

湿地土壤微生物碳源代谢活性对不同水分条件的动态响应^① ——以鄱阳湖为例

刘亚军¹, 蔡润发¹, 李赞璟¹, 刘以珍¹, 葛刚², 吴兰^{1*}

(1 南昌大学生命科学学院, 南昌 330031; 2 鄱阳湖环境与资源利用教育部重点实验室, 南昌 330031)

摘要: 为深入了解湿地土壤微生物群落代谢特征对不同水分条件的响应变化, 本研究以鄱阳湖湿地表层土壤为研究材料, 采用室内控制试验, 运用 Biolog 技术探讨土壤微生物碳源代谢活性在不同水分条件(干燥、湿润、淹水)下连续处理 132 d 的变化特征。结果表明: 湿润组土壤微生物代谢活性最高, 其平均光密度值(AWCD)在处理的第 72 天分别是淹水组和干燥组的 1.34 倍和 3.95 倍; 同时土壤微生物对不同碳源类型的利用能力也发生了显著的差异性变化, 其中干燥组利用的主要碳源为多聚物类和碳水化合物类(占总碳源利用率的 39.25% 和 36.53%), 而淹水组对氨基酸类碳源有较高的利用能力(占总碳源利用率的 36.33%)。土壤微生物碳源代谢特征在处理的第 21 天达到稳定状态, 而土壤理化性质和土壤微生物群落结构在处理的第 72 天发生显著变化, 同时研究发现淹水条件升高了土壤 pH 和铵态氮含量, 降低了微生物群落多样性。由此可知, 水分条件不仅会影响湿地土壤微生物总体碳源代谢活性强度, 还会改变对不同碳源的相对利用能力, 最终导致土壤环境发生改变。

关键词: 湿地; 土壤微生物; 水分条件; 碳源利用; 功能多样性

中图分类号: S154.36 文献标识码: A

湿地是位于陆生生态系统和水生生态系统之间的过渡性地带, 在气候调节、水质净化以及生物多样性保护等方面发挥着重要的作用^[1]。近年来由于气候变化和人为活动的影响, 造成干旱、洪水等极端天气的频繁发生, 加速了湿地的退化^[2-3], 而影响土壤水分条件的水文过程是影响湿地生态系统稳定和退化的最主要因素之一。目前围绕水分条件对湿地生态系统影响的研究大多集中在植物、候鸟和土壤性质上^[4-6]。土壤微生物作为生态系统中的分解者, 参与了土壤中的物质循环和能量流动, 在调控生物地化循环以及维持生态功能等方面发挥着重大作用^[7]。已有的研究大多关注了湿地土壤水分条件的改变对微生物群落结构和组成的影响^[8-9], 而有关土壤微生物活性的研究却鲜见报道。

土壤微生物活性主要通过微生物碳源利用率、微生物生物量以及土壤酶活性等来表征, 其中 Biolog 微孔板法是通过测定微生物对单一碳源的利用率来反映微生物群落结构和功能多样性, 该技术因具有灵敏度高和分辨力强等优点, 而广泛应用于

农田、湿地和污泥等各种土壤微生物代谢活性的研究^[10-11]。为此本文选择鄱阳湖自然湿地土壤为研究材料, 模拟不同的水分条件, 采用 Biolog 微平板法分析微生物碳源代谢活性和土壤理化性质的变化规律, 以揭示微生物群落代谢特征对水分条件变化的响应, 为自然湿地的保护提供科学的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

供试土壤来自鄱阳湖自然保护区内蚌湖(29°11' ~ 29°18' N, 115°55' ~ 116°06' E)的灰化苔草样带, 土壤类型为草甸沼泽土(砂粒 233 g/kg, 粉粒 462 g/kg, 黏粒 305 g/kg), 其初始基本性质为: 含水量 393.1 g/kg, pH 5.07, 有机碳 14.12 g/kg, 全氮 1.39 g/kg, 总磷 0.19 g/kg。该植被样带在鄱阳湖湿地中分布最广, 是最典型的湿生植物群落, 具有较长时间的洪水淹没期(5—9月)^[12]。沿植被带设置 3 个相距 50 m 的采样点收集 0~30 cm 土壤运回实验室。

基金项目: 国家自然科学基金项目(31360127; 31260110; 31660149)资助。

* 通讯作者(wl690902@hotmail.com)

