

雍城湖湿地土壤理化性质与微生物及植物群落的关系

赵国慧¹,李哲哲¹,胡少军²,程晓菲²,弓 弼^{1*}

(1. 西北农林科技大学 风景园林艺术学院,陕西 杨陵 712100;2. 凤翔县林业局,陕西 凤翔 721400)

摘要:以陕西凤翔县雍城湖湿地为对象,研究湿地对土壤理化性质、土壤微生物和植物群落的影响及相互关系。按照离岸 0、10、20、30、40、50 m 分别划取 6 个标准样方(D0、D10、D20、D30、D40、D50),以水体(W)、淤泥(S)为对照,采用多种土肥分析方法测定各样方土壤理化性质;利用高通量测序技术分析土壤微生物的结构特点和多样性特征;利用样方法调查植物的种类、数量及分布特征;对比探究土壤理化性质、土壤微生物及植物群落变化间的联系。结果表明:1)研究区域内土壤均为碱性;随着离岸距离的增加,土壤含水量下降,全 N(TN)、速效 N(AN) 和有机质(OM) 含量均表现为 D0~D20 高于后 D30~D50;全 K(TK) 含量变化不明显;速效 K(AK) 含量在 D30~D50 样方逐渐增加;全 P(TP) 含量呈现先升高后降低的趋势。土壤 OM 与 TN、AN 之间两两极显著正相关($P < 0.01$)。土壤 pH 值与 TN 和 OM 呈现显著负相关($P < 0.05$)。2)土壤微生物群落多样性指数整体呈现随离岸距离的增加而逐渐减小的趋势。聚类分析结果表明,D0~D20 和 D30~D50 群落结构各自相似,且两组间具有差异性。3)由 D0 到 D50,植物呈现空心莲子草-青麻-稗草-野塘蒿的群落变化趋势。物种丰富度呈现出先下降后升高的趋势。4)变形菌门丰度变化与全 N 含量的变化趋势一致;酸杆菌门和放线菌门的丰度变化与有机质含量的变化趋势相反。无论是土壤理化性质还是土壤微生物群落,在研究区域内总表现出前 D0~D20 与 D30~D50 间的显著差异性。距湿地水体 50 m 范围内,土壤 TN、AN、OM、微生物多样性指数总体随含水量减少、pH 增加而下降,并呈现以 30 m 为阶梯的阶段性变化;TK、AK、TP 变化规律性不强。土壤理化性质与土壤微生物多样性及其群落构成具有一定的相关性。植物群落优势物种随与湿地水体距离的变化趋势明显。植物群落对土壤微生物群落结构及分布的影响规律不明显。

关键词:湿地;土壤微生物;高通量;理化性质;植物群落

中图分类号:S151.9 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-7461(2020)05-0240-09

The Relationship among Soil Physicochemical Properties&Microorganisms and Phytocommunity in Yongcheng Lake Wetland

ZHAO Guo-hui¹, LI Zhe-zhe¹, HU Shao-jun², CHENG Xiao-fei², GONG Bi^{1*}

(1. College of Landscape Architecture and Art, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China;

2. Fengxiang Forestry Bureau, Fengxiang 721400, Shaanxi, China)

Abstract:Taking the wetland of Yongcheng Lake in Fengxiang, Shaanxi Province as research object, soil physicochemical properties, microorganisms, and plant communities as well as their interrelations were investigated. Six standard quadrats (D0, D10, D20, D30, D40 and D50) were settled according to the offshore distances of 0, 10, 20, 30, 40 and 50 m, respectively. The soil physicochemical properties were measured by different soil analytical methods. The structure and diversity of soil microorganisms were analyzed by high throughput sequencing. The species, quantity and distribution of plants were analyzed by quadrat method.

收稿日期:2019-04-03 修回日期:2020-06-09

基金项目:陕西凤翔雍城湖国家湿地公园生态环境监测与评价研究(K4030218366)。

作者简介:赵国慧。研究方向:风景园林规划设计。E-mail:154888154@qq.com

*通信作者:弓 弼,教授,博士生导师。研究方向:风景园林规划设计。E-mail:544635562@qq.com

Interrelations between soil physicochemical properties, plant communities and soil microorganisms were explored by One-Way ANOVA and clustering analysis. 1) Soil in the study area was all alkaline. The soil moisture content declined with the increase of the distance from water shore. The contents of total nitrogen (TN), available nitrogen (AN), organic matter (OM) from D0—D20 were higher than those from D30—D50. The change of total potassium (TK) content was not significant and the available potassium (AK) content gradually increased from D30—D50. The total phosphorus (TP) content increased first and then decreased. Soil OM content was positively correlated with TN and AN ($P < 0.01$). Soil pH was negatively correlated with TN and OM content ($P < 0.05$). 2) Soil microbial diversity index showed a decreasing trend with the increase of the distance from water shore. The results of clustering analysis showed that the structures of microorganism community were similar within the groups of D0—D20, D30—D50, respectively, while differed between the two groups. 3) From D0 to D50, dominant plant communities were *Alternanthera philoxeroides*-*Abutilon theophrasti*-*Echinochloa crusgalli*-*Conyza bonariensis*. With the increase of the distance from the water shore, the species richness decreased first and then increased. 4) The variation trend of Proteobacteria abundance was consistent with the variation trend of TN content. The variation trend of Acidobacteria, and Actinobacteria abundance was opposite to the variation trend of OM content. Soil physicochemical properties and soil microbial community, all showed a significant difference between the first three sample plots of D0—D20 and the last three plots of D30—D50. Within 50 m from the water shore, TN, AN, OM, microbial diversity index decreased with the decrease of water content and the increase of pH, and showed a stage-change character with 30 m as a ladder. TK, AK and TP changed not regularly. Soil physicochemical properties had certain correlation with soil microbial diversity and community composition. The dominant species of plant community changed significantly with the distance from water shore. The effect of plant community on soil microbial community structure and distribution was not obvious.

