

鄱阳湖典型湿地植物群落土壤微生物量特征

王晓龙, 徐立刚, 姚鑫, 白丽, 张奇*

(湖泊与环境国家重点实验室 中国科学院南京地理与湖泊研究所 210008)

摘要:系统调查了鄱阳湖典型湿地植物群落土壤微生物量, 地表植被生物量及土壤养分性状。结果表明: 0—10 cm 土层微生物量碳以水蓼群落明显最高 ($925.36 \text{ mg kg}^{-1}$), 其次为灰化藁草群落 ($607.43 \text{ mg kg}^{-1}$)、茭蒿群落 ($577.03 \text{ mg kg}^{-1}$)、白茅群落 ($556.42 \text{ mg kg}^{-1}$) 及阿及藁草群落 ($497.08 \text{ mg kg}^{-1}$); 香蒲群落与芦苇 (荻) 群落表层微生物量碳相近, 分别为 $393.40 \text{ mg kg}^{-1}$ 与 $376.41 \text{ mg kg}^{-1}$; 芦苇群落则显示了最低的表层土壤微生物量碳 ($174.90 \text{ mg kg}^{-1}$)。与微生物量碳相似, 表层土壤微生物量氮以水蓼群落最高, 依次为白茅群落 > 灰化藁草群落 > 茭蒿群落 > 阿及藁草群落 > 香蒲群落 > 芦苇 (荻) 群落 > 芦苇群落。表层土壤微生物量磷在 $17.730\text{—}30.948 \text{ mg kg}^{-1}$ 之间, 各群落间差异较小, 以白茅群落最高, 芦苇群落最低。微生物量碳与含水量、有机碳、全氮、有效氮极显著正相关, 与有效磷显著正相关; 微生物量氮与微生物量碳相似, 与含水量、有机碳、全氮及有效氮显示极显著正相关性。土壤微生物碳、氮、磷与地表植被生物量之间均显示了互增长关系, 其中以微生物量氮关系最为密切 ($R^2 = 0.377, P = 0.027$), 依次为微生物量磷 ($R^2 = 0.318, P = 0.036$) 与微生物量碳 ($R^2 = 0.245, P = 0.042$), 三者与地表植被生物量均达到了显著相关关系 ($P < 0.05$)。土壤微生物碳与 Shannon-Winner 指数之间关系密切, 呈显著负相关关系 ($R^2 = 0.277, P = 0.039$); 土壤微生物量氮与微生物量磷与 Shannon-Winner 指数之间显示负相关关系, 但关系均较弱。

关键词: 鄱阳湖; 湿地植物群落; 土壤微生物量; 植被生物量

Analysis on the soil microbial biomass in typical hygrophilous vegetation of Poyang Lake

WANG Xiaolong, XU Ligang, YAO Xin, YU Li, ZHANG Qi*

State Key Laboratory of Lake Science and Environment, Nanjing Institute of Geography and Limnology, Chinese Academy of Sciences 210008, China

Abstract: Soil microbial biomass, vegetation biomass and soil nutrient in hygrophilous vegetation communities in the wetland of Poyang Lake were systematically investigated in this paper. The results showed that the highest content of soil microbial biomass carbon (SMB C) ($925.36 \text{ mg kg}^{-1}$) was found in surface soil (0—10 cm) in *Polygonum hydropiper* community, followed by *Carex cinerascens* community ($607.43 \text{ mg kg}^{-1}$), *Artemisia selengensis* community ($577.03 \text{ mg kg}^{-1}$), *Imperata cylindrical* community ($556.42 \text{ mg kg}^{-1}$) and *Carex argi* community ($497.08 \text{ mg kg}^{-1}$). The content of SMB C in surface soil in *Typha angustifolia* community was close to that of *Phragmites communis* + *Miscanthus sacchariflor* community, with the value of $393.40 \text{ mg kg}^{-1}$ and $376.41 \text{ mg kg}^{-1}$ respectively, while the lowest content of SMB C was found in *Phragmites communis* community. The highest content of soil microbial biomass nitrogen (SMB N) was detected in *Polygonum hydropiper* community, followed in a decreasing order by *Imperata cylindrical* community > *Carex cinerascens* community > *Artemisia selengensis* community > *Carex argi* community > *Typha angustifolia* community > *Phragmites communis* + *Miscanthus sacchariflor* community and *Phragmites communis* community. Small difference in contents of soil microbial biomass phosphorus (SMB P) was found among typical hygrophilous vegetation communities, with the value from $17.730 \text{ mg kg}^{-1}$ to $30.948 \text{ mg kg}^{-1}$. The highest content of SMB P was found in *Imperata cylindrical* community, while the lowest was detected in *Phragmites communis* community. SMB C and SMB N were significantly and positively correlated with soil moisture, soil organic matter, total nitrogen and available nitrogen, and SMB C also showed significant positive

基金项目: 中国科学院知识创新工程重大资助项目 (KZCX1-YW-08-01); 世界自然基金会资助项目 (N399)

收稿日期: 2009-07-01; **修订日期:** 2009-12-11

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: qzhang@niglas.ac.cn

relationship with available phosphorus. SMB C, N and P had significant linear correlation with hygrophilous vegetation biomass ($P < 0.05$), and the most significant was SMB N ($R^2 = 0.377, P = 0.027$), followed by SMB P ($R^2 = 0.318, P = 0.036$) and SMB C ($R^2 = 0.245, P = 0.042$), respectively. Significant negative relationship was identified between SMB C and Shannon-Winner Index ($R^2 = 0.277, P = 0.039$). Negative relationship was also found between SMB N, SMB P and Shannon-Winner Index respectively, but not that significant.