作者简介: 刘亚军(1989—), 男, 河南商丘人, 硕士研究生, 主要从事环境微生物研究。E-mail: ncusk724@hotmail.com

将采集的土样过 4 目筛去除动植物残体,混合均匀后分装于 9 个长 30 cm、宽 20 cm、高 20 cm 的塑料盒内,填土高度为 19 cm,填土质量约为 11 kg。试验设置 3 组处理分别为:干燥组(ND),不做任何水分处理;湿润组(KM),定期浇水使土样含水量长期保持约 450 g/kg;淹水组(FT),将土盒放置在实验水池中使得土样淹没于水下 100 cm 处。每种处理设置 3 个平行重复。试验土样采集方法如下:在试验的第 1、7、21、72 和 132 天分别用直径为 5 cm 的聚乙烯管采集 0~15 cm 深的样品,每次采样依次进行以避免采样带来的扰动。样品采集后,一部分土样自然风干供土壤理化性质分析;一部分保存在 4 用于土壤无机氮的测定和土壤微生物 Biolog 培养分析,一周内进行测定。

1.2 测定方法

参照相关文献对土壤理化性质进行测定^[13]。土壤碳源代谢特征的测定选用含有 31 种碳源的生态板(Biolog-Eco),在 25 °C 恒温培养箱内连续培养 10 d,每隔 12 h 在 Biolog 自动读数装置(MicroStation TM System,美国 Biolog 公司)上对 590 nm 处的吸光值(OD)进行读数^[14]。

1.3 数据分析

对于 Biolog 数据,为去除本底干扰,将 Eco 板

上每个孔的读数减去培养 0 h 时的初始吸光值,并将负值全部归 0^[15];然后计算 Eco 板孔中溶液吸光值平均颜色变化率(average well color development, AWCD), $AWCD = \sum(C_i - R_i)/31$,式中: C_i 为每个有菌液孔的吸光值, R_i 为对照孔的吸光值。选用 120 h(对数期)后的光密度值分析微生物群落功能多样性,同时参照文献^[16]分别计算 Shannon-Weaver 多样性指数(H)、Simpson 指数(D),并用 $OD_{590} > 0.15$ 的微孔数作为对应样品的细菌群落代谢丰富度(S)。

本研究数据差异性分析采用单因素方差分析方法和 Tukey 多重比较法,利用 SPSS20.0 软件完成,主成分分析(PCA)由 Canoco 5 软件完成。

2 结果与分析

2.1 土壤特征对水分条件变化的响应

鄱阳湖湿地土壤在不同水分条件下其理化性质表现出不同的变化趋势(表 1)。对于土壤营养参数而言,不同水分处理间的土壤总有机碳(TOC)、总氮(TN)、总磷(TP)的含量在处理的 132 d 内未出现显著的变化趋势。然而在处理的第 72 天,淹水组(FT)土壤的 pH 和 NH_4^+-N 含量出现了明显的升高,显著高于非淹水的干燥组(ND)和湿润组(KM),而 KM 土壤 $NO_3^- - N$ 含量也出现了明显上升,显著高于 ND 和 FT 组($P < 0.05$)。

表 1 不同水分条件下土壤理化因子的变化
Table 1 Changes of soil physiochemical factors under different water conditions