Key words: wetland; soil microorganism; high throughput; physicochemical property; plant community

湿地作为陆地生态系统和水域生态系统之间独特的过渡性自然综合体,是生物多样性最丰富的自然景观和地球上最重要的生态环境之一^[1],在维护生物多样性、保持水土、涵养水源、调节气候、降解污染物等方面发挥着不容小觑的作用^[2-3]。雍城湖湿地地处渭北黄土台塬与低山丘陵过渡区,对半干旱气候区域内水源涵养、动植物栖息、生物多样性和区域内生态系统的平衡具有重要意义^[4]。对于湿地的长期健康发育以及生物多样性而言,除动植物以外,微生物和环境因子同样也很重要。目前对于湿地微生物、土壤、植物群落的研究多集中于分析其中任意两者间的关系^[5-6],而少有分析在同一生境下,随着与湿地水体的距离变化,湿地土壤理化性质、微生物群落、植物群落展现出的渐进变化。而在湿地这一复杂的生态系统中,在水陆交替之际,水分、土壤养分、地形等会展示出许多梯度的变化。本研究从湿地的水文条件出发,以雍城湖湿地植被区为对象,选取6个距湿地水平距离不同的样方模型,探究距离湿地水体远近不同的情况下,不同距离样方内土壤理化性质、植物群落、土壤微生物群落结构与多样性变化,补足湿地生物多样性研究的短板,同时也为西北半干旱区湿地生态系统的保护与修复提供理论

依据,为湿地公园保护体系的构建提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

雍城湖湿地位于陕西省关中平原西部的凤翔县中部($107^{\circ}19'10''$ — $107^{\circ}28'25''$ E, $34^{\circ}28'40''$ — $34^{\circ}39'45''$ N),是以河流、库塘湿地为主体的湿地生态系统,是我国西部重要的湿地保护区。湿地地处半干旱暖温带大陆性季风气候区,光照充足,四季分明,年平均气温11.5℃,年平均降水量625.0 mm,区域年降水量不足,年际变差大,时空分布不均,有明显的季节性。

1.2 样方设计与布置

在研究区内选取合适的撂荒地作为试验区域,区域内地形平整,无硬质铺装以及人为干扰痕迹,覆盖的植被均为草本植物。距湿地水体水平距离0、10、20、30、40、50 m位置(以样方中距离湿地水体最近的边为标准)的撂荒地,依次划取6个5 m×5 m的样方,编号为D0、D10、D20、D30、D40、D50,分别在每个大样方中采用五点取样法,在中心点及4个顶点划取5个1 m×1 m的小样方(图1)。样品采集于2019年8月中旬,在晴朗天气情况下,8:00—

11:00 采集土壤、水体样品并进行植被调查。

1.3 土壤取样

用无菌铲铲去表土,再用带有直径 8 cm 铝盒的无菌土钻分别采集每个大样方(即 D0、D10、D20、D30、D40、D50)内深度 5~20 cm 的土样,将每个大样方内同一对角线上 3 个小样方内的土样作为 3 个生物学重复(图 1)。每个重复打取 3 盒土样装入无菌袋中混匀,按照四分法取出 1/4 的量装入无菌试管瓶中,用于微生物测定。其余 3/4 用于土壤理化性质测定。在河道内距岸边 1 m 处采集水(W)和淤泥(S)样品作为微生物群落测定结果的对照。

1.4 土壤微生物测定

将采集的微生物测定样品放入含有冰袋的保温盒中,迅速转移至实验室-80°C 的超低温冰箱中,进行后续的 DNA 基因组提取与检测。利用 16S rD-

NA 扩增子测序技术对土壤样本微生物进行分析。经过 Reads 拼接过滤,OTUs 聚类,进行物种注释、丰度分析,多样性分析等,揭示样本中物种组成和样本间群落结构的差异。

1.5 土壤理化性质测定

将 1.3 所述的其余 3/4 土样带回实验室,一部分直接测定含水量,一部分经风干、去杂质、研磨、过筛后,进行 pH 值、有机质、N、P、K 等土壤理化性质的测定。用电位法测定土壤 pH 值;用烘干法测定土壤的含水量;用重铬酸钾容量法测定土壤有机质含量;用重铬酸钾硫酸消化法测定土壤全 N 含量^[7];用碱解扩散吸收法测定土壤速效 N 含量;用钼锑抗比色法测定土壤全 P 含量^[8];用硝酸、高氯酸、氢氟酸消解—火焰光度计法测定土壤的全 K 含量;用醋酸铵浸提—火焰光度计法测定土壤的速效 K 含量^[9]。

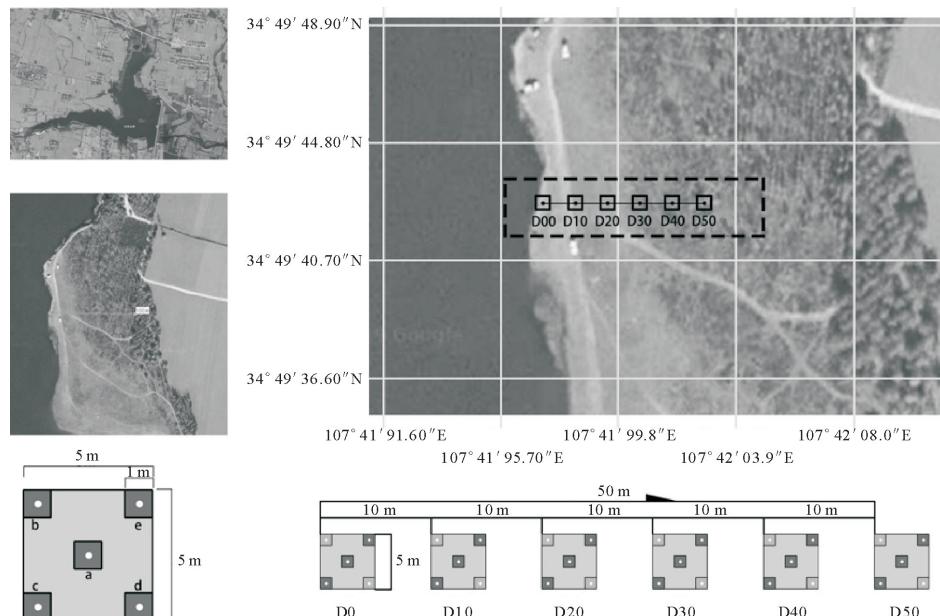


图 1 样方设计与布置区域

Fig. 1 Design and arrange areas of quadrats

1.6 数据分析

用 Excel 2010 进行数据统计与分析。利用 Uparse 软件对所有样本的全部有效序列(Effective Tags),以 97% 的一致性(Identity)进行 OTUs 聚类,然后对 OTUs 的序列进行物种注释。利用 SPSS 20.0 进行单因素方差分析和相关性分析。

