

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

唐玉姝, 王磊*, 贾建伟, 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 污染控制与资源化研究国家重点实验室 上海 200092)

摘要:为阐明促淤和堤内农业生产对长江口滩涂湿地土壤微生物呼吸(SMR)的影响,在崇明东滩和九段沙湿地设置3个典型区域,研究了人为扰动和自然状况下湿地SMR的差异性,并通过分析不同类型湿地土壤的微生物活性和环境因子阐明了导致SMR差异的主要原因。结果显示,促淤区现有湿地SMR强度($(0.41 \pm 0.22) \text{ mgCO}_2 \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$)高于自然状态区($(0.07 \pm 0.02) \text{ mgCO}_2 \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$),且差异达到了极显著水平($P < 0.01$);堤内不同农业生产模式导致的施肥强度差异对堤外湿地SMR也有一定影响。通径分析表明,促淤等人为扰动状态下湿地土壤微生物活性增强是导致其SMR较高的主要原因,其中土壤原核微生物多样性指数及蔗糖酶活性与SMR强度的关联性尤为显著。而促淤与堤内化肥施用所引起的已有滩涂湿地土壤环境条件的改变,特别是土壤含水量下降和无机氮含量增高是导致其微生物活性发生改变的重要原因。总体而言,促淤和堤内高强度施肥的农业生产模式一定程度上会增强堤外现有滩涂湿地的SMR,从而弱化其碳汇功能。

关键词:崇明东滩;九段沙;通径分析;微生物活性

The effect of artificial disturbance such as siltation promotion on soil microbial respiration of tidal wetlands in the Yangtze River estuary

TANG Yushu, WANG Lei*, JIA Jianwei, 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: The effect of siltation promotion and the agricultural utilization mode of the inlying land on soil microbial respiration (SMR) in tidal wetlands of the Yangtze River estuary were investigated. Three typical zones in Chongming Dongtan and Jiuduansha, located near the Yangtze River estuary, were studied to determine the variability of SMR in natural and artificially disturbed wetland areas. The causes of the differences in SMR were also studied by analyzing microbial activity and physical-chemical characteristics of the different wetland soils. Results showed that the SMR of the existing wetland in the siltation promotion zone was significantly higher ($P < 0.01$) than that of the natural zone. Different agricultural practices on the inlying land also affected the SMR of the tidal wetlands. Higher soil microbial activity in the artificially disturbed tidal wetland may be the main cause of its high SMR. Path analysis indicated that the correlation between soil prokaryotic microorganism diversity, invertase activity and SMR were especially prominent. Siltation promotion and agricultural utilization of the inlying land leading to a change in soil structure and characteristics of the existing tidal wetland, such as decrease of water capacity and increase of inorganic N, may be important reasons for the differences in soil microbial activities between the artificially disturbed and the natural tidal wetland. All of the results indicated that siltation promotion and agricultural production on the inlying land would enhance SMR of the existing wetland, thus decreasing its carbon accumulation capability. The investigation provided useful guidance for wetland protection schemes and the better utilization of tidal areas in the Yangtze River estuary.

基金项目:国家科技部科技支撑重大项目(2006BAC01A14);上海市科委重点科技攻关项目(06DZ12302; 072312032)

收稿日期:2009-07-02; **修订日期:**2009-11-27

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

Key Words: Chongming Dongtan; Jiuduansha wetland; path analysis; microbial activity

三角洲湿地作为海岸带的核心和关键点,是陆海相互作用和人类活动响应最敏感的生态交错带^[1],也是该类地区大型城市拓展生存空间的主要后备土地资源。随着人口与经济的发展,建设用地迅速增加,人地矛盾越来越尖锐^[2]。故促淤围垦造地被许多沿海城市视为解决土地短缺问题的出路所在。与此同时,三角洲地区作为宝贵的湿地资源,其重要的生态环境功能也逐渐引起沿海国家和地区的广泛关注。诸多研究表明,大规模促淤围垦对滨海湿地潮滩地貌发育和生态系统影响很大^[3-4];促淤导致现有滩涂湿地渍水时间明显缩短,土壤通透性增加,土壤湿度减小,植被种类及数量改变等^[5];已围垦的堤内土地往往作为农业用地,农业生产中大量施用的氮磷等营养盐也可能随着雨水径流而扩散到堤外潮滩。这些均会对大堤外到促淤区之间现有湿地的土壤结构、特性及微生物活性产生一系列影响^[6-7]。

土壤呼吸是土壤碳库输出的主要途径,其中 SMR 是土壤呼吸的重要组成部分。国内外专家学者已针对 SMR 进行了一些研究,主要包括农药和重金属等外源类污染物对 SMR 强度的影响^[8-9]、不同肥料配施条件下 SMR 的变化情况^[10],以及 SMR 在评价土壤质量方面的作用和贡献等^[11]。近年来,随着土壤碳库在全球变化研究中的地位日益突出,SMR 对全球变化特别是 CO₂ 浓度升高的影响也成为研究热点之一^[12]。由于较低的土壤呼吸强度,湿地植物净同化的碳仅有 15% 再释放到大气中,这表明一个自然的未受人类活动扰动的湿地通常是一重要“碳汇”^[13]。因此在目前全球气候变化的大背景下,湿地碳汇功能及湿地土壤呼吸和碳通量研究方兴未艾^[14-15]。然而关于促淤等人为扰动对滩涂湿地 SMR 的影响的研究甚少。一旦受到促淤等人类活动的扰动,现有湿地土壤的性质可能发生变化而使 SMR 改变,从而影响湿地土壤的碳平衡,最终影响到湿地的碳汇功能。

长江河口湿地对该地域微气候调节有非常关键的作用,是上海最重要的生态屏障,在上海经济社会和生态环境建设中有着特殊的战略地位。目前关于长江口滩涂湿地生态功能的研究,主要集中在生物多样性保护、鸟类迁徙和栖息地变更、鱼类保护以及植被的储碳固碳能力变化等^[16-18]。而促淤围垦等人为扰动以及内陆农业生产模式对长江口现有湿地 SMR 的影响未见有详细报道。为此,本研究选择长江口最具有代表性的两大国际重要湿地——崇明东滩和九段沙作为研究对象,设置了 3 个典型区域,通过比较自然及促淤等人为扰动状况下湿地 SMR 及其土壤微生物活性和土壤理化性质的差异,阐明促淤等人为扰动对长江口滩涂湿地 SMR 的影响效应及其微生物学机制。研究结果将为合理保护与利用长江口滩涂湿地,提升其社会经济价值提供理论指导和决策依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

