图4 九段沙土壤微生物及酶代谢活性的分布特征

Fig. 4 The characteristics of soil microbe and enzyme activities in Jiuduansha wetland

柱状图上方有相同字母标识说明各样区间无显著差异(LSD法,  $P > 0.05$ )

SMR 的决策系数进一步验证了分析结果, SMB 的决策系数最大, 是 SMR 的主要决定因素; Shannon 指数的决策系数为负的最大, 是 SMR 的主要限制因素。土壤微生物生物量及原核微生物群落多样性与土壤微生物活性密切相关, 微生物活性的变化使微生物代谢作用也产生变化, 将影响土壤有机质的碳贮量, 影响  $\text{CH}_4$ 、 $\text{CO}_2$ 、 $\text{N}_2\text{O}$  的排放, 从而对全球大气温室气体含量产生影响。

表3 九段沙土壤微生物呼吸的通路分析

Table 3 The path analysis of soil microbial respiration in Jiuduansha wetland

| 土壤生物因子<br>Soil biological factors | 直接途径系数<br>Direct path coefficient | 间接途径分析<br>Indirect path coefficient | 总影响系数<br>Total influencing coefficient | 决策系数/%<br>Determining coefficient |
|-----------------------------------|-----------------------------------|-------------------------------------|----------------------------------------|-----------------------------------|
| 微生物生物量 SMB                        | 1.437                             | 0.510                               | 0.927                                  | 60.03                             |
| 脱氢酶 Dehydrogenase                 | -0.851                            | 1.295                               | 0.444                                  | -147.92                           |
| 蔗糖酶 Invertase                     | 0.988                             | -0.39                               | 0.598                                  | 20.49                             |
| Shannon 指数 Shannon Index          | -0.755                            | 1.477                               | 0.722                                  | -166.11                           |

### 3.3 土壤微生物呼吸的理化影响因素

#### 3.3.1 土壤理化因子的分布特征

不同植被类型湿地土壤理化性质见表4。土壤有机质、盐分、土壤含水量和速效磷的分布规律相似, 都呈抛物线形变化: S1 区最低(速效磷例外,  $\text{S1} > \text{S5}$ ); 土壤有机质和含水量在 S4 区最大(分别是  $16.11 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$  和  $52.19\%$ ); 盐分与速效磷在 S3 区最大(分别是  $2.76 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$  和  $2.09 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )。不同植被类型湿地土壤硝态氮

与铵态氮的变化相反,土壤硝态氮沿海岸线由远及近逐渐增大,S1 区最低( $0.25 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ),S5 区最大,约是 S1 区的 3 倍多。One-Way ANOVA 方差分析显示,不同植被类型湿地土壤有机质和硝态氮的分布有明显差异( $P < 0.05$ ),土壤含水量有极显著差异,而土壤盐分、铵态氮及速效磷的分布无明显差异( $P > 0.05$ )。

有研究指出,土壤有机质含量易受到不同植被类型凋落物的组成和数量的影响,铵态氮、硝态氮及速效磷等养分能有效促进湿地植物的生长,反之也受湿地植物的影响<sup>[23]</sup>。王爱军等<sup>[25]</sup>研究了泉州湾海岸湿地沉积物 C、N 的空间变化,发现互花米草对 C、N 具有很强的富集能力,因而植被类型可能是造成九段沙不同演替阶段湿地土壤理化性质差异的一个原因;另一方面也与湿地发育过程中的冲淤过程相关。九段沙所在区域的动力特征主要是以长江径流和潮汐流作用为主,径流和潮流携带泥沙的粒径分布、物质组成及沉积速率等都会对潮滩的沉积产生影响,从而也可导致湿地不同发育阶段土壤物理、化学性质的差异<sup>[26]</sup>。