2 结果与分析

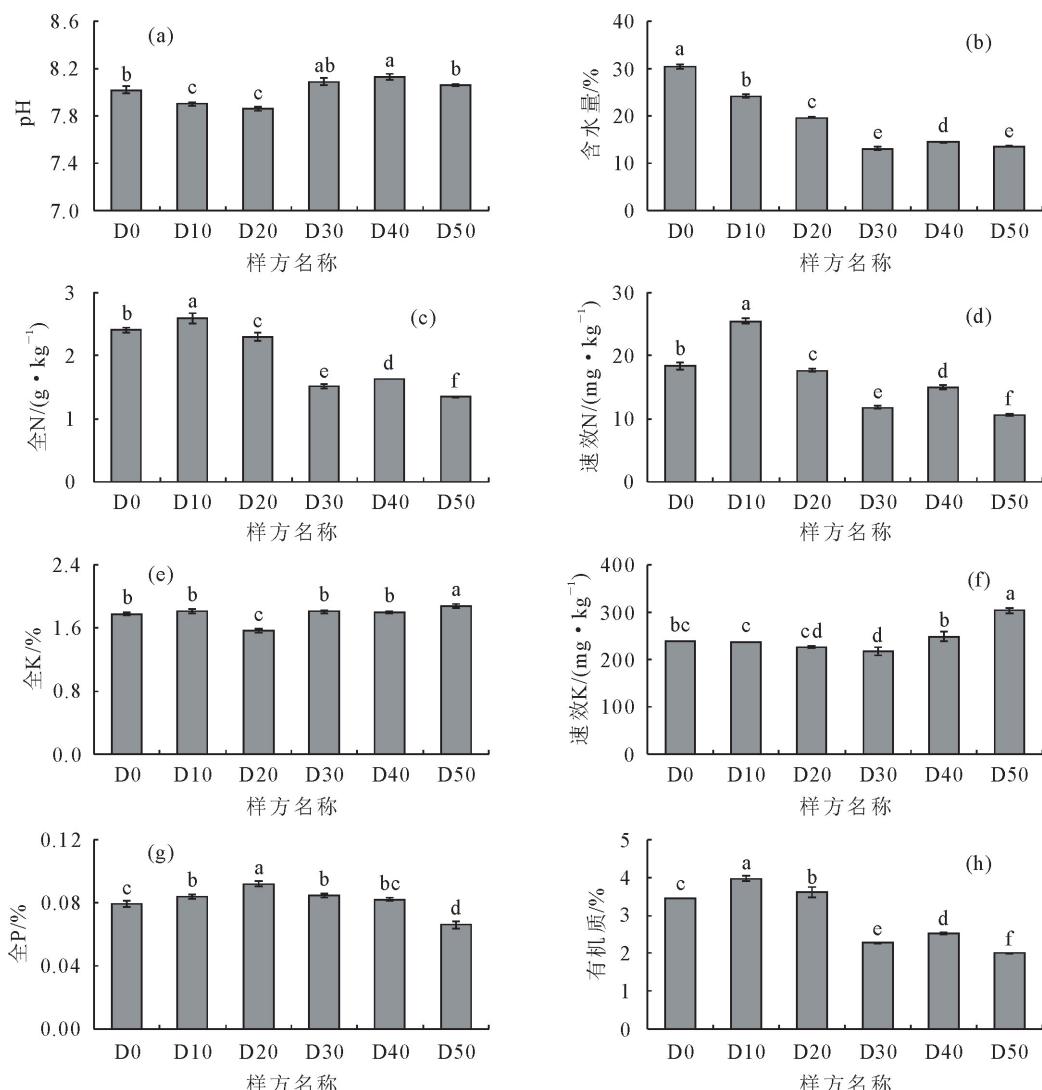
2.1 不同样点土壤理化性质分析

对不同样点土壤 pH 值、含水量(SWC)、全 N(TN)、速效 N(AN)、全 K(TK)、速效 K(AK)、全 P(TP)、有机质(OM)的含量变化进行分析。由图 2 可知,研究区域内土壤均为碱性,属于典型的西北半

干旱地区土壤,pH 值为 7.86~8.13;后 3 个样点(D30~D50)土壤的碱性更强于前 3 个样点(D0~D20),差异显著($P < 0.05$)。土壤含水量虽然随着距岸边的距离增加呈现下降趋势,但是在 D30 后变化趋于稳定,D30 和 D50 间差异不显著,其余相邻样点间差异显著($P < 0.05$)。土壤全 N 含量由 D0 到 D10 升高,之后随距岸边距离的增加总体下降,各样点间差异显著($P < 0.05$),可是前 3 个样点(D0~D20)与后 3 个样点(D30~D50)间差距更明显。土壤速效 N 含量变化与全 N 趋于一致。土壤中全 K 含量在 D20 中最低,D50 最高,D0、D10、D30 和 D40 居中,3 组间差异显著($P < 0.05$)。土壤速效 K 含量在前 4 个样点(D0~D30)中变化幅度不大,却

由 D40 到 D50 显著增加 ($P < 0.05$)。土壤全 P 含量整体上呈现先升高后下降的趋势, 以 D20 最高, D30 和 D40 差异不显著, 其余相邻样点间差异显著

($P < 0.05$)。土壤有机质含量随距离变化趋势与全 N 一致, 并且前 3 个样点 (D0~D20) 有机质含量更显著高于后 3 个样点 (D30~D50) ($P < 0.05$)。