Key Words: Poyang Lake; hygrophilous vegetation community; soil microbial biomass; vegetation biomass

土壤微生物是土壤养分转化和循环的动力,它参与土壤中有机质的分解、腐殖质的形成以及土壤养分循环与转化等过程,对土壤生态系统的物质循环及营养分配起重要作用^[1]。土壤微生物量能表征参与调控土壤中能量和养分循环以及有机物质转化的微生物数量,反映微生物活性强度及有机质分解过程^[2]。土壤微生物量对土壤条件变化非常敏感,能在短时间内发生较大幅度变化,土壤温度、水分、通气状况、pH 条件以及有机质含量等均影响土壤中微生物量的消长变化^[3]。虽然土壤微生物量养分只占土壤营养库的小部分,但它既是养分的“库”,又是养分的“源”,特别在土壤质量的演变中,具有较高的营养转化能力,参与生态系统中能量流和物质流,影响生态系统中的植物营养、土壤结构和土壤肥力等变化,被认为是土壤生物学特性的重要指标,能综合反映土壤质量状况^[4-5]。

鄱阳湖是我国最大的淡水湖泊,湖区湿地面积约 2700 km²,是我国湿地生态系统中生物资源最丰富的地区,也是我国公布的首批国家重点湿地保护地之一,1992 年被列入《世界重要湿地名录》,是具有国际性保护意义的淡水湿地^[6]。湿地作为一种重要的自然资源,可调控区域内的水分循环和 C、N 等元素的生物地球化学循环。湿地土壤是长期以来区域生态环境因素相互作用的结果,它在区域生态系统中起着其他生态系统不可替代的作用,保持着区域生态平衡^[7]。湿地土壤中物质含量变化显著影响着湿地生态系统的生产力。在自然环境下,湿地土壤、土壤微生物和植物演变为一个相互依赖的整体,三者之间存在养分的生化平衡过程,任一环节发生变化都将影响其他两个环节^[8]。土壤微生物作为生态系统物质循环与转化的重要驱动力,其生物量可表征生境与生物演变的动态平衡^[9]。目前国内外针对鄱阳湖湿地的研究主要集中在植被空间分布及多样性调查、水文过程与水质分析以及土壤重金属含量等方面,而对典型湿地植被类型的土壤微生物学特性研究较少^[9-11]。因此研究鄱阳湖湿地生态系统土壤微生物对了解鄱阳湖湿地土壤质量演变特征及深入探讨湿地生态系统结构和功能,进而有效保护鄱阳湖湿地生态系统具有重要意义。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究地区概况

鄱阳湖位于长江中下游交接处的南岸、江西省北部,地理坐标:东经 115°49′—116°46′,北纬 28°24′—29°46′,南北长 170km,最大宽度为 70km。鄱阳湖处在我国东部季风区的中亚热带,为典型的亚热带季风气候,夏季盛行偏南风,炎热多雨;冬季盛行偏北风,气温低而降雨少;多年平均气温 17.6℃,最冷月(1 月份)平均气温 5.1℃,最热月(7 月份)平均气温 29.5℃;年均降雨量 1450—1550 mm,多集中在 4—6 月份。湖区湿地面积 2698 km²,约占全湖正常水位总面积的 82%。湿地处于高低水位消落地域及附近的浅水区,包括入湖河流三角洲、湖滨滩地、堤垸沟渠、池塘沼泽、冲积沙洲、港汊水道,形成了我国中亚热带湿地生态系统的特殊地理景观,是我国湿地生态系统中植被类型以及植物资源最丰富的地区之一。受鄱阳湖水文季节性变化影响,湿地表现出典型的季节性水陆交错变化^[11]。在鄱阳湖高水位的洪水季节,湿地处于典型的湖相水文状态,随着鄱阳湖水位的降低,不同高程的洲滩相继显露,湿地植被发育,滩地和沼泽广布,呈现出河、湖、滩交错的湿地景观。

1.2 样品采集与处理

2008-11 月中旬于鄱阳湖湿地地区选取 8 种典型湿地植物群落,分别为芦苇(*Phragmites communis*)群落、芦

苇(荻) (*Phragmites communis* + *Miscanthus sacchariflor*) 群落、灰化藁草 (*Carex cinerascens*) 群落、阿及藁草 (*Carex argi*) 群落、萎蒿 (*Artemisia selengensis*) 群落、水蓼 (*Polygonum hydropiper*) 群落、白茅 (*Imperata cylindrical*) 群落以及香蒲 (*Typha angustifolia*) 群落(表 1), 每种群落选取 3 个重复, 利用土钻(内径 5 cm)采集 0—10 cm 与 10—20 cm 两个土壤层约 500g 土样分别装入聚乙烯封口袋; 同时在各典型湿地植物群落带利用 1m × 1m 样方框随机抛取 5 个植被样方, 抽样调查地表植被生物量与多样性。

土样及时运回(8h 内)实验室后, 拣除石块等杂物, 每份土样均匀分成两部分, 一部分放入低温箱中(温度控制在 4℃)用于测定土壤微生物生物量和活性; 另一部分自然风干后磨碎, 分别过 20 目与 100 目筛, 用于土壤理化指标测定。现场调查各样方内植物种类及数量, 同时样方内所有地表植被贴地面割刈后装入纸袋, 带回实验室后立即称取鲜重。

表 1 鄱阳湖典型湿地植物群落优势种及伴生种
Table 1 The Dominant species typical hygrophilous vegetation and companion species typical hygrophilous vegetation in Poyang Lake

植物群落 Vegetation community	优势种 Dominant species	伴生种 Companion species
芦苇群落 <i>Phragmites communis</i> community	芦苇 <i>Phragmites communis</i>	萎蒿 <i>Artemisia selengensis</i> , 灰化藁草 <i>Carex cinerascens</i> , 通泉草 <i>Mazus japonicus</i> , 狗牙根 <i>Cynodon dactylon</i>
芦苇(荻)群落 <i>Phragmites communis</i> + <i>Miscanthus sacchariflor</i> community	芦苇 + 荻 <i>Phragmites communis</i> + <i>Miscanthus sacchariflor</i>	灰化藁草 <i>Carex cinerascens</i> , 萎蒿 <i>Artemisia selengensis</i> , 通泉草 <i>Mazus japonicus</i> , 马蓝 <i>Strobilanthes cusia</i>
灰化藁草群落 <i>Carex cinerascens</i> community	灰化藁草 <i>Carex cinerascens</i>	萎蒿 <i>Artemisia selengensis</i> , 水田碎米荠 <i>Cardamine lyrata</i> , 水蓼 <i>Polygonum hydropiper</i> , 弯喙藁草 <i>Carex laticeps</i>
阿及藁草群落 <i>Carex argi</i> community	阿及藁草 <i>Carex cinerascens</i>	萎蒿 <i>Artemisia selengensis</i> , 水禾 <i>Hygroryza aristata</i> , 看麦娘 <i>Alopecurus aequalis</i> , 水蓼 <i>Polygonum hydropiper</i> ,
萎蒿群落 <i>Artemisia selengensis</i> community	萎蒿 + 灰化藁草 <i>Artemisia selengensis</i> + <i>Carex cinerascens</i>	灰化藁草 <i>Carex cinerascens</i> , 长穗藁草 <i>Carex longerostrata</i> , 灯心草 <i>Juncus leschenaultii</i> Gay, 水禾 <i>Hygroryza aristata</i> , 稗草 <i>Echinochloa crusgalli</i>
水蓼群落 <i>Polygonum hydropiper</i> community	水蓼 + 灰化藁草 <i>Polygonum hydropiper</i> + <i>Carex cinerascens</i>	萎蒿 <i>Artemisia selengensis</i> , 荆三棱 <i>Scirpus yagara Ohwi</i> , 灰化藁草 <i>Carex cinerascens</i> , 丛枝蓼 <i>Pcaespitosum</i> Bi, 看麦娘 <i>Alopecurus aequalis</i>
白茅群落 <i>Imperata cylindrical</i> community	白茅 <i>Imperata cylindrical</i>	马蓝 <i>Strobilanthes cusia</i> , 丛枝蓼 <i>Pcaespitosum</i> Bi, 狗牙根 <i>Cynodon dactylon</i>
香蒲群落 <i>Typha angustifolia</i> community	香蒲 + 莲子草 <i>Typha angustifolia</i> + <i>Alternanthera sessilis</i>	灯心草 <i>Juncus leschenaultii</i> Gay, 水车前 <i>O. alismoides</i> Pers., 慈菇 <i>Sagittaria sagittifolia</i>