表 4 九段沙湿地土壤物理化学性质特征

Table 4 Physico-chemical properties of soil in Jiuduansha wetland at the Yangtze estuary

| 样区<br>Sample<br>station | 土壤理化因子 Physico-chemical properties of soil         |                                                        |                            |                                                           |                                                            |                                                             |
|-------------------------|----------------------------------------------------|--------------------------------------------------------|----------------------------|-----------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------|
|                         | 有机质<br>SOM<br>/( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) | 盐分<br>salinity<br>/( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) | 含水量<br>Water content<br>/% | 铵态氮<br>Ammonia N<br>/( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) | 硝态氮<br>Ammonium N<br>/( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) | 速效磷<br>Available p<br>/( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) |
| S1                      | $8.63 \pm 2.85\text{a}$                            | $1.91 \pm 0.75\text{a}$                                | $39.10 \pm 4.79\text{ac}$  | $7.46 \pm 4.18\text{b}$                                   | $0.25 \pm 0.16\text{a}$                                    | $1.74 \pm 0.27\text{a}$                                     |
| S2                      | $10.31 \pm 3.74\text{a}$                           | $2.68 \pm 1.82\text{a}$                                | $40.17 \pm 2.62\text{a}$   | $5.09 \pm 2.38\text{b}$                                   | $0.49 \pm 0.27\text{ab}$                                   | $1.90 \pm 0.29\text{a}$                                     |
| S3                      | $11.86 \pm 3.4\text{ab}$                           | $2.76 \pm 1.26\text{a}$                                | $49.38 \pm 2.88\text{b}$   | $6.56 \pm 4.20\text{b}$                                   | $0.60 \pm 0.28\text{ab}$                                   | $2.09 \pm 0.44\text{ab}$                                    |
| S4                      | $16.11 \pm 5.1\text{b}$                            | $2.54 \pm 1.00\text{a}$                                | $52.19 \pm 7.65\text{b}$   | $5.38 \pm 3.21\text{b}$                                   | $0.78 \pm 0.45\text{b}$                                    | $2.02 \pm 0.71\text{b}$                                     |
| S5                      | $10.06 \pm 3.69\text{a}$                           | $1.67 \pm 1.19\text{a}$                                | $34.73 \pm 0.87\text{c}$   | $3.81 \pm 2.36\text{b}$                                   | $0.84 \pm 0.33\text{b}$                                    | $1.55 \pm 0.37\text{a}$                                     |

同一列数值后有相同字母标识说明样区之间无显著差异(LSD 法,  $P = 0.05$ )

### 3.3.2 土壤理化性质对 SMR 的影响

土壤理化性质通过对土壤微生物因子的直接作用,从而间接对 SMR 造成影响。采用通径分析讨论土壤理化因子对土壤微生物因子的作用,可以反映理化因子与 SMR 的关系。

土壤理化性质对土壤微生物因子的通径分析见表 5。土壤铵态氮和速效磷没能通过逐步回归。土壤硝态氮对 SMB 的直接通径系数较大,具有较强的直接效应,尽管它的直接效应被通过其它因素对 SMB 的反向间接效应抵消了部分,但表现上对 SMB 的总作用仍相对较高,属于影响 SMB 的主要因素。有机质对 SMB 的直接效应最低,然而其间接效应最大,是影响 SMB 的主要因素。含水量对 SMB 主要是直接效应,也是影响 SMB 的主要因素。对于盐分,由于其直接通径系数和间接通径系数都相对较小,因而不是影响 SMB 的主要因素。决策系数可以进一步说明,土壤含水量和硝态氮是 SMB 的主要决定因素,土壤有机质是其主要限制因素。对 Shannon 指数,土壤硝态氮对其表现为强烈的直接效应,而土壤有机质是以强烈的间接效应影响 Shannon 指数。土壤含水量和盐分的直接通径系数和间接通径系数都较小,因而不是 Shannon 指数的主要影响因素。决策系数结果进一步说明,硝态氮是 Shannon 指数的主要决定因素,而有机质则是其主要限制因素。

水分在土壤微生物及其呼吸过程中所起的作用如何,不同的研究者在各自特定条件下所得出的结论有较大差异<sup>[27-28]</sup>,对湿地生态系统中水分作用于土壤微生物的影响机制仍需开展进一步研究。土壤硝态氮和有机质属于土壤微生物生物量的主要影响因素的结论与薛蕙等<sup>[29]</sup>的研究基本相似。徐华勤等<sup>[30]</sup>在研究土壤微生物多样性指数与土壤养分因子的关系时,也得出了 Shannon 指数与土壤有机质、全氮含量呈极显著正相关的类似结论。

