

杭州湾生长不同植物的潮滩 土壤微生物群落特征

李文华, 邵学新, 吴明*, 梁威

(中国林业科学研究院亚热带林业研究所, 国家林业局杭州湾湿地生态系统定位研究站, 浙江 富阳 311400)

摘要: 2011年10月, 在杭州湾滨海潮滩, 分别利用稀释平板法和 Biolog-Eco 微平板检测技术, 研究生长不同植物的土壤微生物数量与群落的功能多样性。结果表明, 与光滩相比, 海三棱藨草(*Scirpus mariqueter*)、芦苇(*Phragmites australis*)和互花米草(*Spartina alterniflora*)3种植物的生长促进了潮滩土壤中微生物数量的增加, 细菌的数量在3大类微生物中占绝对优势(>98%); 生长不同植物潮滩的土壤微生物群落功能多样性存在差异, 光滩与生长海三棱藨草、芦苇和互花米草潮滩的土壤微生物群落生理功能多样性具有显著差异($p < 0.05$), 生长互花米草与生长芦苇和海三棱藨草潮滩的土壤微生物群落生理功能多样性之间具有显著差异($p < 0.05$); 植物的生长没有从根本上改变潮滩土壤的微生物群落结构, 光滩与生长3种植物潮滩的土壤微生物群落具有相似的优势种; 糖类及其衍生物和氨基酸及其衍生物是杭州湾潮滩土壤微生物群落代谢过程中的碳源利用的主要分异点。

关键词: 植物类型; 微生物数量; 功能多样性; 杭州湾潮滩

中图分类号: Q938 **文献标识码:** A **文章编号:** 1672-5948(2013)03-

作为湿地生态系统的分解者, 土壤微生物是湿地生态系统中养分来源的巨大源动力, 担负着分解动植物残体的重要使命^[1,2], 推动湿地生态系统的物质循环和能量流动, 制约着湿地类型的分异和演替^[3-5]。土壤微生物的群落组成和结构是表征湿地类型的重要指标。具有高生产力的河口湿地, 土壤微生物的群落组成和结构甚至部分决定了进入河口附近水域的碎屑物数量和氮、磷等元素的形态^[6], 研究湿地土壤微生物群落特征对深入探讨湿地生态系统的结构和功能、保护与治理以及开发利用生物资源等具有重要意义。

反映土壤微生物群落状态与功能的指标通常包括微生物生物量和代谢多样性类型^[7,8]。土壤微生物种类和数量构成在很大程度上影响并决定着土壤的生物活性^[9]; 土壤微生物群落功能多样性可以反映微生物推动物质转化和能量循环的能力。目前, 国内外对湿地土壤微生物的研究多集中于

湿地土壤微生物数量分布和季节动态变化^[10,11]、微生物量与土壤酶^[12]、土壤微生物呼吸^[13]等内容, 对湿地土壤微生物群落特征及其影响因素研究尚处于定性研究阶段。Melany C等^[14]研究美国北部泥炭地生态系统中土壤微生物群落组成格局发现, 植物类型与土壤微生物功能类群有一定相关性。Yu Y等^[15]在黄河三角洲湿地植被演替带的研究结果显示, 土壤微生物多样性与其地上植被群落多样性呈显著正相关。以碳源利用为基础的 Biolog 检测方法能够简单、快捷地反映微生物群落水平的生理代谢轮廓(Community-level physiological profiling, CLPP), 目前被广泛应用于不同生态环境所引起的土壤微生物群落变化的研究和评价^[16]。

本研究利用传统的微生物培养方法和 Biolog-Eco 微平板技术, 对杭州湾生长着不同植物的潮滩土壤微生物群落特征进行初步研究, 为进一步了解地上植物对潮滩土壤微生物群落及其多样性的影响提供基础。

收稿日期: 2012-11-01; 修订日期: 2013-05-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(31000296)、浙江省—中国林业科学研究院合作项目(2010SY02)和国家“十二五”科技支撑专项项目(2012BAC13B02-2)资助。

作者简介: 李文华(1988-), 女, 汉族, 山西省阳泉人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物生态学研究。E-mail: liwenhua0518@126.com

*通讯作者: 吴明, 副研究员。E-mail: Hangzhoubay@126.com

1 材料与方法

1.1 采样地

杭州湾位于浙江省东部,西接钱塘江、东至东海,呈喇叭口形状。该区气候属北亚热带海洋性季风气候,四季分明,年平均气温为16.3℃,年降水量为1273mm,年日照时数为2038h,无霜期244d。在浙江省宁波市杭州湾新区国家林业局杭州湾湿地生态系统定位研究站观测区内设置采样地(30°18'40"N, 121°08'43"E)。采样地的主要土壤类型为盐土类的滨海盐土亚类和潮土化盐土。随着高程的增加和滩涂形成时间的逐渐加长,潮滩