1.3 样品分析与数据处理

1 份鲜样过 2mm 筛后采用氯仿熏蒸法, 熏蒸后用硫酸钾浸提, 用全自动有机碳分析仪(Tekmar-Dohrmann Apollo 9000 TOC Combustion Analyzer)测定微生物量碳, 用全自动定氮仪测定微生物量氮, 用钼锑抗比色法测定微生物量磷, 土样以干重计^[12-14]。土壤基本理化性质测定: 土壤含水量采用烘干法、土壤容重采用环刀法、土壤有机碳用重铬酸钾氧化外加热法, 全氮(N)用半微量凯氏法测定; pH 采用酸度计测定, 无 CO₂ 水浸提(水: 土 = 2.5)、全磷采用碳酸钠熔融-钼锑抗比色法、全钾采用氢氧化钠熔融-火焰光度法、速效氮采用康维皿扩散法; 速效磷采用双酸浸提、钼锑抗比色法; 速效钾用乙酸铵提取-火焰光度法^[15]。选用 Shannon-Wiener 指数进行群落物种多样性的测度:

$$H = - \sum_{i=1}^s pi \ln pi$$

式中, S 为物种数目, pi 为属于种 i 的个体占全部个体种的比例。

数据处理与统计分析在 Excel 及 SPSS12.0 软件上进行。

2 研究结果

2.1 典型湿地植物群落土壤微生物量特征

表 2 中 8 种群落 0—10cm 土层微生物量碳以水蓼群落明显最高(925.36 mg kg⁻¹), 其次为灰化藁草群落

(607.43 mg kg⁻¹)、菱蒿群落(577.03 mg kg⁻¹)、白茅群落(556.42 mg kg⁻¹)与阿及藁草群落(497.08 mg kg⁻¹), 四者差异不显著; 香蒲群落与芦苇(荻)群落表层微生物量碳相近, 分别为 393.40 mg kg⁻¹与 376.41 mg kg⁻¹; 芦苇群落则显示了最低的表层土壤微生物量碳 248.22 mg kg⁻¹)。10—20cm 土层微生物量碳则以芦苇(荻)群落最高(275.98 mg kg⁻¹), 其次为水蓼群落(266.73 mg kg⁻¹)与菱蒿群落(203.75 mg kg⁻¹), 三者差异不显著; 香蒲群落(174.30 mg kg⁻¹)与灰化藁草群落微生物量碳(154.37 mg kg⁻¹)相近, 而阿及藁草群落(148.64 mg kg⁻¹)与芦苇群落(135.65 mg kg⁻¹)微生物量碳最低, 但 4 种植物群落 10—20cm 土层微生物量碳无显著性差异。

微生物量氮与微生物量碳相似, 水蓼群落显示了最高的表层土壤微生物量氮(142.42 mg kg⁻¹), 其次为白茅群落(126.32 mg kg⁻¹), 二者差异不显著; 灰化藁草群落、菱蒿群落与阿及藁草群落表层土壤微生物量氮相近, 分别为 101.07、96.28 mg kg⁻¹与 89.14 mg kg⁻¹; 香蒲群落(73.72 mg kg⁻¹)表层土壤微生物量氮高于芦苇(荻)群落与芦苇群落, 但三者差异不显著。10—20cm 土层 8 种典型群落土壤微生物量氮在 21.76—38.78 mg kg⁻¹之间, 以水蓼群落最高, 香蒲群落最低。

表 2 鄱阳湖典型湿地植物群落土壤微生物量碳、氮、磷

Table 2 Soil microbial biomass C, N and P in typical hygrophilous vegetation community of Poyang Lake

植物群落 Vegetation community	土壤微生物量碳/(mg kg ⁻¹) Soil microbial biomass C		土壤微生物量氮/(mg kg ⁻¹) Soil microbial biomass N		土壤微生物量磷/(mg kg ⁻¹) Soil microbial biomass P	
	0—10 cm	10—20 cm	0—10 cm	10—20 cm	0—10 cm	10—20 cm
芦苇群落 <i>Phragmites communis</i> community	248.22d* (35.14)	135.65b (32.67)	41.92c (9.53)	28.76ab (7.34)	13.73b (4.16)	7.65a (2.48)
芦苇(荻)群落 <i>Phragmites communis</i> + <i>Miscanthus sacchariflor</i> community	376.41c (47.67)	275.98a (45.49)	55.80c (17.64)	35.50a (5.61)	20.95ab (3.49)	9.23a (2.36)
灰化藁草群落 <i>Carex cinerascens</i> community	607.43b (111.69)	154.37b (52.63)	101.07ab (13.86)	27.48ab (4.49)	19.96ab (4.12)	9.31a (1.78)
阿及藁草群落 <i>Carex argi</i> community	497.08b (37.42)	148.64b (46.85)	89.14b (14.35)	24.35b (3.33)	22.87ab (4.86)	11.1a (2.59)
菱蒿群落 <i>Artemisia selengensis</i> community	577.03b (80.77)	203.75ab (64.32)	96.28b (17.56)	32.68ab (8.39)	24.49ab (4.72)	12.35a (2.03)
水蓼群落 <i>Polygonum hydropiper</i> community	925.36a (109.31)	266.73a (31.78)	142.42a (27.35)	38.78a (4.06)	29.93a (4.33)	8.72a (3.33)
白茅群落 <i>Imperata cylindrical</i> community	556.42b (73.11)	140.82b (36.83)	126.32a (22.09)	35.9a (7.71)	30.95a (6.51)	11.01a (1.75)
香蒲群落 <i>Typha angustifolia</i> community	393.40c (89.84)	174.30b (32.16)	73.72bc (12.86)	21.76b (5.57)	23.36ab (5.49)	10.33a (1.64)