综上所述,SMR 的主要影响因素包括 SMB 和土壤原核微生物多样性,而影响 SMB 的主要因素为土壤有机质和含水量,因此有机质和含水量是 SMR 的主要理化影响因素;同理,土壤硝态氮和有机质通过影响原核微生物多样性,也属于 SMR 的主要影响因素。王江等<sup>[31]</sup>在研究土壤微生物生物量和呼吸时也有类似结果:土壤微生物基础呼吸、微生物量碳与土壤理化性质呈不同程度的正相关。

表 5 九段沙土壤生物因子的通径分析

Table 5 The path analysis of soil biological factors in Jiuduansha wetland

| 土壤生物因子<br>Soil biological<br>factors | 土壤理化因子<br>Physico-chemical<br>properties of soil | 直接通径系数<br>Direct path<br>coefficient | 间接通径系数<br>Indirect psth<br>coefficient | 总影响系数<br>Total influencing<br>coefficient | 决策系数/%<br>Determining<br>coefficient |
|--------------------------------------|--------------------------------------------------|--------------------------------------|----------------------------------------|-------------------------------------------|--------------------------------------|
| 生物量 SMB                              | 硝态氮 ammonium N                                   | 0.936                                | -0.247                                 | 0.689                                     | 41.40                                |
|                                      | 有机质 SOM                                          | -0.741                               | 1.569                                  | 0.828                                     | -177.61                              |
|                                      | 含水量 water content                                | 1.144                                | -0.354                                 | 0.790                                     | 49.83                                |
|                                      | 盐分 salinity                                      | 0.122                                | 0.482                                  | 0.604                                     | 13.25                                |
| 脱氢酶<br>Dehydrogenase                 | 硝态氮 ammonium N                                   | 0.457                                | 0.426                                  | 0.883                                     | 60.15                                |
|                                      | 有机质 SOM                                          | 0.664                                | 0.141                                  | 0.805                                     | 62.75                                |
|                                      | 含水量 water content                                | 0.107                                | 0.292                                  | 0.399                                     | 7.39                                 |
|                                      | 盐分 salinity                                      | -0.442                               | 0.408                                  | -0.034                                    | -16.22                               |
| 蔗糖酶<br>Invertase                     | 硝态氮 ammonium N                                   | 0.318                                | 0.511                                  | 0.829                                     | 42.62                                |
|                                      | 有机质 SOM                                          | 0.837                                | 0.079                                  | 0.916                                     | 83.31                                |
|                                      | 含水量 water content                                | 0.018                                | 0.555                                  | 0.573                                     | 2.03                                 |
|                                      | 盐分 salinity                                      | -0.252                               | 0.430                                  | 0.178                                     | -15.32                               |
| 香农指数<br>ShannonIndex                 | 硝态氮 ammonium N                                   | 0.933                                | -0.025                                 | 0.908                                     | 82.41                                |
|                                      | 有机质 SOM                                          | -0.158                               | 0.976                                  | 0.818                                     | -28.35                               |
|                                      | 含水量 water content                                | 0.414                                | 0.144                                  | 0.558                                     | 29.07                                |
|                                      | 盐分 salinity                                      | 0.145                                | 0.219                                  | 0.364                                     | 8.47                                 |

4 结论

通过对长江口九段沙不同演替阶段湿地土壤微生物呼吸的研究可以得出以下结论：

九段沙不同植被类型湿地土壤微生物呼吸均较弱,明显低于崇明东滩围垦农田土壤微生物呼吸强度。低潮滩至高潮滩土壤微生物呼吸总体呈现增大趋势:盐渍藻类区最低,互花米草区最高,海三棱藨草区高于芦苇区。

综合分析九段沙不同植被类型湿地土壤微生物呼吸及其植被生物量,芦苇区在理论上具有更高的有机碳碳汇聚能力。与其它各区相比,芦苇区土壤微生物呼吸更低、植被生物量最高,而且其受水淹抑制的时间更短,因此是比海三棱藨草、互花米草更具汇碳潜力的湿地植物。可采取有效措施,营造芦苇适宜生境,维持芦苇区相对较高的有机碳汇聚优势。