崇明东滩和九段沙湿地均地处长江口,位于北纬 31°06′—31°30′,东经 121°04′—121°53′之间。属北亚热带海洋气候,气候湿润,年均温 15℃左右,年均降水约 1100mm。植被以芦苇(*Phragmites australis*)、海三棱藨草(*Scirpusma riquer*)和互花米草(*Spartina alterniflora*)为主。崇明东滩是长江口地区最大的河口型潮汐滩涂湿地,也是我国淤涨幅度最大的潮滩湿地。尽管总体上呈净淤积态势,但淤积主要发生在近岸,岸外则有冲有淤,表现为南塌北涨。20 世纪 90 年代,东滩先后进行了 2 次大规模围垦,分别形成两条大堤:1992 年围垦大堤和 1998 年围垦大堤。1998 年大堤外区域为自然滩涂,堤内有农业生产。目前东滩南部局部地区筑有促淤坝。九段沙位于崇明东滩东南侧,正以 400 多米每年的速度快速淤涨。与崇明东滩不同的是,九段沙目前基本保持原始河口沙洲地貌及发育过程,属于原生态滩涂湿地,被称为“上海最后的处女地”。

1.2 样区设置与样品采集

根据受到人为扰动的不同情况设置了 3 个代表性样区(1 区、2 区和 3 区)见图 1。所选的 3 个样区农业生产类型(施肥强度)、冲淤与促淤情况有较大差异,各具一定的代表性,便于研究不同人为扰动对滩涂湿地

SMR 的影响。

1 区 位于崇明东滩团结沙,属海岸冲刷带。为促进滩涂淤涨,光滩处筑有促淤坝。潮滩植被以芦苇为主;堤内为村民承包的水稻田,施肥强度高;

2 区 位于崇明东滩东旺沙,属海岸淤涨带。光滩处无促淤坝。潮滩植被以芦苇为主,近光滩处分布有芦苇/蘆草混合群落,并混有少量互花米草;堤内为连片鱼塘,施肥强度低。

3 区 位于九段沙下沙,处于自然原始状态。高程低,人迹罕至,沙洲淤涨速度快。植被主要为海三棱藨草、互花米草和芦苇,其分布符合一定的“高程植物群落”模式^[19]。

于 2007 年 4、7、9 和 12 月在崇明东滩 1、2 号区采样,各样区均设置 3 条平行样线(间隔 100 m),每条样线沿高、中、低潮带分别设置 3 个取样点(样点均处于光滩和大堤之间的潮滩植被区,属自然生态系统),样点间距约为 100—200 m,每季各 18 个样。于 2008 年 4、7、9 和 12 月在 3 号区采样,沿九段沙下沙潮沟,择高、中、低不同演替阶段(芦苇 & 互花米草区、海三棱藨草 & 互花米草区、海三棱藨草区)的 3 个点作为研究对象。样点间距约为 500—600 m,每个点间隔 50m 取 3 个平行样,每季各 9 个样。采用梅花形布点法(2 m × 2 m),取其次表层土(−5—−20 cm)混合均匀,四分法取出约 1 kg 装入自封袋,风干碾磨过筛后储于 4℃ 备用。其中部分新鲜土样用于 SMR 及原核微生物群落结构分析。

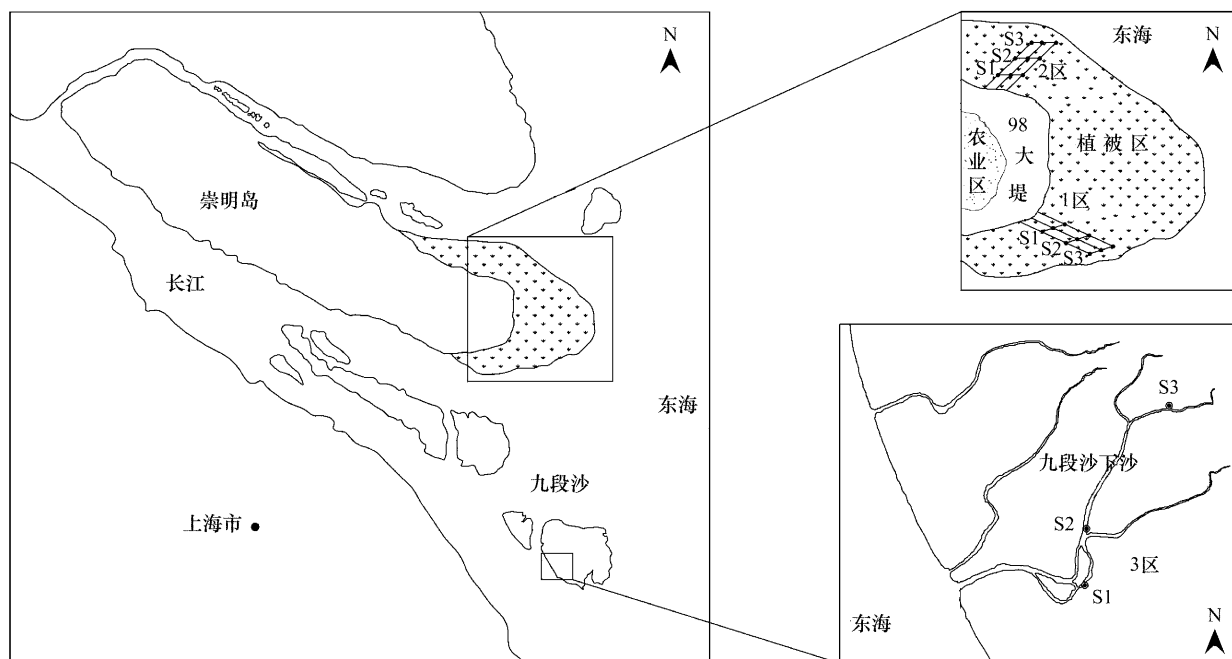


图 1 崇明东滩和九段沙湿地采样点示意图

Fig. 1 Sketch map of study areas in east beach of Chongming Island and Jiuduansha wetland

1.3 样品分析

SMR 室内培养法^[20],新鲜土样去根后进行培养,气相色谱测定单位时间内微生物分解释放的 CO_2 量。其中气相色谱(GC-14B, SHIMADZU)采用 10m × 2mm 的不锈钢色谱柱, TCD 检测器,柱温、进样口及检测器温度分别为 40℃、40℃ 和 90℃。载气为 N_2 ,流速为 $30\text{mL} \cdot \text{min}^{-1}$ 。取微生物生长代谢适应期至对数增长期的一段,检测计算单位干土单位时间的 CO_2 释放量以表征 SMR。

土壤蔗糖酶活性 3,5-二硝基水杨酸比色法^[21],其活性以 24h 后 1g 土壤葡萄糖的毫克数表示。该方法以蔗糖为基质,根据葡萄糖与 3,5-二硝基水杨酸反应生成的黄色产物,于分光光度计 508nm 处比色确定土壤蔗糖酶活性。

土壤可检测微生物总数(CFU) 稀释平板法^[22]。好氧性细菌与厌氧性细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂,于 37 ℃ 分别于培养箱和厌氧工作站内(Thermo Forma 1029)培养 2 d、3 d 后计数。