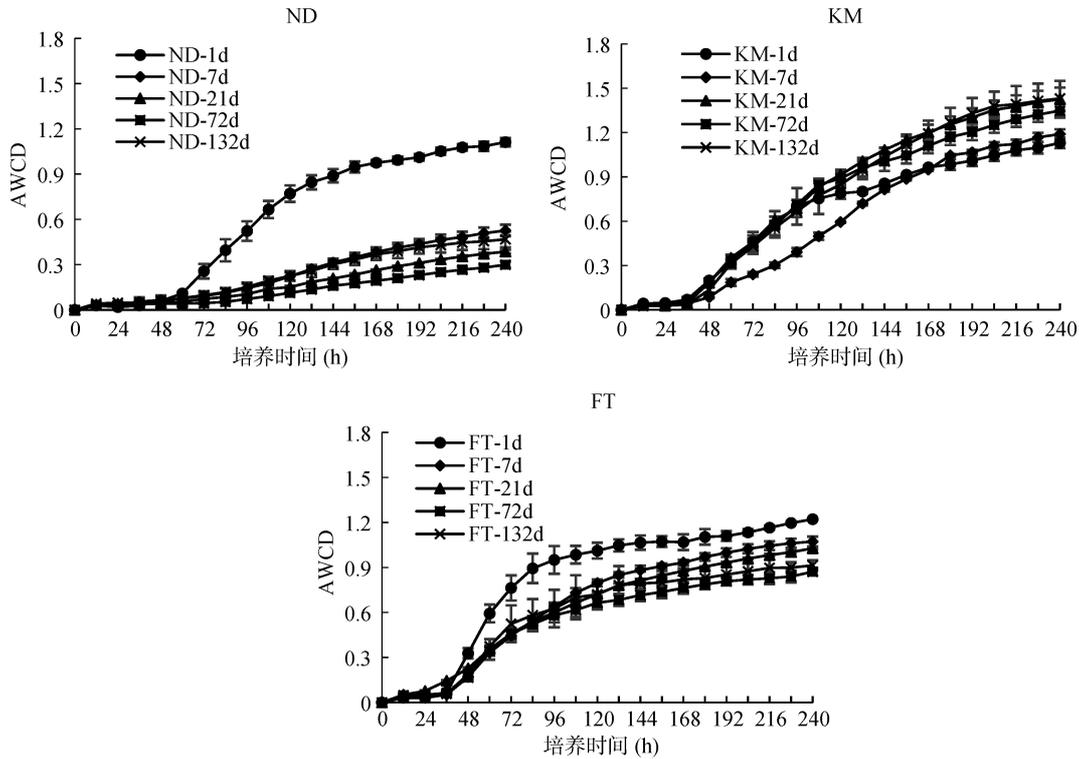
参数	处理	第 1 天	第 7 天	第 21 天	第 72 天	第 132 天
含水量 (g/kg)	ND	198.51 ± 4.41 Ac	98.30 ± 8.72 Bc	67.02 ± 5.69 Cc	33.04 ± 0.79 Dc	18.27 ± 0.83 Dc
	KM	488.17 ± 8.58 Ab	445.93 ± 21.16 Ab	498.26 ± 8.53 Ab	458.28 ± 21.42 Ab	469.39 ± 32.07 Ab
	FT	720.98 ± 16.93 Aa	775.22 ± 29.99 Aa	728.31 ± 20.37 Aa	740.43 ± 16.52 Aa	724.65 ± 16.34 Aa
TOC (g/kg)	ND	13.50 ± 0.19 Ba	13.54 ± 0.69 Ba	14.80 ± 0.36 Ba	14.73 ± 0.04 Bb	16.80 ± 0.02 Aa
	KM	14.06 ± 0.19 Ba	15.29 ± 0.47 Aa	15.81 ± 0.30 Aa	15.03 ± 0.04 ABab	16.20 ± 0.06 Ab
	FT	13.33 ± 0.18 Ba	15.21 ± 0.04 Aa	15.63 ± 0.43 Aa	15.44 ± 0.17 Aa	15.85 ± 0.10 Ac
TN (g/kg)	ND	0.97 ± 0.08 Ba	1.26 ± 0.11 ABa	0.91 ± 0.02 Ba	0.93 ± 0.10 Bb	1.54 ± 0.05 Aa
	KM	1.21 ± 0.04 Ba	1.38 ± 0.09 Aa	1.21 ± 0.15 Ba	0.98 ± 0.00 Cab	1.47 ± 0.02 Aa
	FT	1.09 ± 0.02 Ba	1.33 ± 0.19 ABa	1.07 ± 0.04 Ba	1.24 ± 0.02 ABa	1.54 ± 0.05 Aa
TP (g/kg)	ND	0.34 ± 0.03 Ba	0.46 ± 0.04 ABa	0.48 ± 0.03 ABa	0.63 ± 0.07 Aa	0.56 ± 0.04 Aa
	KM	0.34 ± 0.02 Ba	0.46 ± 0.07 ABa	0.43 ± 0.03 Ba	0.39 ± 0.02 Ba	0.61 ± 0.02 Aa
	FT	0.44 ± 0.03 ABa	0.35 ± 0.02 Ba	0.41 ± 0.02 ABa	0.59 ± 0.09 Aa	0.50 ± 0.04 ABa
pH	ND	4.87 ± 0.05 Aa	4.86 ± 0.01 Ab	4.97 ± 0.03 Aa	4.93 ± 0.03 Ab	4.95 ± 0.03 Ab
	KM	4.94 ± 0.03 Aa	4.86 ± 0.02 Ab	4.93 ± 0.03 Aa	4.93 ± 0.03 Ab	4.91 ± 0.03 Ab
	FT	5.00 ± 0.04 Ca	5.08 ± 0.00 Ca	5.07 ± 0.03 Ca	5.23 ± 0.03 Ba	5.55 ± 0.02 Aa
$NH_4^+ - N$ (mg/kg)	ND	5.18 ± 0.12 Ba	6.03 ± 0.06 Bb	5.57 ± 0.27 Bb	8.11 ± 0.04 Ab	8.50 ± 0.29 Ab
	KM	5.97 ± 0.50 Ba	6.54 ± 0.33 Bb	6.38 ± 0.17 Bb	11.09 ± 0.26 Ab	6.74 ± 0.40 Bb
	FT	6.64 ± 0.32 Ba	9.83 ± 0.30 Ba	9.20 ± 0.55 Ba	30.67 ± 2.32 Aa	30.20 ± 1.05 Aa
$NO_3^- - N$ (mg/kg)	ND	0.26 ± 0.08 Bb	0.32 ± 0.04 ABab	0.51 ± 0.03 Ab	0.45 ± 0.03 ABb	0.48 ± 0.07 ABb
	KM	0.71 ± 0.05 Ca	0.68 ± 0.13 Ca	0.83 ± 0.03 Ca	2.98 ± 0.24 Aa	1.51 ± 0.09 Ba
	FT	0.55 ± 0.04 Ba	0.22 ± 0.05 Cb	0.36 ± 0.03 BCc	0.85 ± 0.06 Ab	0.86 ± 0.10 Ab