互花米草的引种及蔓延,增加了区域土壤有机质含量,以及为入侵区域土壤微生物提供了不同的碳源,改变了土壤微生态结构,增大了土壤微生物活性,从而增强了区域土壤微生物呼吸,应对其进行合理控制。

影响土壤微生物呼吸强度的主要生物因子有:原核微生物多样性指数和土壤微生物生物量。土壤有机质、硝态氮及含水量是导致不同演替阶段土壤微生物活性差异的重要原因,从而也属于土壤微生物呼吸的主要影响因素。

研究结果揭示了九段沙盐沼湿地土壤碳库的代谢情况,将为湿地的管理与优化,提升其生态调节功能,应对过量碳排放导致的气候变暖问题提供理论指导和决策依据。

References:

[ 1 ] Christensen T R, Panikov N, Mastepanov M,Joabsson Anna, Stewart Angela. Biotic controls on CO<sub>2</sub> and CH<sub>4</sub> exchange in wetlands — a closed environment study. Biogeochemistry, 2003, 64:337-354.

[ 2 ] Raich James W,Tufekcioglu Aydin. Vegetation and soil respiration:correlations and controls. Biogeochemistry,2000,48:71-90.

[ 3 ] Yang J, Huang J H, Zhan X M, Li X,Du L H,Li L H. The diurnal dynamic patterns of soil respiration for different plant communities in the Agro-pastoral Ecotone with reference to different measuring methods. Acta Phytoecological Sinica,2004,28(3):318-325.

[ 4 ] Chen S Q,Li L H,Han X G,Yan Z D,Wang Y F,Zhang Y. Responses of soil respiration to temperature in eleven communities in Xilingol grassland,