注: 图中不同字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著。

图 2 土壤 pH 值(a)、含水量(b)、全 N 含量(c)、速效 N 含量(d)、全 K 含量(e)、速效 K 含量(f)、全 P 含量(g)和有机质含量(h)变化

Fig. 2 Changes of pH(a), SWC(b), TN(c), AN(d), TK(e), AK(f), TP(g) and OM(h) contents in soil

2.2 不同样点土壤微生物群落分析

2.2.1 土壤微生物 OTU 数量及微生物群落多样性 α 多样性指数综合反映了微生物群落的丰富度和均匀度等多样性指标^[10]。其中 Chao1 和 ACE 指数用来估算微生物群落的丰度, 数值越大说明群落丰富度越高^[11-12]。Shannon 和 Simpson 指数用来估算微生物群落的多样性, 指数数值越大说明群落多样性越高^[13]。由表 1 可以看出, 湿地土壤微生物 (D0~D50) α 多样性指数总体上表现出随着离岸距离的增加而下降的变化趋势。湿地水体 (W) 与土壤微生物多样性水平相当, 淤泥 (S) 中微生物多样性最差。各样点的 Goods-coverage 指数数值均在

99.1%~99.4%, 说明样本测序深度合理, 测序结果可以很好地反映不同样点中微生物多样性的真实情况^[14]。

2.2.2 土壤微生物在门分类水平上的相对丰度变化 6 个土壤样点及水体 (W) 和淤泥 (S) 样点在门分类水平上最大丰度排名前 10 的物种见图 3。在 D0~D50 中, 变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度最高 (39.81%~66.06%), 其次是酸杆菌门 (Acidobacteria) (12.07%~26.00%)、放线菌门 (Actinobacteria) (1.93%~7.18%) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) (2.44%~8.16%); 厚壁菌门 (Firmicutes)、奇古菌门 (Thaumarchaeota)、芽单胞菌门

(Gemmataimonadetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 的相对丰度较低, 在 0.12%~5.74%; 蓝细菌门 (Cyanobacteria) 的相对丰度最低 (<0.05%)。变形菌门作为丰度最高的菌门, 其多为专性或兼性厌氧代谢^[15], 包含许多与有机物和无机物代谢有关的菌属^[16]; 变形菌门中同时也包含硝化菌属和绝大多数的反硝化菌属^[17-18], 他

们与氮循环密切相关。酸杆菌门是土壤物质循环和生态过程中的重要菌门, 尤其对植物残体降解具有十分重要的作用^[19], 并且在寒冷的北方土壤中表现良好^[20]。放线菌门是一类在厌氧硝化反应中具有重要功能的革兰氏阳性细菌类群^[21], 具有分解土壤中有机质的重要功能^[22]。拟杆菌门广泛存在于湿地土壤中, 是一类厌氧腐生菌^[23-24]。

表 1 土壤微生物 OTU 数量及 α 多样性指数

Table 1 Microbial OTU numbers and alpha diversity indexes in soil

样方名称	OTU 数量	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数	Goods-coverage 指数
S	991	6.267	0.958	1257.250	1277.418	0.994
W	2337	9.024	0.994	2489.880	2579.285	0.991
D0	2522	9.335	0.995	2732.731	2766.069	0.991
D10	2346	9.151	0.995	2591.645	2597.984	0.991
D20	2559	9.346	0.995	2720.955	2759.192	0.992
D30	2347	9.125	0.994	2579.464	2598.689	0.991
D40	2353	9.183	0.995	2597.694	2583.097	0.991
D50	2288	9.004	0.992	2474.516	2480.763	0.992

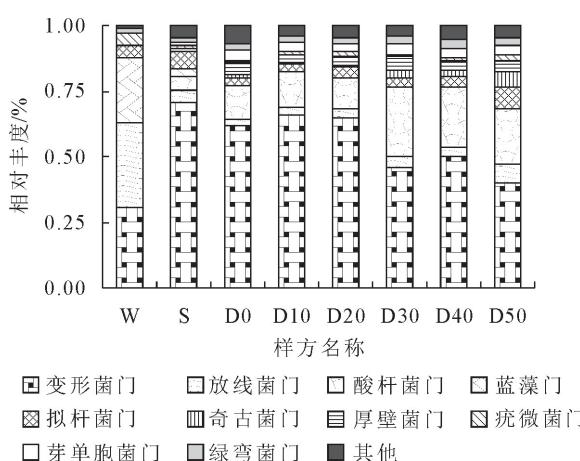


图 3 土壤微生物在门分类水平上的相对丰度变化

Fig. 3 Changes of relative abundance of soil microorganisms in phylum level

2.2.3 土壤微生物 UPGMA 聚类树分析 聚类分析可以很好地研究不同群落间的相似性^[25], 本研究以 Unweighted Unifrac 距离矩阵和 Weighted Unifrac 距离矩阵对土壤微生物群落进行 UPGMA 聚类分析, 并将基于 Unweighted Unifrac 距离的聚类结果与各样点在门水平上的物种相对丰度整合展示。由图 4 可知, 在 Unweighted Unifrac 距离 0.15~0.18 范围内, D0、D10 和 D20 聚为一支, D30、D40 和 D50 聚为一支, 水体和水下淤泥样各自为一支, 表明水体及淤泥和 6 个土壤样点的微生物群落各不相同, 距水体较近的 D0、D10 和 D20 这 3 个样方微生物群落结构具有相似性, 距水体较远的 D30、D40 和 D50 这 3 个样方微生物群落结构具有相似性, 并且 D0-D20 和 D30-D50 的群落结构具有差异性, 且二者与水体及淤泥群落也有较大差异性。