土壤有机碳:总有机碳分析仪(日本岛津 TOC-VCN)测定。平行样绝对误差不超过 5%。

土壤原核微生物多样性分析 土壤样品总 DNA 的提取用美国 OMIGA 公司的土壤样品总 DNA 小量提取试剂盒。提取物 16SrDNA 在 V3 区进行巢式 PCR 扩增:先以 8 f(5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'), 1492 r(5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3') 作为引物;再以 PCR 产物为模板,以 341 f(5'-CGCCGCGCGCGCGGCGCGGGCGGGGCGGGGGCACGGGGGGCCTAGGGGAGGCAGCAG-3') 和 534 r(5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3') 作为引物。反应条件为:94 ℃ 3 min;94 ℃ 30 s、56 ℃ 30 s、72 ℃ 50 s,30 个循环;72 ℃ 延伸 10 min。扩增产物采用变性梯度凝胶电泳(DGGE)进行电泳。电泳仪 D-Code system(Bio-Rad,美国伯乐公司),变性剂梯度为 35%—65%。

其它土壤理化指标(含水量、容重和无机氮等)采用常规方法测定^[23]。

1.4 数据处理

各样点数据均按 4 个季节、3 个平行样的平均值计算。数据的统计分析由 SPSS v16.0 软件完成:采用 One-way ANOVA 进行单因素方差分析、Duncan 法进行多重比较。通径分析由 DPS v9.50 完成。

原核微生物群落结构分析采用 Smart view(上海复日科技)扫描分析 DGGE 电泳条带中的光密度值及条带数,根据各样品在 DGGE 指纹图谱中的表现用 Shannon-Weiner 指数(Shannon-Weiner Index)来计算其群落多样性。计算公式为:

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \lg P_i$$

式中, S 为 DGGE 胶中条带数量; P_i 为第 i 条带灰度占该样品条带总灰度的比率。

聚类分析采用非加权配对算术平均法(UPGMA)由 Quantity One v4.6.2 (Bio-Rad) 完成。

2 结果与讨论

2.1 促淤等人为扰动对现有滩涂湿地 SMR 的影响

土壤呼吸指土壤由于代谢作用而释放 CO_2 的过程,包括 3 个生物学过程(植物根系呼吸、SMR 和土壤动物呼吸)和一个非生物学过程(少量的土壤有机物氧化而产生 CO_2)^[24]。在这些组分中,SMR 对大气 CO_2 浓度的变化有重要贡献^[25]。其强度能反映土壤中有机质分解和有效养分的状况,以及生态系统中能流物流的动态过程及方向^[26]。

由图 2 可知,1 区的平均 SMR ($(0.41 \pm 0.22) \text{ mgCO}_2 \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$) 高于 2 区 ($(0.08 \pm 0.02) \text{ mgCO}_2 \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$) 与 3 区 ($(0.07 \pm 0.02) \text{ mgCO}_2 \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$),且差异达到了极显著水平;2、3 区之间差异不显著。1 区和 2 区堤内农业利用模式的施肥强度有差异,同时 2 区没有促淤,3 号区是纯自然湿地。综合分析三者的平均 SMR 强度,可发现促淤会极大提高现有滩涂湿地的 SMR。这可能是由于促淤坝阻隔潮水,导致坝内湿地滞水时间较少,增加了土壤的通透性^[27],从而引起了一系列土壤理化及生物因子的变化,最终增强了 SMR。而堤内农业施肥强度的差异也可能是影响堤外湿地的 SMR 的因素之一。

3 区的土壤有机碳含量也体现了 SMR 的差异。如图 3 所示,1 区土壤平均有机碳含量 ($(4.03 \pm 1.21) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$) 极显著低于 2、3 区 ($(9.02 \pm 2.85) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, $(10.88 \pm 5.31) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$);2、3 区之间差异不显著。湿地生

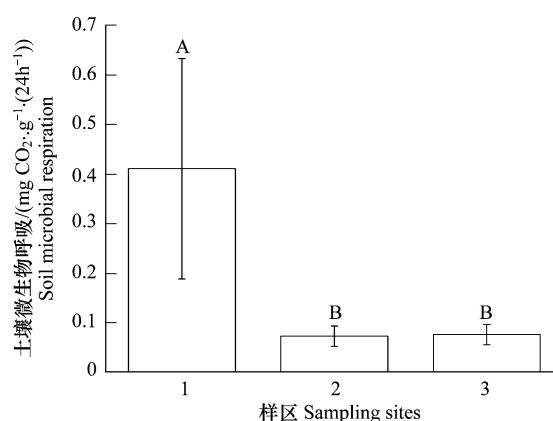


图 2 样区 SMR

Fig. 2 Soil respiration in the study areas

不同大写字母表示极显著性差异水平, $P < 0.01$

态系统碳循环中,植物通过光合作用捕获大气中的碳素储于体内,并在死亡后形成沉积物有机质,再经微生物呼吸分解向大气释放 CO_2 ;呼吸作用越强,分解后遗留下的有机碳含量越少。而本研究中,在各区由植被凋亡所导致的有机碳输入量基本相似的情况下(1区: $1.74 \text{ kg} \cdot \text{m}^{-2}$;2区: $1.90 \text{ kg} \cdot \text{m}^{-2}$;3区: $1.78 \text{ kg} \cdot \text{m}^{-2}$)^[28],3区土壤有机碳含量却有显著差异,这就说明不同人为扰动下的湿地土壤有机碳输出量显著不同。1区输出效率高于2、3区,即1区的SMR极显著高于2、3区。

2.2 湿地土壤微生物活性的差异性及其对SMR的影响

虽然对土壤呼吸的研究通常都是在样地和生态系统尺度上进行测定,并最终对其在区域及全球尺度碳循环中所起的作用感兴趣,但从根本上来说,呼吸作用是一个生物化学过程,它发生在植物、动物和微生物等所有生物体的细胞中^[29]。土壤微生物活性,如微生物生物量和微生物种群结构以及土壤酶活性等与SMR有着密切关系^[30],故从微生物活性角度分析影响SMR的主要因素,阐明导致其差异的微生物学机制,对于深入了解促淤等人为扰动对现有滩涂湿地SMR的影响具有重要意义。

2.2.1 湿地土壤微生物活性

如图4所示,3区的平均土壤微生物细菌总数($5.59 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)较1和2区略低($1.13 \times 10^7 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$, $1.15 \times 10^7 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)。表明促淤和农业生产可导致土壤微生物量有所上升,但差异并不显著。如图5所示,1、2区的平均蔗糖酶活性($(11.12 \pm 0.78) \text{ mg 葡萄糖} \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$, $(11.18 \pm 0.54) \text{ mg 葡萄糖} \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$)极显著高于3区($(3.30 \pm 0.48) \text{ mg 葡萄糖} \cdot \text{g}^{-1} \cdot 24\text{h}^{-1}$),而1、2区之间的蔗糖酶活性无显著差异。这表明促淤和农业生产过程可显著影响堤外滩涂植被区土壤的蔗糖酶活性。