注:表中数据为平均值 ± 标准误;同列不同小写字母表示同一时间不同处理同一指标间差异显著($P < 0.05$),同行不同大写字母表示同一处理不同时间同一指标间差异显著($P < 0.05$);下同。

2.2 土壤微生物对碳源利用的动力学特征

AWCD 反映了土壤微生物群落对碳源利用的总体情况,在功能代谢的水平上揭示微生物群落的多样性。由图 1 可知,随着培养时间的延长,不同水分条件处理下的湿地土壤微生物 AWCD 值逐渐增大,表明不同水分条件及各处理时间下湿地土壤微生物均保持代谢活

性;在培养 36 h 时,3 组处理的 AWCD 值均小于 0.2,土壤微生物对碳源的利用较低,培养 36~120 h AWCD 值迅速增大,微生物进入指数生长期,碳源被大量利用,120 h 以后缓慢步入稳定期,240 h 时达到平衡。因此,下文有关微生物碳源利用的进一步分析,均选用微生物代谢活性旺盛的 120 h 时的 AWCD 值计算获得。



(图例中 ND-1d、KM-1d、FT-1d 分别表示干燥组、湿润组、淹水组处理第 1 天的土样,其余以此类推;下同)

图 1 3 种水分条件处理土壤微生物 AWCD 值的变化

Fig. 1 Changes of soil microbial AWCDs under three water treatments

通过比较 AWCD 值发现,对于维持湿润的 KM 组,在整个处理过程中碳源代谢能力未发生显著变化。对于 ND 和 FT 组,在处理的第 7 天,AWCD 值均出现了显著的降低($P < 0.05$),其中以干燥的 ND 组最为明显,降幅达到了 67.85%。且在处理第 21 天时,3 组处理的 AWCD 值出现了显著差异($P < 0.05$),具体表现为 $KM > FT > ND$;到处理的第 72 天时,湿润 KM 组的 AWCD 值分别是 ND 和 FT 组的 1.34 倍和 3.95 倍。

2.3 不同水分条件下土壤微生物碳代谢图谱主成分分析

对 31 种碳源的光吸收值进行主成分分析。由图 2 可知,前两个主成分的方差贡献率达到了 81.90%,解释了土壤微生物功能代谢差异性的绝大部分。从图 2 可以看出,湿地土壤在不同水分条件下处理的前 7 d,碳源利用能力发生了显著的分异变化。在处理的

后期(21~132 d),不同处理聚为 3 簇,其中 ND 组显著不同于 KM 和 FT 组,位于 PC1 轴正向的第一、

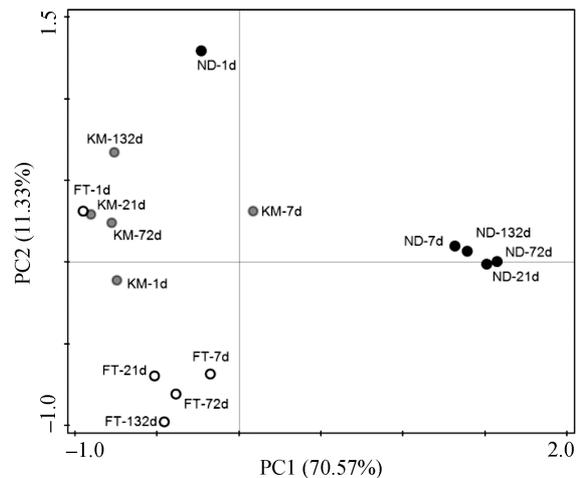


图 2 土壤微生物群落功能的主成分分析

Fig. 2 Principal component analysis of soil microbial community

四象限内 ,KM 组和 FT 组分别位于 PC1 轴负向的第二和第三象限内。

初始载荷值反映了主成分与碳源利用的相关系数,载荷因子的高低能够表征碳源对主成分贡献的大小^[17]。31 种碳源在 2 个主成分上的载荷值见表 2,从表 2 可以看出,与第一主成分 PC1 相关性较高(载荷

绝对值>1)的碳源有 9 种,其中多聚物类 1 种、碳水化合物类 2 种、酚酸类 1 种、羧酸类 2 种、氨基酸类 4 种;而与 PC2 相关性较高的碳源仅有 3 种,其中氨基酸类 2 种、胺类 1 种。综合与前两个主成分相关性较高的碳源类型发现,使土壤微生物群落代谢特征产生分异的主要碳源是酚酸类、羧酸类、氨基酸类和胺类。