- Inner Mongolia. *Acta Phytocologica Sinica*, 2003, 27(4): 441-447.
- [ 5 ] Wang Y S, Hu Y Q, Ji B M, Liu G R, Xue M. An investigation on the relationship between emission/uptake of greenhouse gases and environmental factors in semiarid grassland. *Advances in Atmospheric Sciences*, 2003, 20(1): 119-120.
- [ 6 ] Rey A, Petsikos C, Jarvis P G, Grace J. Effect of temperature and moisture on rates of carbon mineralization in a Mediterranean oak forest soil under controlled and field conditions. *European Journal of Soil Science*, 2005, 56: 589-599.
- [ 7 ] Fan Z P, Wang H, Deng D Z, Sun X K, Gao J G, Zeng D H. Measurement methods of soil heterotrophic respiration and key factors affecting the temperature sensitivity of the soil heterotrophic respiration. *Chinese Journal of Ecology*, 2008, 27(7): 1221-1227.
- [ 8 ] Wan Z M, Song C C. Vertical Dynamics of Soil Enzyme Activities and Its Relationship with Active Organic Carbon Indicators in *Calamagrostis angustifolia* Wetland. *Wetland Science*, 2008, 6(2): 249-257.
- [ 9 ] Zhao P, Xia D P, Wang T H. Assessment of the ecological and socioeconomic values of the wetland to be restored on the eastern end of Chongming Island, Shanghai. *Chinese Journal of Ecology*, 2005, 24(1): 75-78.
- [ 10 ] Tang C J, Lu J J. Studies on plant community on the Jiuduansha Shoals at the Yangtze Estuary. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, 23(2): 399-404.
- [ 11 ] Shen F, Zhou Y X, Zhang J, Wu J P, Yang S L. Remote-Sensing analysis on spatial-temporal variation in vegetation on Jiuduansha wetland. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2006, 37(6): 498-504.
- [ 12 ] Yao K Y, Huang C Y ed. Soil microbial ecology and experimental technology. Beijing: Science Press, 2006: 139, 144, 180, 186-187.
- [ 13 ] Wani A A, Surakasi V P, Siddharth J, Raqhavan R G, Patole M S, Ranade D, Shouche Y S. Molecular analyses of microbial diversity associated with the Lonar soda lake in India: An impact crater in a basalt area. *Research in Microbiology*, 2006, 157(10): 928-937.
- [ 14 ] Du S, Gao X Z ed. Criterion of soil analysis technology. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2006: 40-61, 94.
- [ 15 ] Yang Z F, Zhou J Y. Path analysis and partial correlations // Yang Z F ed. Experiment Design and Analysis. Beijing: Tsinghua University Press, 2005, 187-197.
- [ 16 ] Li H S, Liu G Q, Wang H Z, Li W H, Chen C Y. Seasonal changes in soil respiration and the driving factors of four woody plant communities in the Loess Plateau. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(9): 4099-4106.
- [ 17 ] Cheng X L, Luo Y, Chen J, Lin G, Li B. Short-term C4 plant *Spartina alterniflora* invasions change the soil carbon in C3 plant-dominated tidal wetlands on a growing estuarine Island. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 3380-3386.
- [ 18 ] Gen B Y, Zhang S, Dong Y S, Meng W Q, Qi Y C, Chen Z Z, Wang Y F. The Content of Soil Organic Carbon and Total Nitrogen and Correl Activity between Their Content and Fluxes of CO<sub>2</sub>, N<sub>2</sub>O and CH<sub>4</sub> in Xilin River Basin Steppe. *Acta Geographica Sinica*, 2001, 56(1): 44-53.
- [ 19 ] Zou J W, Rogers W E, DeWalt S J, Siemann E. The effect of Chinese tallow tree (*Sapium sebifem*) ecotype on soil-plant system carbon and nitrogen processes. *Oecologia*, 2006, 150: 272-281.
- [ 20 ] Zhou J, Lei T. Review and prospects on methodology and affecting factors of soil microbial diversity. *Biodiversity Science*, 2007, 15(3): 306-311.
- [ 21 ] Kaiser O, Puhler A, Selbitschka W. Phylogenetic analysis of microbial diversity in the rhizosphere of oilseed rape employing cultivation-dependent and cultivation-independent approaches. *Microbial Ecology*, 2001, 42: 136-149.
- [ 22 ] Smalla K, Wieland G, Buchner A, Zock A, Parzy J, Kaiser S, Roskot N. Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67: 4742-4751.
- [ 23 ] Pang X Y, Liu S Q, Liu Q C, Wu Y, Lin B, He H, Zhang Z J. Influence of Plant Community Succession on Soil Physical Properties during Subalpine Coniferous Plantation Rehabilitation in Western Sichuan. *Journal of Soil Water Conservation*, 2003, 17(4): 42-45, 50.
- [ 24 ] Zhou J, Xiao W, Qing P. Effect of an Alien Species (*Spartina alterniflora*) on soil Microbial Biomass and Functional Groups in Salt Marshes, *Journal of Nanjing University (Natural Sciences)*, 2007, 43(5): 593-600.
- [ 25 ] Wang A J, Chen J, Li D Y, Zhuo Z Q. Spatial Variations of Carbon and Nitrogen in Coastal Wetland Sediments of Quanzhou Bay in China. *Environmental Science*, 2007, 28(10): 2361-2368.
- [ 26 ] Xie X P, Wang Z Y, Shen T H. Sedimentary Characteristics of the Modern Tidal Flat of Jiuduansha Shoal in Changjiang Estuary. *Acta Sedimentologica Sinica*, 2005, 23(4): 566-573.
- [ 27 ] Wagai R, Brye K R, Gower S T, Norman J M, Bundy L G. Land use and environmental factors influencing soil surface CO<sub>2</sub> Flux and microbial biomass in natural and managed ecosystems in Southern Wisconsin. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 30(12): 1501-1509.
- [ 28 ] Chen Q S, Li L H, Han X G, Yan Z D. Effects of water content on soil respiration and the mechanisms. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, 23(5): 972-978.
- [ 29 ] Xu S, Liu G B, Dai Q H, Wei W, Hou X L. Evolution of soil microbial biomass in the restoration process of artificial *Robinia pseudoacacia* under erosion environment. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(3): 909-917.
- [ 30 ] Xu H Q, Xiao R L, Zou D S, Song T Q, Luo W, Li S H. Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea

plantation. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(8): 3355-3361.