* 同一列后具不同小写字母者为样地间差异显著($P < 0.05$); 括号内为标准差

0—10cm 土层微生物量磷以白茅群落显著最高, 达到 30.948 mg kg⁻¹, 其次为水蓼群落(27.026 mg kg⁻¹)、菱蒿群落(24.485 mg kg⁻¹)、香蒲群落(23.362 mg kg⁻¹)、阿及藁草群落(22.867 mg kg⁻¹)、芦苇(荻)群落(20.954 mg kg⁻¹)及灰化藁草群落(19.958 mg kg⁻¹), 各群落间差异不显著; 芦苇群落表层微生物量磷含量显著低于其他群落, 为 13.730 mg kg⁻¹。10—20cm 土层微生物量磷则在 7.653—12.351 mg kg⁻¹之间, 依次为菱蒿群落 > 阿及藁草群落 > 白茅群落 > 香蒲群落 > 灰化藁草群落 > 芦苇(荻)群落 > 水蓼群落 > 芦苇群落, 各群落间无显著性差异。

2.2 典型湿地植物群落土壤有机碳、全氮、全磷及微生物量对土壤营养库贡献率

表 3 中分别为典型湿地植物群落 0—10 cm 与 10—20 cm 土壤有机碳、全氮、全磷及微生物量对土壤营养库贡献率。可以看出 8 种样地表层有机碳含量以灰化藁草群落显著最高, 为 34.77 g kg⁻¹, 依次为菱蒿群落(28.18 g kg⁻¹)、白茅群落(27.97 g kg⁻¹)、阿及藁草群落(27.03 g kg⁻¹)与水蓼群落(25.51 g kg⁻¹), 4 种群落间无显著差异; 芦苇(荻)群落、香蒲群落及芦苇群落显示了较小的表层有机碳含量, 三者差异不显著。各

样地 10—20cm 土层有机碳含量在 7.54—712.02 g kg⁻¹ 之间,以灰化藁草群落最高,芦苇群落最低。

表层土壤全氮含量在 1.67—3.15 g kg⁻¹ 之间,依次为灰化藁草群落 > 白茅群落 > 阿及藁草群落 > 水蓼群落 > 芦苇(荻)群落 > 菱蒿群落 > 芦苇群落,其中灰化藁草群落、白茅群落和阿及藁草群落显著高于其他样地,而芦苇群落显著最低。各样地 10—20cm 土层全氮含量在 0.82—1.32 g kg⁻¹ 之间,依次为灰化藁草群落 > 菱蒿群落 > 白茅群落 > 阿及藁草群落 > 水蓼群落 > 芦苇(荻)群落 > 芦苇群落 > 香蒲群落。

与全氮相似,灰化藁草群落表层全磷含量最高,为 0.817 g kg⁻¹,其次为白茅群落(0.791 g kg⁻¹)与水蓼群落(0.773 g kg⁻¹),三者差异不显著;阿及藁草群落表层全磷含量为 0.649 g kg⁻¹,高于芦苇(荻)群落(0.551 g kg⁻¹)、香蒲群落(0.534 g kg⁻¹)和菱蒿群落(0.512 g kg⁻¹),各群落间也无显著差异;芦苇群落表层全磷含量显著最低(0.419 g kg⁻¹)。8 种样地 10—20cm 土层全磷含量在 0.251—0.353 g kg⁻¹ 之间,以灰化藁草群落最高,水蓼群落最低,样地间差异较小。

土壤微生物量是土壤养分的储存库和植物生长可利用养分的重要来源,也是土壤养分库中循环转化最活跃的部分。微生物量碳对土壤有机质的贡献率为 1.28%—3.66%,除芦苇(荻)群落与芦苇群落外,其他样地 10—20cm 土层贡献率均低于表层土壤,最大贡献率在芦苇(荻)群落 10—20cm 土层(3.66%),最小贡献率灰化藁草群落 10—20cm 土层(1.28%)。微生物量氮对土壤全氮的贡献率在 2.08%—5.47% 之间,与微生物量碳相似,除芦苇(荻)群落与芦苇群落外,其他样地则以表层贡献率较高,其中菱蒿群落、水蓼群落及芦苇(荻)群落分别达到了 5.47%、4.61% 与 4.10%,灰化藁草群落 10—20cm 土层显示了最小贡献率(2.08%)。微生物量磷对土壤全磷的贡献率为 2.44%—5.00%,最大贡献率在芦苇群落土壤表层(5.00%),而最小贡献率在灰化藁草群落土壤表层(2.44%)。