表 2 31 种碳源的主成分载荷因子
Table 2 Loading factors of principle components of 31 soil-carbon sources

PC1		PC2	
相关碳源	载荷值	相关碳源	载荷值
吐温 40(多聚物类)	-1.039 8	L-苯基丙氨酸(氨基酸类)	1.717 2
D-甘露醇(碳水化合物类)	-2.028 7	L-丝氨酸(氨基酸类)	-1.204 9
N-乙酰-D-葡萄糖胺(碳水化合物类)	-1.226 9	苯乙胺(胺类)	1.485 5
4-羟基苯甲酸(酚酸类)	-1.566 5		
D-葡萄糖胺酸(羧酸类)	-1.172 4		
D-半乳糖醛酸(氨基酸类)	-1.528 4		
L-天门冬酰胺(氨基酸类)	-1.928 5		
L-苯基丙氨酸(氨基酸类)	-1.399 9		
L-丝氨酸(氨基酸类)	-1.224 9		

2.4 不同水分条件下土壤微生物生理碳代谢图谱

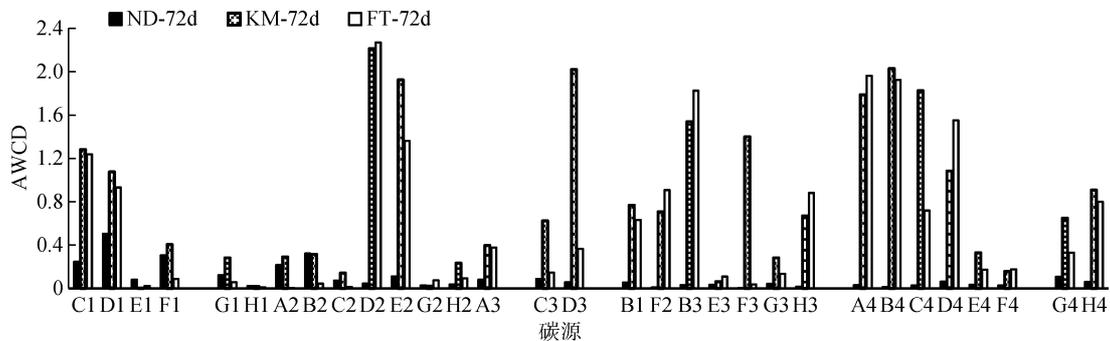
湿地土壤碳源代谢特征在处理的第 72 天达到了相对稳定状态,为进一步分析在不同水分条件下,31 种碳源代谢能力的分异变化,选择处理第 72 天的 AWCD 值计算获得 Biolog 代谢指纹图谱(图 3)。从图 3 可以看出,KM 组土壤代谢指纹图谱中 AWCD/3

0.7 的碳源有 15 种(聚合物类 2 种,碳水化合物类 2 种,酚酸类 1 种,羧酸类 3 种,氨基酸类 4 种,胺类 1 种),占其总碳源利用的 75.28% ;FT 组有 12 种(聚合物类 2 种,碳水化合物类 2 种,羧酸类 3 种,氨基酸类 4 种,胺类 1 种),占其总碳源利用的 84.98% ;而 ND 组没有任何一种碳源的 AWCD/3 > 0.7。值得注意的是,淹水的 FT 组相比于 KM 组,利用能力显著降低的碳源有 D3(4-羟基苯甲酸)、F3(衣康酸)。进

一步分析表明,ND 组利用的碳源以聚合物类和碳水化合物类为主,分别占总碳源利用率的 39.25% 和 36.53% ;淹水 FT 组对氨基酸类碳源代谢能力相对较强,占其总碳源利用率的 36.33% ;而湿润环境下的 KM 组对 6 类碳源均有较高的代谢能力。

2.5 土壤微生物群落多样性指数变化

群落多样性指数能够反映土壤微生物群落碳源代谢情况,表征微生物群落物种组成和数量分布。多样性指数分析表明(表 3),在处理的 132 d 内,非淹水的 ND 组和 KM 组的 Shannon-Wiener 指数(H)和 Simpson 优势度指数(D)均未发生显著变化;而 FT 组的 Shannon-Wiener 指数和 Simpson 优势度指数在处理的第 72 天均出现了显著的下降(P<0.05),表明淹水条件显著降低了湿地土壤微生物的多样性。



(C1 ~ F1 : 聚合物类 ; G1 ~ A3 : 碳水化合物类 ; C3 ~ D3 : 酚酸类 ; B1 ~ H3 : 羧酸类 ; A4 ~ F4 : 氨基酸类 ; G1 ~ H4 : 胺类 ; AWCD 值为 ECO 板上 3 次重复的平均值 AWCD/3)

图 3 土壤微生物生理碳代谢指纹图谱

Fig. 3 Metabolic fingerprints in carbon level physiological profiles of microbial communities in tested soils