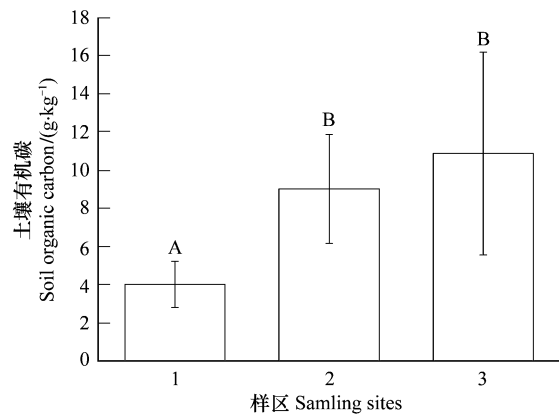


图3 样区土壤有机碳

Fig.3 Soil organic carbon in the study areas

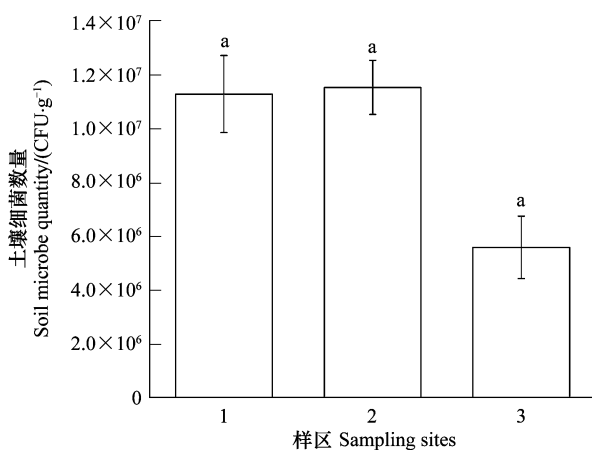


图4 样区湿地土壤细菌总数

Fig.4 CFU in the study areas

不同大写字母表示极显著性差异水平, $P < 0.01$; 不同小写字母表示显著性差异水平, $P < 0.05$

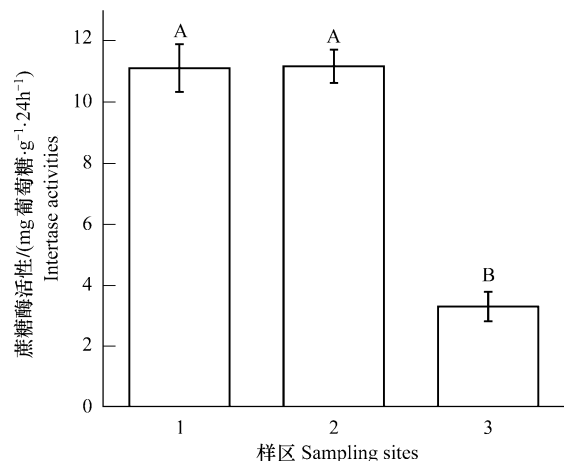


图5 样区湿地土壤蔗糖酶活性

Fig.5 Soil invertase activities in the study areas

图6和表1分别为样区湿地土壤原核微生物16S rDNA的PCR-DGGE指纹图谱和原核微生物多样性指数。PCR-DGGE图谱中处于不同位置的每条DNA带及其相对亮度代表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,可定性说明土壤微生物群落结构特征。

由图 6 可知,3 区 DGGE 图谱中电泳条带数目、强度和迁移率均存在一定程度的差异,且共有条带的亮度亦有差异。说明不同人为扰动和自然状态下的湿地土壤既有共同的优势种群也有各自特有的种群,而且共有种群的丰度也有差异,这表明不同土壤微生物的群落结构有明显差别。从表 1 Shannon 指数总和可以发现,3 区土壤的原核微生物多样性总体是最高的,2 区次之,1 区最低。结合 1 区较高的微生物量和较高的蔗糖酶活性,可以推测 1 区土壤的水土环境条件适合某些微生物种的代谢和大量繁殖,进而抑制了其他生长缓慢的微生物的存在,造成微生物种群的减少和绝对数量的增加。

聚类分析(图 7)表明,除了 b 号(1 区 2 号点)和 f 号(2 区 3 号点)外,3 区土壤微生物分异明显。进一步观察可知,1 区土壤微生物为一大族群,2、3 区土壤微生物为另一大族群,这说明 1 区与其它两区的差别更明显。这也再次证明促淤过程显著改变了已有滩涂湿地土壤原核微生物群落结构。1 区中那些与 2、3 区有差异的微生物种可能具有较强的异养代谢能力,从而促进 SMR。

表 1 样区湿地土壤微生物 PCR-DGGE 指纹图谱分析

Table 1 The analysis on PCR-DGGE fingerprinting of soil microbe in wetlands

试验区 Area	样点编号 Sampling sites	DGGE 条带数 Bands of DGGE	Shannon 指数 Shannon index
1	S ₁	31	2.43
	S ₂	30	2.91
	S ₃	42	4.16
2	S ₁	51	4.17
	S ₂	32	2.88
	S ₃	43	3.54
3	S ₁	53	4.42
	S ₂	50	5.39
	S ₃	57	6.03

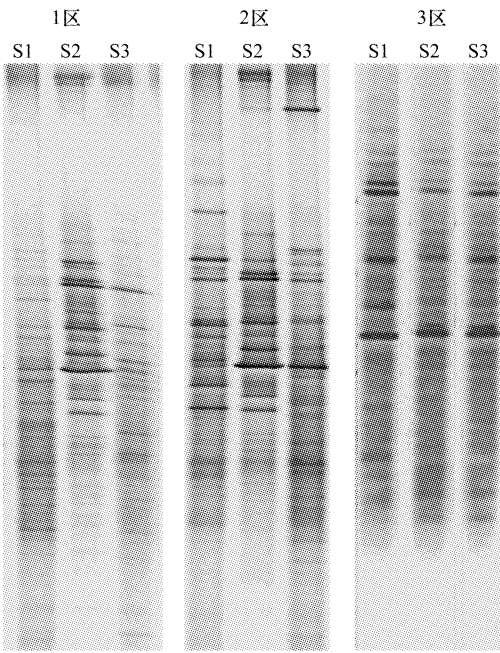


图 6 PCR-DGGE 指纹图谱

Fig. 6 PCR-DGGE fingerprinting of soil microbe

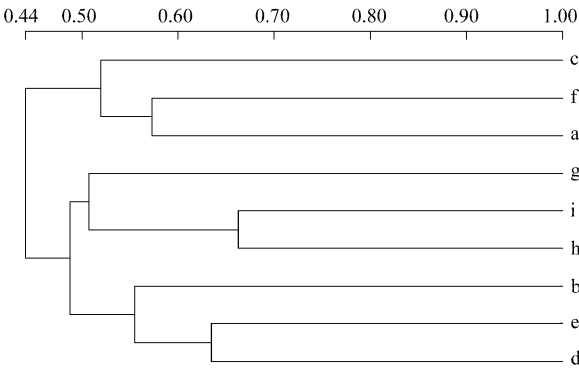


图 7 DGGE 图谱条带聚类树状图

Fig. 7 The Cluster analysis of PCR-DGGE fingerprinting of soil microbe

a—c 代表 1 号区样点, d—f 代表 2 号区样点, g—i 代表 3 号区样点

上述结果表明,人为扰动状态下的土壤 CFU 和蔗糖酶活性均高于自然状态下的 3 区,而原核微生物多样性明显低于 3 区,这些微生物活性的差异可能是导致人为扰动状态和自然状态湿地 SMR 差异的重要原因。考虑到两类湿地土壤可培养微生物数量上的差异并不显著,因此土壤原核微生物种群结构和蔗糖酶活性的差异可能是导致 SMR 差异的主要原因。