基于 Weighted Unifrac 距离的聚类结果与 Unweighted Unifrac 距离的聚类结果一致。

2.3 不同样方植物群落分析

2.3.1 不同样方植物物种丰富度的变化 对研究区域植被进行调查与统计, 并计算物种丰富度来反映各样方植物的多样性程度^[26], 结果见表 2。区域内植被覆盖均为草本植物, 共计 9 科 25 属 28 种。随着与湿地水体距离的增大, 各样点的物种丰富度呈现先下降后升高的趋势, D50 的物种丰富度最高, D20 的物种丰富度最低。出现这一趋势的原因是在靠近水源的 D0、D10 样点, 水分充足且变化范围大, 耐水淹及喜湿的草本植物均能生长, 所以物种丰富度较高。而远离水源的 D40、D50 样点, 处于草本和乔木的生态交错带 (Ecotones)^[27], 也就是草本群落-乔木群落的过渡区域, 兼具两者的生态特征, 是植物多样性较高的区域, 物种丰富度也相应较高。

2.3.2 不同样方植物群落变化分析 研究区域样方内植物群落距水体由近及远呈现出空心莲子草 (*Alternanthera philoxeroides*) - 青麻 (*Abutilon theophrasti*) - 稗草 (*Echinochloa crusgalli*) - 野塘蒿 (*Conyza bonariensis*) 的群落变化。由于距离湿地水体距离的不同, 植物群落优势物种在分布上随水分梯度变化而变化的趋势明显。靠近湿地水体的 D0 样方中以适宜在长期水淹环境中生长的空心莲子草为优势种, 同时伴生有大量的水蜈蚣 (*Kyllinga brevifolia*) ; 在 D10 中出现青麻植物带, 与河岸线平行分布且分布均匀; 伴生种为狗牙根和稗草; 寄生植物菟丝子 (*Cuscuta chinensis*) 缠绕在青麻与鬼针草 (*Bidens pilosa*) 上生长。D20 中植被以稗草

为优势物种,伴生有大量的狗牙根,空心莲子草和打碗花(*Calystegia hederacea*)偶有出现。D30 样方中,车前草(*Plantago depressa*)成为优势物种,且稗草作为伴生种数量也很多,偶见种为旋覆花(*Inula japonica*)和莎草(*Cyperus rotundus*)。在 D40

样方中,菊科植物开始占据主要优势,猪毛蒿(*Artemisia scoparia*)为优势物种,长势良好。在 D50 中,野塘蒿占据主要优势,伴生有一部分雀稗(*Paspalum thunbergii*),同时蛇莓(*Duchesnea indica*)开始大量出现。

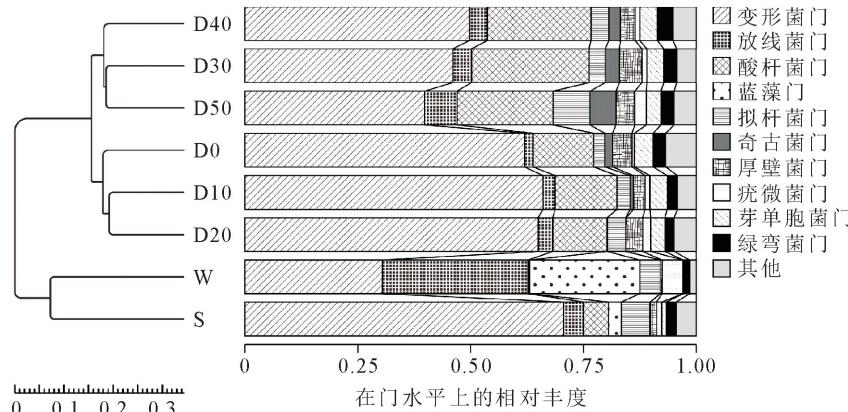


图 4 基于 Unweighted Unifrac 距离的 UPGMA 聚类树

Fig. 4 UPGMA clustering trees based on Unweighted Unifrac distance

表 2 植物种类数量及物种丰富度统计

Table 2 Statistics on numbers of species and specie richness of plants

科	D0		D10		D20		D30		D40		D50	
	属	种	属	种	属	种	属	种	属	种	属	种
禾本科(Gramineae)	2	2	4	4	2	2	2	2	3	3	4	4
菊科(Asteraceae)	2	2	1	1	1	1	4	4	6	6	7	7
蓼科(Polygonaceae)	1	3	1	2	1	0	1	0	1	1	1	1
苋科(Amaranthaceae)	2	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
莎草科(Cyperaceae)	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
旋花科(Convolvulaceae)	0	0	2	2	1	1	0	0	1	1	0	0
蔷薇科(Rosaceae)	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
锦葵科(Malvaceae)	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
车前科(Plantaginaceae)	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
物种丰富度	11		12		6		8		12		14	

由此可以看出,在不同样方中各个植物的优势程度也随水分梯度发生着差异性变化。比如空心莲子草在 D0 中为优势物种,而在 D30 中虽有分布,但已不是优势种,分布极少,到 D40 时已没有分布。娄彦景等^[28]在洪河湿地保护区的研究中认为,这一优势度的变化,与土壤水分、水质、理化性质以及光照温度等环境因素都有密切关联。

2.4 土壤理化性质与微生物群落的相关性分析

2.4.1 土壤微生物多样性与土壤理化性质的关系

对湿地土壤微生物 α 多样性指数与土壤理化性质进行相关性分析(表 3)。由表 3 可知,微生物 Shannon 指数与土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量呈负相关;与含水量、全 N、速效 N、全 P、有机质含量呈现正相关。微生物 Simpson 指数与土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量呈负相关;与含水量、全 N、速效 N、有机质含量呈现正相关,其中 Simpson 指数与全 P 含

量呈现显著正相关($P < 0.05$)。微生物 Chao1 指数与土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量呈负相关;与含水量、全 N、速效 N、全 P、有机质含量呈正相关。微生物 ACE 指数与土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量呈负相关;与含水量、全 N、速效 N、全 P、有机质含量呈正相关。由此可以看出,土壤的碱性过强、K 含量过多,都会对微生物的生长与分布产生抑制作用,使得微生物多样性减弱;而土壤中的含水量、N 含量、P 含量以及有机质在一定程度上会促进微生物群落的生长与分布,微生物多样性增强。