表 3 土壤微生物群落多样性指数
Table 3 Diversity indices of soil microbial communities

参数	处理	第 1 天	第 7 天	第 21 天	第 72 天	第 132 天
Shannon-Wiener 指数(H)	ND	2.77 ± 0.06 Aa	3.11 ± 0.12 Aa	2.77 ± 0.04 Ab	2.64 ± 0.18 Aa	2.99 ± 0.13 Aa
	KM	2.81 ± 0.09 Aa	2.90 ± 0.07 Aa	3.02 ± 0.02 Aa	3.00 ± 0.04 Aa	3.02 ± 0.03 Aa
	FT	2.82 ± 0.02 BCa	2.92 ± 0.02 ABa	3.04 ± 0.02 Aa	2.79 ± 0.03 Ca	2.72 ± 0.05 Ca
Simpson 指数(D)	ND	0.92 ± 0.00 Aa	0.94 ± 0.01 Aa	0.92 ± 0.00 Ab	0.90 ± 0.02 Ab	0.94 ± 0.01 Aa
	KM	0.93 ± 0.00 Aa	0.93 ± 0.01 Aa	0.94 ± 0.00 Aa	0.94 ± 0.00 Aa	0.94 ± 0.00 Aa
	FT	0.93 ± 0.00 Ba	0.94 ± 0.00 ABa	0.94 ± 0.00 Aa	0.92 ± 0.00 Cab	0.92 ± 0.00 Ca

3 讨论

水分条件是湿地生态系统中重要的生态因子,影响着湿地的物化环境和生态学功能,同时对湿地土壤微生物活性有较大的影响。本研究表明,湿地土壤在 3 个显著不同的水分条件下,对底物碳源的利用强度差异显著(图 1、图 2),其中湿润 KM 组最高,淹水的 FT 组次之,干燥 ND 组最低。牛佳等^[18]在对土壤微生物群落结构特征的研究中发现,常年淹水土壤环境下的细菌磷脂脂肪酸比值显著低于湿润土壤。同时研究也发现土壤含水量的降低不仅会抑制土壤微生物的呼吸强度和脱氢酶活性,还会使得有关还原酶的基因丰度会显著下降,对土壤活性产生不利影响^[19-21]。本研究进一步表明湿润的土壤环境更有利于保持湿地土壤微生物的活性,而干燥和淹水的土壤环境均在一定程度上抑制了土壤微生物的碳源代谢能力,且干燥比淹水更不利于微生物利用碳源物质进行生长,表明维持一定的洲滩湿地尤为重要,而持续干旱对湿地保护威胁最为严重。

本研究中,土壤微生物在不同水分条件下利用的碳源类型出现了显著的分异,其中酚酸类(4-羟基苯甲酸)、羧酸类(D-葡萄糖胺酸)、氨基酸类(D-半乳糖醛酸、L-天门冬酰胺、L-苯基丙氨酸、L-丝氨酸)和胺类(苯乙胺)碳源对水分条件的变化最为敏感,王苑^[22]在对农田的研究中也发现,环境的变化会显著影响土壤微生物对这 4 类碳源的利用能力。而对于湿润环境下的 KM 组,土壤微生物对 6 大类碳源均有较高的代谢活性,同时保持适当的水分环境能够显著增加土壤净硝化率,而土壤含水量过低以及淹水条件均不利于硝化作用发生^[23],最终使得湿润环境下的 KM 组的土壤 NO₃-N 含量显著高于 ND 和 FT 组。

值得注意的是,土壤微生物在干燥或者淹水条件下,利用的主要碳源类型显著不同。对于干燥缺水的土壤(ND 组)来说,虽然总体的碳源代谢活性很低,但对聚合物类和碳水化合物类碳源依然保持有较高的利用能力。Sardans 等^[24]研究也发现,土壤在干燥

的水分条件下,参与降解碳水化合物和多聚物类碳源的 β-葡萄糖苷酶活性较高,而参与氮转化的土壤蛋白酶活性较低。本研究中同时发现,ND 组的矿态氮含量显著低于保持湿润的 KM 组和淹水的 FT 组,进一步表明干燥的土壤环境会抑制氮的转化。

而对于淹水的 FT 组,土壤微生物对氨基酸类碳源表现出较高的利用能力,这可能是由于淹水形成的厌氧环境中使得土壤 pH 升高,从而增强了土壤微生物对氨基酸类碳源的利用能力^[25]。同时蔡元锋等^[26]在对稻田土壤的研究中也发现,淹水环境下土壤微生物最为突出的代谢活动与蛋白的转化有关。而淹水处理(FT)形成了较强的还原条件会抑制硝化微生物的活性,这可能是导致淹水条件下 NH₄⁺-N 含量浓度不断增加的原因^[27]。值得注意的是,淹水处理下的 FT 组对部分单一碳源(4-羟基苯甲酸、衣康酸)的利用能力出现了显著的降低,这为进一步研究碳源代谢的机理提供了参考依据。