表 3 土壤有机碳、全氮与全磷含量及土壤微生物量对土壤营养库贡献率

植物群落 Vegetation community	有机碳/ (g kg ⁻¹)		全氮/ (g kg ⁻¹)		全磷/ (g kg ⁻¹)		微生物量碳 /有机碳/%		微生物量氮 /全氮/%		微生物量磷 /全磷/%	
	Organic Carbon		Total Nitrogen		Total Phosphorus		SMB C/TOC		SMB N/TN		SMB P/TP	
	0— 10cm	10— 20cm	0— 10cm	10— 20cm	0— 10cm	10— 20cm	0— 10cm	10— 20cm	0— 10cm	10— 20cm	0— 10cm	10— 20cm
芦苇群落 <i>Phragmites communis</i> community	15.01c (3.27)	7.73c (1.49)	1.67c (0.33)	0.84b (0.21)	0.419c (0.029)	0.321ab (0.094)	1.65	1.75	2.50	3.41	5.00	2.38
芦苇(荻)群落 <i>Phragmites communis</i> + <i>Miscanthus sacchariflor</i> community	19.33c (2.96)	7.54c (0.77)	2.05b (0.57)	0.92b (0.24)	0.551b (0.043)	0.314a (0.057)	1.95	3.66	2.72	3.87	2.49	2.94
灰化藁草群落 <i>Carex cinerascens</i> community	34.77a (4.71)	12.02a (2.63)	3.15a (1.12)	1.32a (0.41)	0.817a (0.116)	0.353a (0.038)	1.75	1.28	3.21	2.08	2.44	2.64
阿及藁草群落 <i>Carex argi</i> community	27.03b (4.10)	10.56b (1.87)	2.98a (0.79)	1.09ab (0.32)	0.649b (0.104)	0.349a (0.072)	1.84	1.41	2.99	2.23	3.52	3.18
菱蒿群落 <i>Artemisia selengensis</i> community	28.18b (5.33)	10.57b (2.04)	2.09b (0.54)	1.21a (0.27)	0.512bc (0.142)	0.297b (0.093)	2.05	1.93	4.61	2.70	4.78	4.16
水蓼群落 <i>Polygonum hydropiper</i> community	25.51b (2.19)	11.03ab (1.15)	2.60ab (0.43)	1.29a (0.12)	0.773a (0.110)	0.251b (0.055)	3.63	2.42	5.47	2.99	3.87	3.47
白茅群落 <i>Imperata cylindrical</i> community	27.97b (2.36)	8.43c (0.94)	3.08a (0.55)	1.18ab (0.09)	0.791a (0.091)	0.341a (0.047)	1.99	1.67	4.10	3.04	3.91	3.23
香蒲群落 <i>Typha angustifolia</i> community	17.54c (3.23)	9.06bc (2.11)	2.47ab (0.76)	0.82b (0.30)	0.537b (0.053)	0.265b (0.065)	2.24	1.92	2.98	2.64	4.37	3.90

* 同一列后具不同小写字母者为样地间差异显著($P < 0.05$);括号内为标准差

2.3 土壤微生物量与土壤理化性状相关关系

表 4 中相关分析表明微生物量碳与含水量、有机碳、全氮、有效氮极显著正相关,与有效磷显著正相关;微生物量氮与微生物量碳相似,与含水量、有机碳、全氮及有效氮显示极显著正相关性,但与其他指标关系不密切;微生物量磷则与含水量、全磷、有效磷极显著正相关,与有机碳、全氮及有效氮显著正相关,而与容重呈显著负相关关系。

表 4 土壤微生物量碳、氮、磷与土壤理化指标相关系数

Table 4 Relationships between soil microbial biomass (C, N and P) and soil physico-chemical properties

项目 Item	含水量 Soil water	pH	容重 Soil Capacity	有机碳 TOC	全氮 Total N	全磷 Total P	全钾 Total K	有效氮 Available N	有效磷 Available P	速效钾 Available K
微生物量碳 SMB C	0.767 **	-0.137	-0.431 *	0.735 **	0.568 **	0.237	0.203	0.681 **	0.443 *	0.179
微生物量氮 SMB N	0.685 **	-0.056	-0.448 *	0.656 **	0.713 **	0.212	0.114	0.815 **	0.501 *	0.027
微生物量磷 SMB P	0.613 **	0.248	-0.391 *	0.469 *	0.514 *	0.638 **	0.217	0.452 *	0.761 **	0.029

注: *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; SMB: Soil Microbial Biomass

2.4 典型湿地植物群落土壤微生物量与地表植物地上生物量及多样性相关性分析

鄱阳湖典型湿地植物群落地表植被地上生物量(鲜重)在 1456—5155 g m⁻²,土壤微生物量碳、氮、磷与地表植被生物量之间均显示了互增长关系(图 1),其中以微生物量氮关系最为密切($R^2 = 0.377$, $P = 0.027$),依次为微生物量磷($R^2 = 0.318$, $P = 0.036$)与微生物量碳($R^2 = 0.245$, $P = 0.042$),三者与地表植被生物量均达到了显著相关关系($P < 0.05$)。鄱阳湖典型湿地植物群落 Shannon-Winner 指数在 0.723—2.14 之间,土壤微生物碳与 Shannon-Winner 指数之间关系密切,呈显著负相关关系($R^2 = 0.277$, $P = 0.039$);土壤微生物量氮、磷与 Shannon-Winner 指数之间显示负相关关系,但关系均较弱,没有达到显著水平。

3 讨论

土壤微生物生物量是土壤养分的储存库和植物生长可利用养分的重要来源,是反映土壤微生物群落的相对大小和土壤健康和土地生产力的一个重要指标,能快速响应土壤理化性状的演变^[17]。土壤微生物量的多少反映了土壤同化和矿化能力的大小,是土壤活性大小的标志^[18]。本研究对鄱阳湖典型湿地植物群落表层土壤微生物量碳在 248.22—925.36 mg kg⁻¹之间,低于同期洞庭湖草洲湿地(424.63—1597.30 mg kg⁻¹),高于夏季东北芦苇湿地微生物量碳(30—340 mg kg⁻¹),而与同纬度带退化红壤人工恢复林(10a)相近(207.3—1006.7 mg kg⁻¹)^[17,19-20]。微生物量氮与微生物量磷分别在 41.92—142.42 mg kg⁻¹及 13.727—30.948 mg kg⁻¹之间,低于同期洞庭湖草洲湿地微生物量氮(57.90—259.47 mg kg⁻¹)与微生物量磷(24.16—200.99 mg kg⁻¹),与春季东北三江平原沼泽湿地土壤微生物量氮、磷相近,略高于夏季高寒草甸土壤微生物量氮、磷^[21-23]。土壤微生物量的高低主要受土壤中可利用生源要素如碳源、氮源及磷源的制约。鄱阳湖典型湿地植物群落土壤微生物量显示了较明显的差异。水蓼群落表层土壤微生物量碳、氮最高,这与水蓼群落凋落物量大且较易分解有关,此外水蓼群落分布于芦苇群落与苔草群落之间,地势适中,易于保持适宜的土壤水分及通透性,有利于微生物的生长^[24]。灰化薹草群落、萎蒿群落、白茅群落与阿及薹草群落也显示了较高的表层土壤微生物量碳、氮。由于季节性淹水带来的沉积物养分丰富,鄱阳湖薹草与萎蒿长势极为茂盛,且受人类干预活动较少,有机体归还土壤率高,也有利于表层土壤养分的积累,进而促进了微生物活动^[26]。芦苇群落表层土壤微生物量碳、氮、磷均明显低于其他湿地植物群落,可能是因为芦苇群落地势较高,土壤砂粒含量高,不利于养分的积累,同时芦苇立地较高,枯萎后不易立即归还土壤且秸秆较其他湿地植被难腐化,因而微生物可利用生源要素较少。各湿地植物群落表层土壤微生物量均明显高于 10—20cm 土层,这与大多数研究结论一致^[27-29],说明随土层加深土壤微生物代谢活动很可能受到更强的限制,而表层土壤适宜的水热条件、充足的生源要素以及良好的通气状况更能满足微生物的代谢与繁殖的需要,是促进土壤微生物累积的有利条件。芦苇(荻)群落 10—20cm 微生物量碳、氮仅次于水蓼群落,这可能是因为芦苇(荻)根系发达,对次表层土壤的扰