2.2.2 土壤微生物因子对 SMR 的通径分析

为量化分析影响 SMR 的主要微生物活性指标,采用通径分析研究了各微生物活性因子与 SMR 的相关性。通径分析不仅能测定变数间的相互关系,还能给出原因对结果的重要性,并可将相关系数分解为直接作用和间接作用,提示各个因素对结果的相对重要性^[31]。

由表 2 可知,微生物因子对 SMR 的作用次序为 Shannon 指数 > 蔗糖酶活性 > CFU(表中带下划线者为直

接通径系数)。香农指数对 SMR 的直接通径系数最大,并通过蔗糖酶活性和 CFU 对 SMR 的负向效应有所加强,虽然总体而言这种间接效应较小。故 Shannon 指数对 SMR 具有最强的负向直接相关性,是 SMR 的主要决定因素。Shannon 指数越小,原核微生物多样性越少,SMR 越强。这与徐华勤等^[32]研究长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响得到的结论类似。

蔗糖酶活性对 SMR 有较强正效应,并通过 CFU 对 SMR 的间接影响得到了加强。许多研究表明,蔗糖酶活性与土壤养分状况及 SMR 密切相关^[14,33]。张承娥^[34]等研究黄土塬区果园套种对土壤微生物及酶活性的影响后发现,土壤蔗糖酶活性增加会使 SMR 加强。余慎^[35]等对红壤茶树根层土壤基础呼吸作用和酶活性的研究结果亦表明蔗糖酶活性与 SMR 的变化趋势有一定的相关性。CFU 对 SMR 的直接通径系数较小,通过其它因素对蔗糖酶活性的间接通径系数之和也较小,说明本研究情况下 CFU 对 SMR 的直接效应和间接效应都较小。

通经分析结果表明,原核微生物多样性对 SMR 的表观影响最大,其次为蔗糖酶活性,CFU 的贡献则较小。这与前面关于土壤原核微生物活性和蔗糖酶活性的差异性是导致 SMR 差异主要原因的分析结果基本一致。以上结果表明,促淤等人为扰动改变的主要是土壤微生物的种类和结构。堤外现有滩涂土壤的原核微生物种类和自然状态湿地有较明显差异,且群落多样性下降。结合两者土壤 CFU 差异的不显著性,可以推测 1 区现有滩涂湿地土壤优势菌群的代谢能力更强,从而导致 1 区湿地 SMR 显著增强。土壤原核微生物群落与土壤微生物活性密切相关,种群的改变往往导致微生物代谢作用随之改变,影响到土壤碳贮量及 CO₂ 的排放,从而对全球大气温室气体含量产生影响。有关不同类型湿地土壤微生物结构和种类的具体差异及优势菌鉴定正在研究之中。

表 2 微生物因子对 SMR 的通径系数

Table 2 The path analysis of soil microbial respiration

因变量 Dependent variable	自变量 Independent variable	蔗糖酶活性 Invertase activity	CFU	Shannon 指数 Shannon Index	总和 Total
SMR	蔗糖酶活性 Invertase activity	0.4181	0.0182	-0.0836	0.3527
	CFU	0.0165	0.0147	-0.0015	0.0297
	香农指数 Shannon Index	-0.0444	-0.0311	-0.6912	-0.7667

2.3 湿地土壤理化性质的差异性及其与微生物活性的相关性

土壤微生物活性对 SMR 起直接作用,而这些生物过程又受到一系列包括湿度、容重和土壤养分等非生物因子的影响。为此研究了不同状况下湿地土壤的理化因子及其与微生物活性的关系,以明确理化因子对 SMR 的作用及贡献。

2.3.1 湿地土壤的理化性质

由图 8 可知,1 区土壤平均含水量($(0.23 \pm 0.03)\%$)极显著低于 2、3 两区($(0.33 \pm 0.07)\%$, $(0.32 \pm 0.04)\%$),2、3 区之间含水量无显著性差异。表明 1 区促淤后,由于现有滩涂渍水时间明显缩短,导致含水量低于 2、3 区。

由图 9 可知,3 个区的平均容重有极显著的差异:1 区($(1.35 \pm 0.05) \text{ mg} \cdot \text{m}^{-3}$) < 2 区($(1.56 \pm 0.06) \text{ mg} \cdot \text{m}^{-3}$) < 3 区($(1.75 \pm 0.05) \text{ mg} \cdot \text{m}^{-3}$)。土壤容重综合反映了土壤固体颗粒和土壤孔隙的状况,容重小,表明土壤比较疏松,孔隙多。1 区堤外滩涂由于受到促淤(滞水时间减少)和堤内农业生产(水稻生产过程中大量使用的化肥扩散进入堤外植被覆盖区湿地)的干扰,土壤团聚体直径、质地及有机质含量均异于 2、3 区,容重也显著偏低。

如图 10 所示,1 区土壤平均无机氮含量($(12.34 \pm 6.53) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)极显著高于 2、3 区($(5.08 \pm 3.05) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, $(6.60 \pm 0.82) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$),2、3 区之间差异不显著。崇明东滩堤内围垦湿地不同农业生产模式下化肥的使用量有显著差异。1 区堤内主要种植水稻,化肥使用量多;2 号区堤内主要是鱼塘,化肥使用量很低;3