- [31] Wang J, Zhang C B, Chang J, Ke H S, Zhang L. Effects of *Miscanthus floridulus* on microbial biomass and basal respiration in heavy metals polluted soils. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, 19(8): 1835-1840.

#### 参考文献:

- [3] 杨晶, 黄建辉, 詹学明, 李鑫, 杜丽华, 李凌浩. 农牧交错区不同植物群落土壤呼吸的日动态观测与测定方法比较. *植物生态学报*, 2004, 28(3): 318-325.
- [4] 陈胜全, 李凌浩, 韩兴国, 阎志丹, 王艳芬, 张炎. 温带草原 11 个植物群落夏秋土壤呼吸对气温变化的响应. *植物生态学报*, 2003, 27(4): 441-447.
- [7] 范志平, 王红, 邓东周, 孙学凯, 高俊刚, 曾德慧. 土壤异养呼吸的测定及其温度敏感性影响因子. *生态学杂志*, 2008, 27(7): 1221-1227.
- [8] 万忠梅, 松常春. 小叶章湿地土壤酶活性分布特征及其与活性有机碳表征指标的关系. *湿地科学*, 2008, 6(2): 249-257.
- [9] 赵平, 夏冬平, 王天厚. 上海市崇明东滩湿地生态恢复与重建工程中社会经济价值分析. *生态学杂志*, 2005, 24(1): 75-78.
- [10] 唐承佳, 陆健健. 长江口九段沙植物群落研究. *生态学报*, 2003, 23(2): 399-404.
- [11] 沈芳, 周云轩, 张杰, 吴建平, 杨世伦. 九段沙湿地植被时空遥感监测与分析. *海洋与湖沼*, 2006, 37(6): 498-504.
- [12] 姚槐应, 黄昌勇主编. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006: 139, 144, 180, 186-187.
- [14] 杜森, 高祥照主编. 土壤分析技术规范. 北京: 中国农业出版社, 2006: 40-61, 94.
- [15] 袁志发, 周静芊. 通径分析与偏相关分析//袁志发主编. 试验设计与分析. 北京: 清华大学出版社, 2005: 187-197.
- [16] 李红生, 刘广全, 王鸿喆, 李文华, 陈存银. 黄土高原四种人工植物群落土壤呼吸季节变化及其影响因子. *生态学报*, 2008, 28(9): 4099-4106.
- [18] 耿波远, 章申, 董云社, 孟维奇, 齐玉春, 陈佐忠, 王艳芬. 草原土壤的碳氮含量及其与温室气体通量的相关性. *地理学报*, 2001, 56(1): 44-53.
- [20] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望. *生物多样性*, 2007, 15(3): 306-311.
- [23] 庞学勇, 刘世全, 刘庆, 吴彦, 林波, 何海, 张宗锦. 川西亚高山针叶林植物群落演替对土壤性质的影响. *水土保持学报*, 2003, 17(4): 42-45, 50.
- [24] 周军, 肖炜, 钦佩. 互花米草入侵对盐沼土壤微生物生物量和功能的影响. *南京大学学报(自然科学)*, 2007, 43(5): 593-600.
- [25] 王爱军, 陈坚, 李东义, 卓志强. 泉州湾海岸湿地沉积物 C、N 的空间变化. *环境科学*, 2007, 28(10): 2361-2368.
- [26] 谢小平, 王兆印, 沈焕庭. 长江口九段沙现代潮滩沉积特征. *沉积学报*, 2005, 23(4): 566-573.
- [28] 陈全胜, 李凌浩, 韩兴国, 阎志丹. 水分对土壤呼吸的影响及机理. *生态学报*, 2003, 23(5): 972-978.
- [29] 薛莲, 刘国彬, 戴全厚, 卫伟, 侯喜禄. 侵蚀环境生态恢复过程中人工刺槐林土壤微生物量演变特征. *生态学报*, 2007, 27(3): 909-917.
- [30] 徐华勤, 肖润林, 邹冬生, 宋同清, 罗文, 李盛华. 长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, 2007, 27(8): 3355-3361.
- [31] 王江, 张崇邦, 常杰, 柯世省, 张磊. 五节芒对重金属污染土壤微生物生物量和呼吸的影响. *应用生态学报*, 2008, 19(8): 1835-1840.