水分条件的改变会显著影响土壤物化循环和微生物活性^[28-29]。本研究进一步研究发现,土壤碳源代谢活性在不同水分条件处理的第 21 天逐渐趋于稳定,而土壤 pH、NO₃⁻-N 和 NH₄⁺-N 在处理的第 72 天发生了显著变化。表明土壤微生物碳源代谢特征先于土壤理化环境达到稳定状态。而在对土壤微生物功能多样性的研究中却发现,FT 组微生物群落多样性指数降低发生在处理的第 72 天。表明土壤微生物能够对水分条件的改变迅速做出反应,并会进一步对土壤物化反应产生持续的影响^[30]。反过来,土壤理化环境的改变又会进一步影响微生物群落结构^[31-32]。

本研究结果提示,湿地土壤所处的水分条件不仅会影响土壤微生物的总体碳源代谢活性,还会改变对不同碳源的利用能力,进而影响湿地生态系统的物化过程,改变土壤环境。

4 结论

1)水分条件的改变显著影响湿地土壤微生物的碳源代谢能力,其中,湿润条件下土壤微生物的碳源

代谢能力最高,淹水条件次之,干燥条件下土壤微生物的碳源代谢能力最低。

2)土壤微生物的碳源代谢类型在不同水分条件下发生了显著变化,在干燥的土壤环境中利用的主要碳源为多聚物和碳水化合物;在淹水条件下利用的主要碳源是氨基酸类,同时相对于湿润的土壤环境,淹水条件下对部分碳源(4-羟基苯甲酸、衣康酸)的利用能力出现了急剧降低。

3)土壤环境与土壤微生物代谢活性相互影响。土壤微生物对不同碳源的利用能力在处理的第 21 天趋于稳定,而土壤环境和微生物群落结构在处理的第 72 天又发生显著变化,最终使得在湿润土壤环境下的 NO_3^- -N 含量升高,淹水土壤环境下 pH 和 NH_4^+ -N 含量出现显著的升高。

参考文献:

- [1] Costanza R, d'Arge R, De Groot R, et al. The value of the world's ecosystem services and natural capital[J]. *Nature*, 1997, 387(6630): 253-260
- [2] 侯鹏,申文明,王桥,等.基于水文平衡的湿地退化驱动因子定量研究[J].*生态学报*,2014,34(3):660-666
- [3] 章光新,尹雄锐,冯夏清.湿地水文研究的若干热点问题[J].*湿地科学*,2008,6(2):105-115
- [4] 章光新.水文情势与盐分变化对湿地植被的影响研究综述[J].*生态学报*,2012,32(13):4254-4260
- [5] 邵明勤,蒋剑虹,戴年华.鄱阳湖非繁殖期水鸟的微生物境利用及对水位的响应[J].*生态学杂志*,2016,35(10):2759-2767
- [6] 康义,郭泉水,程瑞梅,等.三峡库区消落带土壤物理性质变化[J].*林业科学*,2010,46(6):1-5
- [7] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(3): 626-631
- [8] Wu H, Zeng G, Liang J, et al. Effect of early dry season induced by the Three Gorges Dam on the soil microbial biomass and bacterial community structure in the Dongting Lake wetland[J]. *Ecological Indicators*, 2015, 53: 129-136
- [9] Hollister E B, Engledow A S, Hammett A J M, et al. Shifts in microbial community structure along an ecological gradient of hypersaline soils and sediments[J]. *The ISME Journal*, 2010, 4(6): 829-838
- [10] 郑华,欧阳志云,方治国,等. BIOLOG 在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用[J]. *土壤学报*, 2004, 41(3): 456-461
- [11] 田雅楠,王红旗. Biolog 法在环境微生物功能多样性研究中的应用[J]. *环境科学与技术*, 2011, 34(3): 50-57
- [12] 张全军,于秀波,钱建鑫,等.鄱阳湖南矶湿地优势植物群落及土壤有机质和营养元素分布特征[J]. *生态学报*, 2012, 32(12): 3656-3669
- [13] 陈熙,刘以珍,李金前,等.稀土尾矿土壤细菌群落结构对植被修复的响应[J]. *生态学报*, 2016, 36(13): 3943-3950
- [14] 张杰,胡维,刘以珍,等.鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2015, 35(4): 965-971
- [15] Garau G, Castaldi P, Santona L, et al. Influence of red mud, zeolite and lime on heavy metal immobilization, culturable heterotrophic microbial populations and enzyme activities in a contaminated soil[J]. *Geoderma*, 2007, 142(1): 47-57
- [16] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(11): 1481-1491
- [17] 刘秉儒,张秀珍,胡天华,等.贺兰山不同海拔典型植被带土壤微生物多样性[J]. *生态学报*, 2013, 33(22): 7211-7220
- [18] 牛佳,周小奇,蒋娜,等.若尔盖高寒湿地干湿土壤条件下微生物群落结构特征[J]. *生态学报*, 2011, 31(2): 474-482
- [19] 王金爽,胡泓,李甜甜,等.环境因素对湿地土壤微生物群落影响研究进展[J]. *湿地科学与管理*, 2015(4): 63-66
- [20] Xiang S R, Doyle A, Holden P A, et al. Drying and rewetting effects on C and N mineralization and microbial activity in surface and subsurface California grassland soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(9): 2281-2289
- [21] Kim S Y, Lee S H, Freeman C, et al. Comparative analysis of soil microbial communities and their responses to the short-term drought in bog, fen, and riparian wetlands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(11): 2874-2880
- [22] 王苑.气候变化背景下土壤微生物群落对干旱和大气 CO_2 倍增的响应[D].上海:东华大学,2014
- [23] 栗方亮,李忠佩,刘明,等.氮素浓度和水分对水稻土硝化作用和微生物特性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2012, 20(9): 1113-1118
- [24] Sardans J, Peñuelas J, Estiarte M. Changes in soil enzymes related to C and N cycle and in soil C and N content under prolonged warming and drought in a Mediterranean shrubland[J]. *Applied Soil Ecology*, 2008, 39(2): 223-235
- [25] Grayston S J, Campbell C D, Bardgett R D, et al. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques[J]. *Applied Soil Ecology*, 2004, 25(1): 63-84
- [26] 蔡元锋,吴宇澄,王书伟,等.典型淹水稻田土壤微生物群落的基因转录活性及其主要生理代谢过程[J]. *微生物学报*, 2014, 54(9): 1033-1044
- [27] 刘若萱,贺纪正,张丽梅.稻田土壤不同水分条件下硝化/反硝化作用及其功能微生物的变化特征[J]. *环境科学*, 2014, 35(11): 4275-4283
- [28] 刘若萱,张丽梅,白刃,等.模拟条件下土壤硝化作用及硝化微生物对不同水分梯度的响应[J]. *土壤学报*, 2015, 52(2): 415-422