2.4.2 土壤微生物主要菌门与土壤理化性质的关系

选取湿地土壤中微生物相对丰度前四的菌门,进行土壤微生物的主要菌门与土壤理化性质的相关性分析(相关系数表略)。变形菌门与土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量呈负相关,与含水量、全 P 含量呈正相关;其中,与速效 N 呈显著正相关($P < 0.05$),

与全 N 和有机质含量呈极显著正相关($P<0.01$)。酸杆菌门与含水量、速效 N、全 P 含量呈负相关,与全 K 和速效 K 含量呈现正相关;与 pH 值呈显著正相关($P<0.05$),与全 N 和有机质含量呈显著负相关($P<0.05$)。放线菌门与 pH 值、全 K 和速效 K 含量呈正相关,与含水量、速效 N、全 P 含量呈负相关;其中,与全 N 和有机质含量呈显著负相关($P<$

0.05)。拟杆菌门与 pH 值、全 K 含量呈正相关,与含水量、全 N、速效 N、全 P、有机质含量均呈负相关;与速效 K 含量呈显著正相关($P<0.05$)。由此可以看出,变形菌门、酸杆菌门、放线菌门与全 N 和有机质含量的相关性都很强,酸杆菌门也较易受土壤 pH 值的影响,拟杆菌门与土壤中速效 K 的含量密切相关。

表 3 微生物多样性指数与土壤理化性质的相关性分析

Table 3 The correlation between microbial diversity index and soil physical and chemical characters

	pH	SWC	TN	AN	TK	AK	TP	OM	Shannon	Simpson	Chao1	ACE
pH	1	-0.486	-0.845*	-0.690	0.663	0.290	-0.495	-0.825*	-0.468	-0.353	-0.462	-0.503
SWC		1	0.758	0.723	-0.208	-0.281	0.175	0.796	0.655	0.551	0.696	0.694
TN			1	0.950**	-0.512	-0.493	0.580	0.996**	0.690	0.719	0.710	0.701
AN				1	-0.259	-0.403	0.452	0.936**	0.435	0.689	0.449	0.412
TK					1	0.535	-0.774	-0.537	-0.786	-0.544	-0.746	-0.761
AK						1	-0.909*	-0.503	-0.629	-0.794	-0.663	-0.650
TP							1	0.583	0.694	0.817*	0.686	0.665
OM								1	0.697	0.739	0.688	0.675
Shannon									1	0.789	0.994**	0.980**
Simpson										1	0.787	0.718
Chao1											1	0.992**
ACE												1

注: * 表示在 $P<0.05$ 水平上显著相关; ** 表示在 $P<0.01$ 水平上极显著相关。

3 结论与讨论

雍城湖湿地土壤均为碱性土壤。随着离岸距离的增加土壤含水量下降;全 N、速效 N 和有机质含量均表现为前 3 个样方(30 m 前)高于后 3 个样方(30 m 后);全 K 含量变化不明显;速效 K 含量在后 3 个样方逐渐增加;全 P 含量呈现先升高后降低的趋势。

土壤微生物群落多样性指数整体呈现出随着与湿地水体距离的增加而逐渐减小的趋势,并表现为前 3 个样方、后 3 个样方群落结构各自相似,两者之间具有差异性的特点。变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和拟杆菌门为湿地土壤中的优势菌门。

以 α 多样性指数相应而言,湿地土壤含水量、全 N、速效 N、全 P、有机质含量促进微生物多样性,土壤 pH 值、全 K、速效 K 含量则有抑制作用。

植物群落优势物种随着与湿地水体距离的变化趋势明显,呈现空心莲子草-青麻-稗草-野塘蒿的群落变化趋势。植物物种丰富度随着与湿地水体距离的增大,呈现出先下降后升高的趋势。植物群落对土壤微生物群落结构及分布的影响规律不明显,有待进一步研究。

湿地土壤理化性质随湿地水体水平距离的变化特征

雍城湖湿地土壤均为碱性,是因为该区域处于半干旱区,全年降水量不足,年降水量远少于蒸发量,且

土体淋溶弱。距岸边 30 m(D30)内因土壤含水量较高,淋溶作用强于 30 m 外,而使其碱性减弱,pH 值略低。随着离岸距离的增大, pH 值升高,呈现含水量逐渐降低,有机质含量下降,全 N 和速效 N 含量降低的趋势。湿地各样点有机质、总 N 和速效 N 含量均呈现出 D0~D20 高于 D30~D50,三者之间呈现出两两极显著正相关($P<0.01$)。这也与白军红等^[29]的研究结果一致,他认为湿地土壤中氮的含量与有机质含量成正比,湿地的过滤作用与大量的氮输入是造成这一结果的主要原因。本研究还发现,土壤含水量、有机质、全 N 和速效 N 含量均在 D20~D30 变化幅度最大,表明湿地水体对周边土壤理化性质的影响以 30 m 为一个变化梯度。全 K 含量变化不明显,速效 K 含量在后 3 个样方逐渐增加,其原因有待进一步研究。全 P 的含量呈现先升高后降低的趋势,D0、D10 含量低于 D20,这是因为 D0、D10 样点更靠近湿地水体,在土壤中以磷酸盐的形式存在的无机磷易发生淋失现象,与邻近水体发生交换,导致土壤中 P 的流失^[30]。

湿地土壤理化性质与土壤微生物的关系 距离湿地水体最远的 D50 土壤微生物群落丰富度和多样性都处于较低水平,意味着土壤水分对微生物群落多样性具有促进作用。但是,含水量更大的淤泥(S)中微生物多样性急剧减少,水体(W)又恢复到岸上湿地土壤中的水平,表明土壤水分过多又影响了