区则无化肥使用。雨水径流作用导致堤内土壤中的残留氮素扩散进入堤外滩涂,使得 1 区堤外土壤中无机氮的含量显著高于 2、3 区。

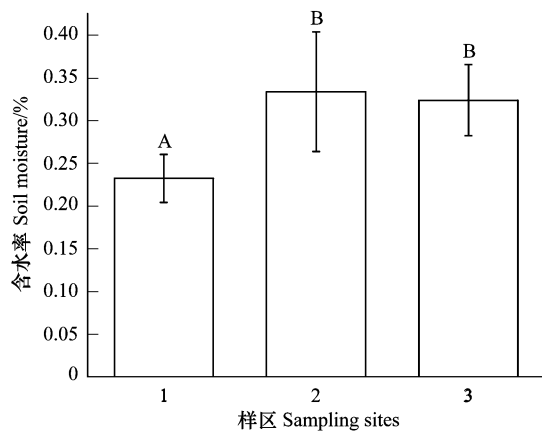


图 8 样区湿地土壤含水量

Fig. 8 Soil water capacity in the study areas

不同小写字母表示显著性差异水平, $P < 0.05$; 不同大写字母表示极显著性差异水平, $P < 0.01$

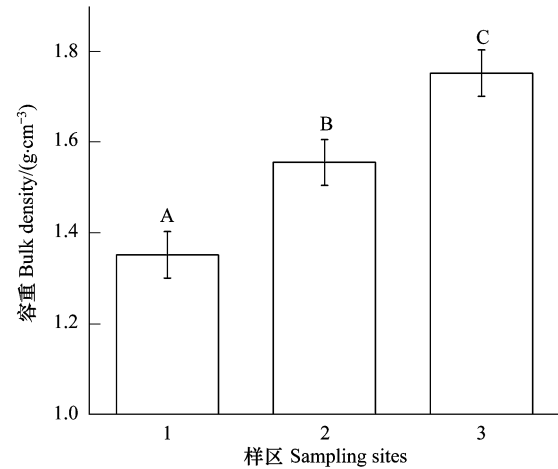


图 9 样区湿地土壤容重

Fig. 9 Soil bulk density in the study areas

2.3.2 土壤理化因子对微生物活性因子的通径分析

土壤理化因子通过影响土壤微生物活性而间接影响 SMR。通径分析有助于找到影响土壤微生物活性的关键理化因子,从而更加明确各自的影响效应。

由于 CFU 对 SMR 的影响较小,故不再考虑理化指标对其的影响。由表 3 可知,理化因子对 Shannon 指数的作用次序为无机氮 > 含水量 > 容重。无机氮的直接通径系数最大,为负向作用,且通过其他间接因素使其对 Shannon 指数的影响得到了加强。这也证明堤内农业生产中的肥料施用会导致堤外滩涂土壤中原核微生物群落结构多样性下降。因为土壤 N 素除了直接影响土壤化学组分,还能改变土壤物理性状,影响地上植被生长,从而影响土壤原核微生物群落结构。Sarithchandra 等^[36]研究发现,施用尿素后土壤微生物功能多样性(Biolog 方法)显著降低。此外无机氮肥的施入容易引起作物根际 pH 的变化,从而影响土壤原核微生物群落多样性。

从绝对值看,无机氮、含水量和容重对 Shannon 指数的影响都很大。含水量的正直接通径系数最大,说明含水量对 Shannon 指数具有最强烈的正向直接影响。刘岳燕等^[37]研究了水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响后发现,含水量的不同导致了微生物种群组成和活性发生了较大变化。Schimel 等^[38]对桦树凋落物分解过程中湿度对微生物活性和群落结构的影响进行研究后发现,潮湿和干燥的时间长度对微生物群落结构和 SMR 影响很大。

对蔗糖酶活性而言,理化因子对其作用次序为含水量 > 无机氮。容重对蔗糖酶活性的影响未通过逐步回归,故其影响可能较小。尽管受到无机氮对蔗糖酶活性作用的正向抵消,含水量对蔗糖酶活性的负向直接影响仍最大。有研究表明,一定范围内,土壤湿度较大时,酶活性较高;但土壤水分过多和过低均不利于土壤生

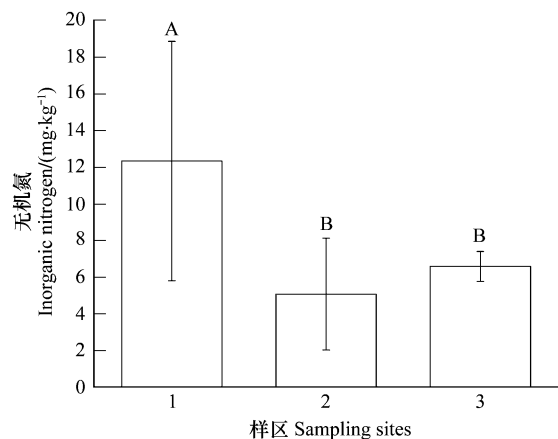


图 10 样区湿地土壤无机氮

Fig. 10 Soil inorganic carbon in the study areas

物生长和繁衍,因为这样会减少土壤酶的来源而造成酶活性降低。无机氮对蔗糖酶活性则表现为明显的正向影响,证明较高的土壤含氮量可促进蔗糖酶的活性。已有的研究也表明施用化肥能促进土壤中与碳代谢相关的酶的活性^[39]。因为氮素不仅是土壤酶的组成部分,而且累积在土壤有机质中的氮还决定了酶进入土壤的数量。李东坡等^[40]研究了长期定位培肥黑土土壤蔗糖酶活性动态变化及其影响因素,也证明无机氮对蔗糖酶活性有一定影响。

综上所述,SMR 的主要直接影响因素为原核微生物多样性和蔗糖酶活性。而影响土壤原核微生物多样性的主要因素为土壤无机氮、含水量和容重,影响土壤蔗糖酶活性的为土壤含水量和无机氮含量,则可知含水率和无机氮含量是影响 SMR 的主要间接因素。由以上分析可知,促淤坝的构建减少了现有滩涂湿地的滞水时间和土壤含水率,堤内化肥使用强度高的农业生产模式则提高了堤外现有湿地土壤含氮量;现有滩涂湿地土壤原核微生物种群结构和蔗糖酶活性因此而发生改变,最终强化了 SMR。

表 3 理化因子对微生物因子的通径系数
Table 3 The path analysis of soil biological factors in Jiuduansha wetland

因变量 Dependent variable	自变量 Independent variable	无机氮 Inorganic N	含水量 Water capacity	容重 Bulk density	总和 Total
香农指数 Shannon Index	无机氮	-0.3128	-0.0582	-0.1083	-0.4793
	含水量	-0.0752	0.3611	0.1633	0.4492
	容重	-0.0668	0.1695	0.3136	0.4163
蔗糖酶活性	无机氮	0.3324	-0.0877		0.2447
Invertase Activity	含水量	0.0072	-0.4796		-0.4724

3 结论

根据上述研究结果,可以得出以下结论:

(1)促淤过程对长江口现有湿地 SMR 产生显著影响,同时堤内不同农业生产模式导致的施肥强度差异也对堤外滩涂湿地的 SMR 有一定影响;

(2)自然和促淤等人为扰动状况下湿地土壤微生物活性的差异是导致各类滩涂湿地 SMR 强度差异的主要原因,其中土壤原核微生物多样性和蔗糖酶活性是影响长江口滩涂湿地 SMR 的关键因素;

(3)促淤和堤内农业生产过程中过量使用化肥等因素,导致堤外现有滩面滞水时间减少、土壤含水率下降、土壤含氮量增加,从而显著激活堤外潮滩的土壤微生物活性,最终强化了 SMR;