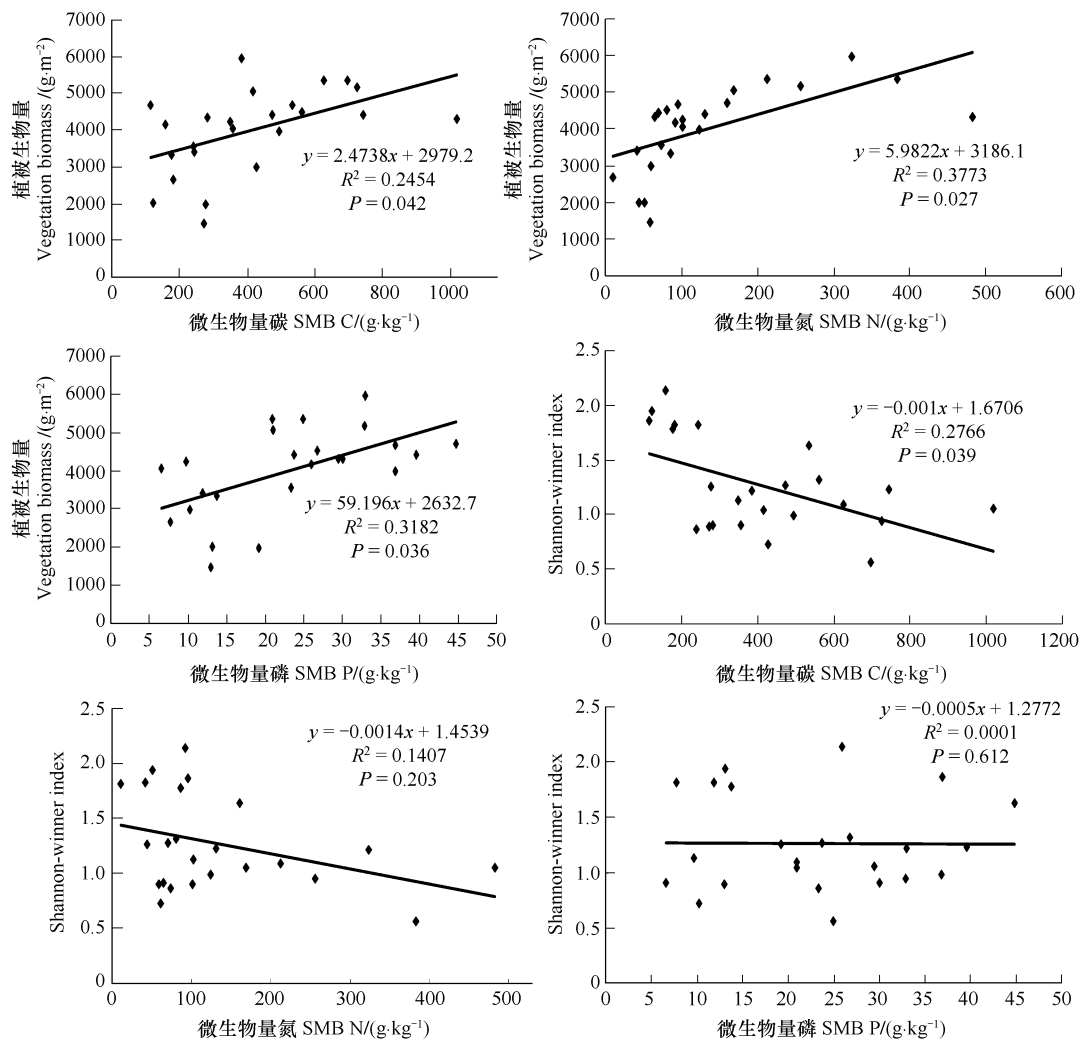


图1 土壤微生物量与地表植物生物量及 Shannon-Winner 指数相关关系

Fig. 1 Relationships between soil microbial biomass (C, N and P) and vegetation biomass, as well as Shannon-Winner Index

动强于其他湿地植被,有利于土壤结构的改良及养分的渗透。许多研究表明,良好的土壤结构能显著提高土壤微生物活性^[11,13]。

微生物量对土壤营养库的贡献率反映了单位营养所负载的微生物量;贡献率高说明有较多营养被微生物固定,是潜在有效营养源;贡献率低说明微生物具有固定营养的潜力,为潜在营养库^[16,29]。本研究中微生物量碳对土壤有机质的贡献率在 1.28%—3.66% 之间,与温带森林土壤(1.8%—2.9%)和橡树混合林土壤(1.2%—2.7%)相近,远高于高寒草甸表层土壤(0.45%—0.84%)^[19,29]。微生物量氮对土壤全氮的贡献率在 2.08%—5.47% 之间,与耕地土壤(2%—6%)相近,高于高寒草甸(0.65%—1.30%)与山地森林(0.54%—2.66%)^[21-22];微生物量磷对土壤全磷的贡献率为 2.44%—5.00%,与草地土壤相近(2.0%—4.3%)^[26]。鄱阳湖典型湿地植物群落显示了较高的微生物量营养对土壤营养库的贡献率,表明微生物活动旺盛,对生源要素的利用率较高;不同群落间贡献率也存在差异,一方面可能是因为不同植被下土壤养分在不同土层和根系分布的差异,以及环境条件差异使土壤中的微生物和植物对氮素竞争和利用不同造成的^[30]。另一方面也可能是由于不同生态系统中土壤有机质碳氮磷比不同,以及微生物的多样性和对氮素利用不同的原因^[31]。杨成德等人研究认为贫瘠土壤中微生物对养分的利用率较高,因而微生物量对土壤营养库的贡献率较低反应土壤相对较肥沃^[32]。但本研究中,除除芦苇(荻)群落与芦苇群落外,10—20cm 土层土壤微生物量碳、氮对土壤营养库的贡献率均低于表层土壤,这可能是因为次表层土壤通透性及水热条件较差,不利于