土壤通气性,不利于微生物生存,以离岸30 m内的湿度最适宜。水体中虽然微生物丰富度与岸上湿地接近,其种类组成却可能变成了与土壤样点中完全不同的类型,聚类分析中W和S各自聚为一支就是证据。变形菌门与N含量以及有机质含量相关性显著,是因为变形菌门中包含许多与氮循环有关的菌属,进行氨氧化过程进行固氮^[31]。变形菌门作为土壤中丰度最高的菌门,其生理及物质循环过程不仅影响土壤中无机元素含量的多寡,还会间接影响其他菌门的生化过程及分布,支持了席雪飞等^[32]的观点,他们认为土壤有机质含量的多寡会影响土壤中微生物的分布与活性。酸杆菌门作为研究区域内相对丰度第二的菌门,其丰度与有机质含量的变化趋势相反。这是由于酸杆菌门降解植物残体,将土壤中有机质转化为无机物。酸杆菌门一般具有嗜酸的特点,多在酸性土壤中大量分布,在相关性分析结果中也显示与土壤pH值显著相关。而此次在碱性土壤中测出,并且丰度较高,也说明酸杆菌并非真正的嗜酸菌,这也与J. Xiong *et al.*^[33]的研究具有相似之处。土壤微生物门分类水平上的聚类分析表明,前3个样方(D0、D10和D20)的群落结构相似,后3个样方(D30、D40和D50)的群落结构相似。无论土壤理化性质还是土壤微生物群落的分析结果,在研究区域内土壤微生物门分类水平上也表现出前3个样方与后3个样方各自聚为一支的差异,表明湿地水体对微生物多样性的影响也以30 m左右为梯度,进一步显示了土壤理化性质还是土壤微生物群落多样性间的交互作用。其具体作用规律可在今后的研究中将样方范围以及距离扩大作深入探究。

湿地植物群落对土壤微生物的影响 由于研究区是撂荒地,没有经过人为耕作管理,杂草丛生,1年生杂草种子第2年又自发散落在土壤中,规律性不强,对微生物多样性的影响甚微。C. Ahn *et al.*^[34]的研究也发现植被的出现与否并没有影响到微生物的群落特征,这也许是因为植被对微生物的影响作用可能与植被类型或植物演替阶段有关。而植物未对微生物的分布及数量特征产生影响,也可能与各类植物根际分泌物所形成的复杂的微环境有关^[35]。在其他研究中,也有提出植被对土壤微生物的影响具有促进和抑制作用。抑制作用主要是因为植被与土壤微生物对环境资源的竞争关系,促进作用主要是植物的根际效应分泌有机物促进微生物生长,影响微生物多样性和活性等^[36-41]。因此在未来的研究中,可进一步讨论植物是否影响土壤微生物的群落结构和分布及其作用机理,探究植物群落分布与土壤微生物群落之间是否具有某种耦合关系。

参考文献:

- [1] 熊伟伟,刘慧,彭建,等.我国湿地生物多样性研究综述[J].四川林业科技,2016,37(2):27-31.
- [2] 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.
- [3] 赵鹏飞,郭淮,郭净净,等.黄河湿地孟津段生态环境状况及对策研究[J].西北林学院学报,2019,34(1):170-174,197.
ZHAO T F, GUO Z, GUO J J, *et al.* Ecological environment of Mengjin Yellow River wetland and improvement measures[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2019, 34(1): 170-174, 197. (in Chinese)
- [4] 朱海强,李艳红,李发东.艾比湖湿地典型植物群落土壤酶活性季节变化特征[J].应用生态学报,2017,28(4):1145-1154.
ZHU H Q, LI Y H, LI F D. Seasonal variations of soil enzyme activities in typical plant communities in the Ebinur Lake wetland[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, 28 (4): 1145-1154. (in Chinese)
- [5] 张燕,周巧红,张丽萍,等.冬季湿地植物根际微生物群落结构多样性分析[J].环境科学与技术,2013,36(11):108-111,162.
- [6] 苏小莉,吕立鑫,刘晨宇,等.七星河湿地微生物数量与理化性质相关性研究[J].哈尔滨师范大学自然科学学报,2018,34(4):74-80.
SU X L, LU L X, LIU C Y, *et al.* The research about correlation between soil microbial quantity and soil physicochemical properties in Qixing River wetland[J]. Nature Sciences Journal of Harbin Normal University, 2018, 34(4): 74-80. (in Chinese)
- [7] 武琳慧.鸟梁素海湿地微生物群落结构及其空间异质性研究[D].呼和浩特:内蒙古大学,2014.
- [8] 纪垚.七星河湿地微生物群落结构与环境因子响应研究[D].哈尔滨:哈尔滨师范大学,2017.
- [9] 于连海.坝上闪电河湿地草本植物群落空间分布及环境解释[D].保定:河北农业大学,2018.
- [10] 武俊男,刘昱辛,周雪,等.基于 Illumina MiSeq 测序平台分析长期不同施肥处理对黑土真菌群落的影响[J].微生物学报,2018,58(9):1658-1671.
WU J N, LIU Y X, ZHOU X, *et al.* Effects of long-term different fertilization on soil fungal communities in black soil based on the Illumina MiSeq platform[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2018, 58(9): 1658-1671. (in Chinese)
- [11] 路丹,雷静,韦燕燕,等.短期免耕和垄作对稻田土壤微生物群落及多样性指数的影响[J].西南农业学报,2015,28(4):1670-1674.
- [12] ROBINSON C J, BOHANNAN B J M, YOUNG V B. From structure to function:the ecology of host-associated microbial Communities[J]. Microbiology& Molecular Biology Reviews Mmbr, 2010, 74(3): 453-76.
- [13] 李秀清,李晓红.鄱阳湖湿地不同植物群落土壤养分及微生物多样性研究[J].生态环境学报,2019,28(2):385-394.
LI X Q, LI X H. Variation of soil nutrients and microbial community diversity in the wetland of Poyang Lake[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, 28(2): 385-394. (in Chinese)
- [14] 靳希桐,胡文革,贺帅兵,等.不同时期艾比湖湿地盐角草群落土壤固氮微生物的多样性分析[J].微生物学报,2019,59(8):