- [29] 唐江, 丁长欢, 樊晶晶, 等. 水热对三峡水库消落带退耕稻田土壤有机碳矿化的影响[J]. 土壤, 2016, 48(6): 1202–1208
- [30] Lemke M J, Brown B J, Leff L G. The response of three bacterial populations to pollution in a stream[J]. *Microbial Ecology*, 1997, 34(3): 224–231
- [31] 裴希超, 许艳丽, 魏巍. 湿地生态系统土壤微生物研究进展[J]. 湿地科学, 2009, 7(2): 181–186
- [32] 田小明, 李俊华, 王成, 等. 连续 3 年施用生物有机肥对土壤养分、微生物生物量及酶活性的影响[J]. 土壤, 2014, 46(3): 481–488

Functional Response of Wetland Soil Microbial Carbon Source Metabolic Activity to Different Water Conditions —A Case of Lake Poyang

LIU Yajun¹, CAI Runfa¹, LI Yunjing¹, LIU Yizhen¹, GE Gang², WU Lan^{1*}

(1 School of Life Sciences of Nanchang University, Nanchang 330031, China; 2 Key Laboratory of Environment and Resource Utilization of Poyang Lake, Ministry of Education, Nanchang 330031, China)

Abstract: In order to understand the changes in metabolic characteristics of wetland soil microbial community under different water status, soil was collected from Poyang Lake wetland and was used for a 132 d greenhouse experiment, and Biolog was used to understand metabolic activity of soil microbial carbon source under three water conditions (drought, wetting and flooding). The results showed that soil microbial metabolic activity was the highest in wetting condition, the average well color development (AWCD) was 1.34 and 3.95 times (120 h) of those in drought and flooding conditions on the 72nd days, respectively. Meanwhile, the abilities of soil microbial utilizing different type carbon sources also were significantly changed under different treatments, polymers and carbohydrates were mainly used under drought condition (39.25% and 36.53%, respectively), while amino acids mainly used (36.33%) under flooding condition. Metabolic characteristics of soil microbial carbon source reached a stable state on the 21st day, while soil physiochemical properties and soil microbial community structure were changed significantly on the 72nd day. At the same time, it was found that soil pH and ammonium nitrogen content were increased and microbial community diversity was decreased under flooding condition. The results suggest that water status not only affects metabolic activity of total carbon source, but also changes the relative utilization ability of different carbon sources, and then changes soil environment in wetland soil.

Key words: Wetland; Soil microbe; Water condition; Carbon source utilization; Functional diversity