(4)局部区域高强度促淤和堤内不合适的农业生产模式(高强度化肥使用量)容易导致长江口现有滩涂湿地土壤特性和结构的失衡,并强化堤外现有滩涂湿地 SMR,从而弱化滩涂湿地的碳汇功能。因此在促淤和堤内农业生产过程中不仅要考虑促淤和农业产出效率,还要考虑其对现有湿地生态效应的影响,才能获得经济效益和环境效益的双赢。发展生态促淤技术和生态农业是未来的方向。

致谢:感谢同济大学环境科学与工程学院朱际凡、赵鹏源、孟一平和许光红等同学在采样制样过程中提供的帮助。

References:

- [1] Fan Y. Investigation on the Application of Submerged Dyke in Project of Bench Protection and Siltation Promotion. Qingdao: Ocean University of China,2008: 3.
- [2] Li M T, Chen Z Y, Li G. Erosion-deposition analysis on east nanhui tidal flat of Yangtze River estuary and scientific decision borderline about accelerating reclaim and making land. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2004,13(4): 365-369.
- [3] Gao Y, Zhao B. The effect of reclamation on mud flat development in Chongming Island, Shanghai. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2006, 22(8): 475-479.
- [4] Wang L,Li J,Yang J, Zhang T, Cai Y L. Analysis of the landscape pattern change and the influence caused by diking and development activities in estuarine tidal flat wetland. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2008,36(23): 10131-10134.
- [5] Liu S H, Fang J Y. Effect factors of soil respiration and the temperature's effects on soil respiration in the globe scale. Acta Ecologica Sinica,

- 1997,17(5):469-476.
- [6] Zhang C. Environmental effect and control countermeasure of non-point pollution in Chinese rural. *Environmental Science Trends*, 2001,(4):10-13.
- [7] Quan W M, Yan L J. Effects of agricultural non-point source pollution on eutrophication of water body and its control measure. *Acta Ecologica Sinica*,2002,22(3):291-299.
- [8] Fu J L, Yang W J. Effects of pesticides of soil phosphatase activity and respiration of soil microorganisms loquat orchard. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*,2007,15(6):113-116.
- [9] Xu R F, Jiang X J, Zhang Y Q. Effect of carbendazim on respiration of soil microb. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2005,(8):66-69.
- [10] Liu M, Li Z P, Lu L, Che Y P. Changes in soil respiration and microbial functional diversity of paddy soil under different fertilizer amendments. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009,42(3):1108-1115.
- [11] Cao X, Jin L L. Advances of the studies on soil respiration in farmland ecosystems. *Modern Agricultural Technology*, 2008(22):156-159.
- [12] Zhou Y M, Han S J, Zheng J Q, Xin L H, Zhang H S. Effects of elevated CO₂ concentrations on soil microbial respiration and root/rhizosphere respiration in forest soil. *Journal of Plant Ecology(Chinese Version)*, 2007, 31(3):386-393
- [13] Brix H, Sorrell B K, Lorenzen B. Are phragmites-dominated wetlands a net source or net sink of greenhouse gases? *Aquatic Botany*,2001,69(2/4):313-324.
- [14] Xie Y B, Jia Q Y, Zhou L, Li R P, Lu G H. Soil respiration and its controlling factors at *Phragmites communis* wetland in Panjin. *Journal of Meteorology and Environment*,2006,22(4):53-58.
- [15] Yang J S, Liu J S, Sun L N. CO₂-release rate of soil respiration and litter decomposition of meadow marshes in Sanjiang Plain. *Acta Ecologica Sinica*, 2008,28(2):805-810.
- [16] Ge Z M, Wang T H, Shi W Y, Zhou X. Seasonal change and habitat selection of shorebird community at the south Yangtze River Mouth and north Hangzhou Bay. *Acta Ecologica Sinica*, 2006,1(1):40-47.
- [17] Mei X Y, Zhang X F. Carbon storage and fixation by a typical wetland vegetation in Changjiang River estuary-A case study of *Phragmites australis* in east beach of Chongming Island. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2008,16(2):269-272.
- [18] Gao W, Lu J J. A restoration trial of bird habitat on the intertidal flats in the Yangtze Estuary and its short-term effects. *Acta Ecologica Sinica*, 2008,28(5):2080-2089.
- [19] 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.
- [20] 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.
- [21] Guan S Y. Soil Enzyme and Study Methods of Soil Enzyme. Beijing: China Agriculture Press, 1986: 275-276.
- [22] Microbiological Department of ISS, CAS. Soil Microbiological Study Method. Beijing: Science Press, 1985: 54-61.
- [23] Du S, Gao X Z ed. Criterion of Soil Analysis Technology. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2006:40-61, 94.
- [24] Singh J S, Gupta S R, Plant decomposition and soil respiration in terrestrial ecosystems. *The Botanical Review*,1977,43(4):449-528.
- [25] Fang J Y, Wang W. Soil respiration as a key belowground process: issues and perspectives. *Journal of Plant Ecology*, 2007,31(3):345-347.
- [26] Lu R K ed. Methods of Soil Agricultural Chemistry Analysis. Beijing: China Agriculture Science Press, 2000:238
- [27] Su Y H, Feng Q, Zhu G F, Si J H, Chang Z Q. Progress in research on soil respiration. *Journal of Desert Research*, 2008,28(1):57-65.
- [28] Li Y L, Xiao C L, Wang L, Zhang W Q, Zhang S P, Wang H L, Fu X H, Le Y Q. Difference and its formation cause in soil organic carbon accumulation capability of two typical tidal wetlands at Dongtan of Chongming Island in Shanghai. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2009, 20(6):1310-1316.
- [29] Luo Y Q, Zhou X H//Jiang L F, Qu L Y, Zhou Y M, Wen Y X, translator. Soil Respiration and The Environment. Beijing: Higher Education Press, 2007: 4.
- [30] Zhang C B, Jin Z X, Ke S X. Study on the relationship among enzymes activities, microorganism, respiration rate and physico-chemical properties of soil under different forests of Tiantai mountain. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2004,10(1):51-56.
- [31] Liu G S, Xu D M, Xu Z J, Wang H Y, Liu W P. Relationship between hydrolase activity in soils and soil properties in Zhejiang Province. *Acta Pedologica Sinica*, 2003,40(5):758-762.
- [32] Xu H Q, Xiao R L, Zhou 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.
- [33] Zhao Z Z. The relationship between soil enzyme and soil fertility. *Journal of Qinghai University*, 1998,16(3):24-29.
- [34] Zhang C E, Du S N, Bai G S, Liang Y L. Influence of intercropping in the garden on soil microbe and enzymatic activity in highland of loess plateau. *Soil and Environmental Sciences*, 2001,10(2):121-123.
- [35] Yu S, He Z L, Zhang R G, Chen G C, Huang C Y. Soil basal respiration and enzyme activities in the root-layer soil of tea bushes in a red soil. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003,14(2):179-183.
- [36] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, Burch G, Cox N R. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 2001,33(7/8):953-964.
- [37] Liu Y Y, Yao H Y, Huang C Y. Influence of soil moisture regime on microbial community diversity and activity in a paddy soil. *Acta Pedologica Sinica*, 2006,43(5):828-834.