- 1600-1611.
- JIN X T, HU W G, HE S B, et al. Diversity of soil nitrogen-fixing microorganisms in *Salicornia europaea* community of Ebinur Lake wetland during different periods[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, 59(8): 1600-1611. (in Chinese)
- [15] 李振灵, 丁彦礼, 白少元, 等. 潜流人工湿地基质结构与微生物群落特征的相关性[J]. *环境科学*, 2017, 38(9): 3713-3720.
- [16] LIU J, YI N K, WANG S, et al. Impact of plant species on spatial distribution of metabolic potential and functional diversity of microbial communities in a constructed wetland treating aquaculture wastewater[J]. *Ecological Engineering*, 2016, 94: 564-573.
- [17] VYMAZAL J. Removal of enteric bacteria in constructed treatment wetlands with emergent macrophytes: a review[J]. *Environmental Letters*, 2005, 40(6/7): 1355-1367.
- [18] STOTTMEISTER U, WIESSNER A, KUSCHK P, et al. Effects of plants and microorganisms in constructed wetlands for wastewater treatment[J]. *Biotechnology Advances*, 2003, 22(1/2): 93-117.
- [19] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14-20.
- WANG G H, LIU J J, YU Z H, et al. Research progress of Acidobacteria ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2): 14-20. (in Chinese)
- [20] CHENG W, ZHANG J X, WANG Z, et al. Bacterial communities in sediments of a drinking water reservoir[J]. *Ann Microbiol*, 2013, 64(2): 875-878.
- [21] ARIESYADY H D, ITO T, OKABE S. Functional bacterial and archaeal community structures of major trophic groups in a full-scale anaerobic sludge digester[J]. *Water Research*, 2007, 41(7): 1554-1568.
- [22] LÜ X F, YU Y Q, MA B, et al. A Meta-analysis of the Bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. *The Scientific World Journal*, 2014(1): 1-12.
- [23] LIU M, LI Y H, LIU Y, et al. Flavobacterium phragmitis sp. nov. an endophyte of reed (*Phragmites australis*)[J]. *International Journal of Systematic & Evolutionary Microbiology*, 2011, 61(11): 2717-2721.
- [24] XIAO Y P, HUI W, LEE J S, et al. Flavobacterium dongtanense sp. nov. isolated from the rhizosphere of a wetland reed[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2011, 61(2): 343-346.
- [25] 李玉鑑, 徐立业. 不加权算术平均组对方法的改进及应用[J]. *北京工业大学学报*, 2007, 33(12): 1333-1339.
- LI Y, XU L. An improvement for unweighted pair group method with arithmetic mean and its application[J]. *Journal of Beijing University of Technology*, 2007, 33(12): 1333-1339. (in Chinese)
- [26] 李欣蕊, 弓弼, 高丽娟, 等. 千渭之会国家湿地公园植物多样性调查评价[J]. *西北林学院学报*, 2018, 33(4): 268-272, 281.
- LI X L, GONG B, GAO L J, et al. Investigation and evaluation of plant diversity in Qianweizihui national wetland park [J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2018, 33(4): 268-272, 281. (in Chinese)
- [27] DI CASTRI F, HANSEN A J, HOLLAND M M. A new look at ecotones: emerging International projects on landscape boundaries[J]. *International Union of Biological Sciences*, 1988, 17(Special Issue): 1-163.
- [28] 娄彦景, 赵魁义, 马克平. 洪河自然保护区典型湿地植物群落组成及物种多样性梯度变化[J]. *生态学报*, 2007, 27(9): 3883-3891.
- [29] 白军红, 王庆改, 余国营. 吉林省向海沼泽湿地土壤中氮素分布特征及生产效应研究[J]. *土壤通报*, 2002, 33(2): 113-116.
- BAI J H, WANG Q G, YU G Y. Study on the distribution characteristics and productive effects of nitrogen in soil of Xianghai mire wetland[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2002, 33(2): 113-116. (in Chinese)
- [30] 卢少勇, 金相灿, 余刚. 人工湿地的磷去除机理[J]. *生态环境*, 2006, 15(2): 391-396.
- [31] 贺纪正, 张丽梅. 氨氧化微生物生态学与氮循环研究进展[J]. *生态学报*, 2009, 29(1): 406-415.
- [32] 席雪飞, 贾建伟, 王磊, 等. 长江口九段沙湿地土壤有机碳及微生物陆向分布[J]. *农业环境科学学报*, 2009, 28(12): 2574-2579.
- [33] XIONG J, LIU Y, LIN X, et al. Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(9): 2457-2466.
- [34] AHN C, GILLEVET P M, SIKAROOGI M. Molecular characterization of microbial communities in treatment microcosm wetlands as influenced by macrophytes and phosphorus loading[J]. *Ecological Indicators*, 2007, 7(4): 852-863.
- [35] CHAPARRO J M, BADRI D V, VIVANCO J M. Rhizosphere microbiome assemblage is affected by plant development[J]. *The ISME Journal*, 2014, 8(4): 790-803.
- [36] 刘银银, 李峰, 孙庆业, 等. 湿地生态系统土壤微生物研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2013, 19(3): 547-552.
- LIU Y Y, LI F, SUN Q X, et al. Review on the study of soil microorganisms in wetland ecosystems[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2013, 19(3): 547-552. (in Chinese)
- [37] 刘忠玲, 姚颖, 刘建明, 等. 抚育间伐对白桦天然次生林枯落物与土壤持水特性的影响[J]. *森林工程*, 2020, 36(4): 29-37.
- [38] 朱家琪, 满秀玲, 张頤, 等. 大兴安岭北部针叶林土壤团聚体酶活性研究[J]. *森林工程*, 2020, 36(4): 1-11.
- [39] 张玲, 张东来, 毛子军, 等. 不同群落类型土壤惰性碳含量特征与维持机制[J]. *森林工程*, 2019, 35(6): 16-25.
- [40] 迟琦, 吴迪, 王月, 等. 小兴安岭森林湿地不同过渡带土壤微生物群落结构研究[J]. *森林工程*, 2018, 34(3): 6-13.
- [41] 杜倩, 梁素钰, 李琳, 等. 阔叶红松林土壤酶活性及微生物群落功能多样性分析[J]. *森林工程*, 2019, 35(1): 1-7.