微生物活动,这也说明相比较生源要素而言,土壤结构更能限制微生物的活性与存量。

土壤含水量与微生物量呈极显著正相关,这与已有相关研究结果一致,但也有报道发现微生物量与土壤含水量呈显著负相关^[33]。李世清等人认为当土壤含水量小于 10.87% 时才对微生物量有显著影响,若大于此值则影响不显著^[31]。实际上在结构良好的土壤中,湿润土壤更有利于微生物生长,只有当含水量较高或淹水状态时会限制微生物生长和繁殖。微生物量与土壤有机质、氮及磷均呈良好正相关,表明湿地土壤中营养物质的积累对微生物活动及其重要,而这又取决于地表植被凋落物及植株残体的归还量与降解率。容重与土壤微生物量呈显著负相关,这与已有报道一致^[15,34]。实际上土壤结构对微生物活动影响极其显著,尤其在深层表现尤甚。Haynes 研究表明植被根系扰动能显著改善深层土壤结构,降低土壤致密性,进而提高微生物数量^[23]。全钾、速效钾及 pH 与微生物量关系不密切。这表明钾不是微生物活动的限制性生源要素,而 pH 对微生物量的影响更多取决于土壤质地、植物群落及 pH 值的变化幅度等^[35-36]。

地表植被状况决定了土壤微生物可利用的碳源及其他生源要素。不同植被类型的土壤中的微生物生物量差异很大。本研究中,微生物量碳、氮、磷与地表植物地上生物量呈显著正相关,这表明土壤微生物量主要取决于湿地地表植物凋落物的输入。土壤微生物量与地表植物多样性显示了负相关关系,其中微生物量碳与 Shannon-Wiener 植被达到显著性负相关。一般认为,自然生态系统在演替初期植被生物量与多样性均呈增长态势,而在后期由于种间竞争,植物多样性会下降^[37]。鄱阳湖湿地人为干扰较少,随着湿地植被呈顶级演替化趋势,土壤养分日渐积累,而由于竞争关系,植物物种减少,生物多样性降低,与微生物量呈负相关关系。

以上结果表明鄱阳湖典型湿地植物群落间土壤微生物量存在较大差异,植物凋落物量及其对土壤结构改变能力的不同是导致土壤微生物量差异的主要原因。土壤微生物量与土壤养分及地表植物群落特征具有良好的相关性,是湿地土壤质量的重要指标之一。

References:

- [1] Joergensen R G, Sehu S. Response of soil microorganisms to the addition of carbon, nitrogen and phosphorus in a forest Rendzina. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31: 859-866.
- [2] Spedding T A, Hamel C, Mehuys G R, Madramootoo C A. Soil microbial dynamics in maize growing soil under different tillage and residue management systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36: 499-512.
- [3] Yu S, Li Y, Wang J H. Study on soil microbial biomass as a bioindicator of soil quality in the red earth ecosystem. *Acta Pedologica Sinica*, 1999, 36(3): 413-422.
- [4] Jenkinson D S, Powlson D S. The effects of biocidal treatments on metabolism in soil V. A method for measuring soil biomass. *Soil Biology and Biochemistry*, 1976, 8: 189-202.
- [5] Fauci N F, Dick L P. Soil microbial dynamics: short and long term effects of inorganic and organic nitrogen. *Soil Science Society of American Journal*, 1994, 58: 801-806.
- [6] Zhu H H. Poyang Lake. Hefei: Chinese Science and Technology University Press, 1997: 1-3.
- [7] Millennium Ecosystem Assessment. Ecosystems and Human Well-being: Wetlands and Water Synthesis. Washington, DC: World Resources Institute, 2005: 67.
- [8] Wang X H. Evaluation on Wetland Ecosystem in Poyang Lake. Beijing: Science Press, 2005: 56-59.
- [9] Peng Y H, Jian Y X, Li R D. Community diversity of aquatic plants in the lakes of Poyang Plain district of China. *Journal of Central South Forestry University*, 2003, 23(4): 23-27.
- [10] Ocio J A, Brookes P C. An evaluation of methods for measuring the microbial biomass in soils following recent additions of wheat straw and the characterization of the biomass that develops. *Soil Biology and Biochemistry*, 1990, 22: 685-694.
- [11] Zhu L, Zhao Y W, Liu L M. Protective utilization and function estimate of wetlands ecosystem in Poyang Lake. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2004, 18(2): 196-200.
- [12] Min Q. Study on the relationship between shape, water regime and innings of Poyang Lake. *Advance in Water Science*, 2000, 11(1): 76-81.
- [13] Hedley M J, Stewart J W. Method to measure microbial phosphate in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1982, 14: 377-385.
- [14] Lin Q M, Wu Y G, Liu H L. Modification of fumigation extraction method for measuring soil microbial biomass carbon. *Chinese Journal of Ecology*, 1999, 18(2): 63-66.