- [38] Schimel J P, Gullledge J M, Clein-Curley J S, Lindstrom J E, Braddock J F. Moisture effects on microbial activity and community structure in decomposing birch litter in the Alaskan taiga. *Soil Biology & Biochemistry*, 1999, 31(6): 831-838.
- [39] Ji X J, Xiong S P, Li C M, Zhang W, Ma X M. Studies on spatial-temporal variations of soil enzyme activities and Microorganism's number under different fertilizer types. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2008, 22(1): 123-133.
- [40] LI D P, Wu Z J, Chen L J, Zhu P, Ren J. Dynamics of invertase activity of black soil treated by a long-term located fertilization and its influence. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2005, 13(2): 102-105.

参考文献:

- [1] 樊勇. 潜堤在保滩促淤工程中的应用研究. 青岛: 中国海洋大学, 2008: 3.
- [2] 李茂田, 陈中原, 李刚. 从长江口南汇东滩冲淤变化探讨合理选择促淤造陆边界. *长江流域资源与环境*, 2004, 13(4): 365-369.
- [3] 高宇, 赵斌. 人类围垦活动对上海崇明东滩滩涂发育的影响. *中国农学通报*, 2006, 22(8): 475-479.
- [4] 王亮, 李静, 杨娟, 张彤, 蔡永立. 河口滩涂湿地景观格局变化及其受圈围开发影响的分析——以崇明东滩为例. *安徽农业科学*, 2008, 36(23): 10131-10134.
- [5] 刘绍辉, 方精云. 土壤呼吸的影响因素及全球尺度下温度的影响. *生态学报*, 1997, 17(5): 469-476.
- [6] 张从. 中国农村面源污染的环境影响及其控制对策. *环境科学动态*, 2001, (4): 10-13.
- [7] 全为民, 严力蛟. 农业面源污染对水体富营养化的影响及其防治措施. *生态学报*, 2002, 22(3): 291-299.
- [8] 傅丽君, 杨文金. 4 种农药对枇杷园土壤磷酸酶活性及微生物呼吸的影响. *中国生态农业学报*, 2007, 15(6): 113-116.
- [9] 徐瑞富, 蒋学杰, 张玉泉. 多菌灵对土壤微生物呼吸作用的影响. *河南农业科学*, 2005, (8): 66-69.
- [10] 刘明, 李忠佩, 路磊, 车玉萍. 添加不同养分培养下水稻土微生物呼吸和群落功能多样性变化. *中国农业科学*, 2009, 42(3): 1108-1115.
- [11] 曹兴, 金莉莉. 农田生态系统土壤呼吸研究进展. *现代农业科技*, 2008(22): 156-159.
- [12] 周玉梅, 韩士杰, 郑俊强, 辛丽花, 张海森. CO₂ 浓度升高对森林土壤微生物呼吸与根(际)呼吸的影响. *植物生态学报*, 2007, 31(3): 386-393.
- [14] 谢艳兵, 贾庆宇, 周莉, 李荣平, 吕国红. 盘锦湿地芦苇群落土壤呼吸作用动态及其影响因子分析. *气象与环境学报*, 2006, 22(4): 53-58.
- [15] 杨继松, 刘景双, 孙丽娜. 三江平原草甸湿地土壤呼吸和枯落物分解的 CO₂ 释放. *生态学报*, 2008, 28(2): 805-810.
- [16] 葛振鸣, 王天厚, 施文彧, 周晓. 长江口杭州湾鸕形目鸟类群落季节变化和生境选择. *生态学报*, 2006, 1(1): 40-47.
- [17] 梅雪英, 张修峰. 长江口典型湿地植被储碳、固碳功能研究——以崇明东滩芦苇带为例. *中国农业生态学报*, 2008, 16(2): 269-272.
- [18] 高伟, 陆健健. 长江口滩涂湿地鸟类适栖地营造实验及短期效应. *生态学报*, 2008, 28(5): 2080-2089.
- [19] 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.
- [20] 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.
- [21] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986: 275-276.
- [22] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法. 北京: 科学出版社, 1985: 54-61.
- [23] 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.
- [25] 方精云, 王妮. 作为地下过程的土壤呼吸: 我们理解了多少?. *植物生态学报*, 2007, 31(3): 345-347.
- [26] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 238.
- [27] 苏永红, 冯起, 朱高峰, 司建华, 常宗强. 土壤呼吸与测定方法研究进展. *中国沙漠*, 2008, 28(1): 57-65.
- [28] 李艳丽, 肖春玲, 王磊, 张文佳, 张士萍, 王红丽, 付小花, 乐毅全. 上海崇明东滩两种典型湿地土壤有机碳汇聚能力差异及成因. *应用生态学报*, 2009, 20(6): 1310-1316.
- [29] 骆亦其, 周旭辉著//姜丽芬, 曲来叶, 周玉梅, 温逸馨译. 土壤呼吸与环境. 北京: 高等教育出版社, 2007: 4.
- [30] 张崇邦, 金则新, 柯世省. 天台山不同林型土壤酶活性与土壤微生物、呼吸速率以及土壤理化特性关系研究. *植物营养与肥料学报*, 2004, 10(1): 51-56.
- [31] 刘广深, 徐冬梅, 许中坚, 王红宇, 刘维屏. 用通径分析法研究土壤水解酶活性与土壤性质的关系. *土壤学报*, 2003, 40(5): 758-762.
- [32] 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.
- [33] 赵之重. 土壤酶与土壤肥力关系的研究. *青海大学学报(自然科学版)*, 1998, 16(3): 24-29.
- [34] 张成娥, 杜社妮, 白岗桢, 梁银丽. 黄土塬区果园套种对土壤微生物及酶活性的影响. *土壤与环境*, 2001, 10(2): 121-123.
- [35] 俞慎, 何振立, 张荣光, 陈国潮, 黄昌勇, 朱炳良. 红壤茶树根层土壤基础呼吸作用和酶活性. *应用生态学报*, 2003, 14(2): 179-183.
- [37] 刘岳燕, 姚槐应, 黄昌勇. 水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响. *土壤学报*, 2006, 43(5): 828-834.
- [39] 姬兴杰, 熊淑萍, 李春明, 张伟, 马新明. 不同肥料类型对土壤酶活性与微生物数量时空变化的影响. *水土保持学报*, 2008, 22(1): 123-133.
- [40] 李东坡, 武志杰, 陈利军, 朱平, 任军. 长期定位培肥黑土土壤蔗糖酶活性动态变化及其影响因素. *中国生态农业学报*, 2005, 13(2): 102-105.