- [15] Lu R K. Methods in a Cultural Chemical Analysis. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1999: 26-78.
- [16] Silvan N, Vasander H, Karsisto M. Microbial immobilisation of added nitrogen and phosphorus in constructed wetland buffer. *Applied Soil Ecology*, 2003, 24: 143-149.
- [17] Liu M Q, Hu F, He Y Q, Li H X. Seasonal dynamics of soil microbial biomass and its significance to indicate soil quality under different vegetations restored on degraded red soils. *Acta Pedologica Sinica*, 2003, 40(6): 937-944.
- [18] Joergensen R G, Seheu S. Response of soil microorganisms to the addition of carbon, nitrogen and phosphorus in a forest Rendzina. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31: 859-866.
- [19] Galicia L, Gareia O F. The effects of C, N and P additions on soil microbial activity under two remnant tree species in a tropical seasonal pasture. *Applied Soil Ecology*, 2004, 26(1): 31-39.
- [20] Zhao X L, Zhou G S, Zhou L, Lv G H, Jia Q Y, Xie Y B. Soil Microbial Biomass C in Bulrush Wetlands of Panjin, Northeast China. *Journal of Agro-Environment Science*, 2007, 26(S): 127-131.
- [21] Zhang J B, Song C C, Yang W Y. Effects of cultivation on soil micro biological properties in a freshwater marsh soil in Northeast China. *Soil Till Research*, 2007, 93: 231-235.
- [22] Hilima J, Huang C Y, Wu C F. Microbial biomass carbon trends in black and red soils under single straw application: Effect of straw placement mineral N addition and tillage. *Pedosphere*, 2002, 12(1): 59-72.
- [23] Haynes R J. Size and activity of the soil microbial biomass under grass and arable management. *Biological Fertilizer Soils*, 1999, 30: 210-216.
- [24] Peng Y H, Jian Y X, Li R D. Community Diversity of Aquatic Plants in the Lakes of Poyang Plain District of China. *Journal of Central South Forestry University*, 2003, 23(4): 22-27.
- [25] Zhang N L, Guo J X. Research on soil microbial biomass phosphorus in a *Carex diuruscula* community of Songnen meadow. *Acta Prataculturae Sinica*, 2006, 15(5): 19-24.
- [26] Yu W T, Zhao X, Jiang Z S, Li X Y, Ma Q, Zhou H. Effects of diferent fertilization system on microbial biomass carbon in aquic brown soil. *Chinese Journal of Ecology*, 2007, 26(10): 1574-1578.
- [27] Carmine C, Maddalena C, Antonella P, Patrizia R, Nunzia T, Pacifico R. Soil microbial dynamics and genetic diversity in soil under monoculture wheat grown in different long-term management systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39(6): 1391-1400.
- [28] Wu J G, Ai L. Soil microbial activity and biomass C and N content in three typical ecosystems in Qilian mountains. *China Journal of Plant Ecology*, 2008, 32(2): 465-470.
- [29] Wang W, Guo J X, Zhang B T. Seasonal dynamics of environmental factors and decomposition rate of litter in *Leymus chinensis* community in Songnen grassland in Northeast China. *Acta Prataculturae Sinica*, 2003, 12(1): 47-52.
- [30] Reddy K R, Angelo E M. Biogeochemical indicators to evaluate pollutant removal efficiency in constructed wetlands. *Water Science and Technology*, 2003, 12(1): 47-52.
- [31] Li S Q, Li S X, Zhang X C. Difference of soil microbial biomass nitrogen under different ecological systems. *Journal of Soil and Water Conserve*, 1999, 5(1): 69-73.
- [32] Yang C D, Long R J, Chen X R, Man Y R, Xu C L, Hui J J. Study on microbial biomass and its correlation with the soil physical properties under the alpine grassland of the east of Qilian Mountains. *Acta Prataculturae Sinica*, 2007, 16(4): 62-68.
- [33] Peng P Q, Zhang W J, Tong C L, Qiu S J, Zhang W C. Soil microbial biomass C, N and P contents and their relationships with soil physical properties in wetlands of Dongting Lake floodplain. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16(10): 1872-878.
- [34] Xue 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.
- [35] Joergensen R G, Seheu S. Response of soil microorganisms to the addition of carbon, nitrogen and phosphorus in a forest Rendzina. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31: 859-866.
- [36] Woodmansce R G, Duncan D A. Nitrogen and phosphorus dynamics and bodesges in annual green lands. *Ecology*, 1980, 61(4): 893-901.
- [37] Grierson P F, Adams M A. Plant species affect acid phosphates, ergosterol and microbial P in a jarrah forest in south-western Australia. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32: 1817-1827.

参考文献:

- [3] 俞慎, 李勇, 王俊华. 土壤微生物生物量作为红壤质量生物指标的探讨. *土壤学报*, 1999, 36(3): 413-422.
- [6] 朱海虹. 鄱阳湖. 台肥: 中国科技大学出版社, 1997: 1-3.
- [8] 王晓鸿. 鄱阳湖湿地生态系统评估. 北京: 科学出版社, 2005: 56-59.
- [9] 彭映辉, 简永兴, 李仁东. 鄱阳湖平原湖泊水生植物群落的多样性. *中南林学院学报*, 2003 23(4): 23-27.

- [11] 朱琳,赵英伟,刘黎明. 鄱阳湖湿地生态系统功能评价及其利用保护对策. 水土保持学报,2004,18(2):196-200.
- [12] 闵騫. 近 50 年鄱阳湖形态和水情的变化及其与围垦的关系. 水科学进展,2000,11(1):76-81.
- [14] 林启美,吴玉光,刘焕龙. 熏蒸法测定土壤微生物量碳的改进. 生态学杂志,1999,18(2):63-66.
- [15] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京:中国农业科技出版社,1999:26-78.
- [17] 刘满强,胡锋,何圆球,李辉信. 退化红壤不同植被恢复下土壤微生物量季节动态及其指示意义. 土壤学报,2003,40(6):937-944.
- [20] 赵先丽,周广胜,周莉,吕国红,贾庆宇,谢艳兵. 盘锦芦苇湿地凋落物土壤微生物量碳研究. 农业环境科学学报,2007,26(增刊):127-131.
- [24] 彭映辉,简永兴,李仁东. 鄱阳湖平原湖泊水生植物群落的多样性. 中南林学院学报,2003,23(4):22-27.
- [25] 张乃莉,郭继勋. 松嫩草甸寸草苔群落土壤微生物量磷的初步研究. 草业学报,2006,15(5):19-24.
- [26] 宇万太,赵鑫,姜子绍,李欣宇,马强,周桦. 不同施肥制度对潮棕壤微生物量碳的影响. 生态学杂志,2007,26(10):1574-1578.
- [28] 吴建国,艾丽. 祁连山 3 种典型生态系统土壤微生物活性和生物量碳氮含量. 植物生态学报,2008,32(2):465-470.
- [29] 王妮,郭继勋. 东北松嫩草地羊草群落环境因素与凋落物分解季节动态. 草业学报,2003,12(1):47-52.
- [31] 李世清,李生秀,张兴昌. 不同生态系统下土壤微生物量氮的差异. 水土保持学报,1999,5(1):69-73.
- [32] 杨成德,龙瑞军,陈秀蓉,满元荣,徐长林,惠婧婧. 东祁连山高寒草甸土壤微生物量及其与土壤物理因子相关性特征. 草业学报,2007,16(4):62-68.
- [33] 彭佩钦,张文菊,童成立,仇少君,张文超. 洞庭湖湿地土壤碳、氮、磷及其与土壤物理性状的关系. 应用生态学报,2005,16(10):1872-1878.
- [34] 薛箴,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(*Robinia pseudoacacia*)土壤微生物量演变特征. 生态学报,2007,27(3):909-917.