上有典型的自然生物群落演替序列,依次为光滩、海三棱藨草(*Scirpus mariqueter*)和芦苇(*Phragmites australis*)生长区^[7]。此外,由于外来种互花米草(*Spartina alterniflora*)的入侵,在海三棱藨草和芦苇群落之间镶嵌着互花米草生长区。

1.2 样品采集及处理

2011年10月18日,根据资料收集和现场勘测,在采样地内选取植被面积较大、植物长势较为一致的区域,布设4个采样点,分别代表无植物生长的淤泥质光滩(对照)和生长着海三棱藨草、芦苇和互花米草的潮滩。3种植物生长区的信息详见表1。

表1 采样地植物群落的基本信息

Table 1 Information of plant communities in sampling sites

群落名称	盖度(%)		高度(m)		生物量(g/m ²)		
	变化范围	平均盖度	变化范围	平均高度	地上生物量	地下生物量	总生物量
海三棱藨草群落	50~60	53	0.2~0.3	0.3	460.23	275.76	735.99
芦苇群落	70~95	80	1.1~2.8	1.9	4237.56	540.45	4778.01
互花米草群落	80~94	82	1.5~3.5	2.4	3786.43	657.82	4444.25

在每个采样点中,随机选取3个5m×5m的样方,样方之间相距约10~26m,用GPS设备记录样方坐标(图1)。使用荷兰Eijkkamp公司生产的原状土取样器,每个样方中采用5点采样法采集0~10cm深度土壤(表层土壤)和10~20cm深度土壤(次表层土壤)样品,在灭过菌的牛皮纸上混匀土样,然后使用无菌封口袋将土样带回实验室。将土壤样品分为两份,一份样品在4℃下保存,在48h之内完成微生物培养;将另一份样品风干过筛,用于测定土壤理化性质。

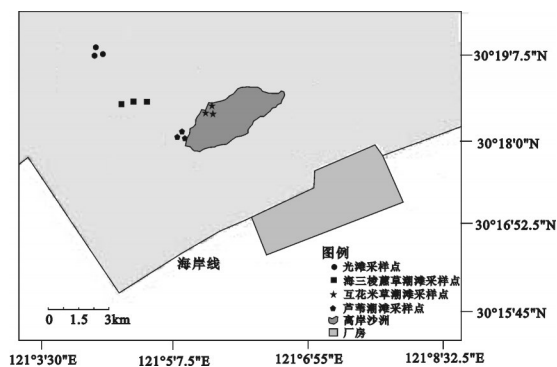


图1 采样地位置与样方分布

Fig.1 Location of the sample site and distribution of the quadrats

1.3 测定与计算方法

1.3.1 土壤理化性质

分别使用pH计和电导率仪在水土比5:1条件下测定土壤样品pH和电导率。通过550℃样品灼烧5h的烧失量(LOI)^[18]测定土壤样品有机质含量。采用英国Malvern公司的Mastersizer 2000激光粒度分析仪测定土壤粒级。4个采样点土壤的基本理化性质详见表2。

1.3.2 土壤微生物的分离与计数

采用稀释平板计数法^[19]测定土壤微生物活菌数量。

1.3.3 土壤微生物群落功能多样性

土壤微生物群落功能多样性可以用Shannon多样性指数、McIntosh指数和Simpson指数来表征^[20]。在计算Simpson指数时,数据扩大1000倍以防止出现负数。采用Biolog-Eco温育72h的数据进行多样性分析。

在无菌条件下,将新鲜的表层和次表层土壤样品等比混匀,称取相当于烘干质量10g的土壤,用0.85%NaCl无菌溶液稀释至10⁻³倍接种于Biolog-Eco微孔板中,在(25±1)℃暗箱培养。在温育过程中,每隔24h用酶标仪在590nm下读取吸光

表2 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤的基本理化性质

Table 2 Physical and chemical properties of soil at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

采样点	pH	电导率(ms/cm)	有机质含量(%)	粘粒含量(%)	粉粒含量(%)	砂粒含量(%)	
光滩	0~10cm	(8.21±0.02) ^e	(2.16±0.02) ^d	(3.39±0.19) ^b	6.04	27.22	66.74
	10~20cm	(9.10±0.09) ^b	(1.75±0.03) ^e	(2.98±0.62) ^e	4.71	21.99	73.30
海三棱蔗草潮滩	0~10cm	(8.22±0.09) ^e	(2.33±0.01) ^c	(4.69±0.36) ^a	8.45	40.20	51.35
	10~20cm	(9.10±0.07) ^b	(2.49±0.19) ^a	(4.88±0.04) ^a	8.40	39.69	51.91
芦苇潮滩	0~10cm	(8.85±0.17) ^b	(2.55±0.05) ^b	(4.30±0.29) ^a	8.23	53.00	38.76
	10~20cm	(8.97±0.07) ^e	(2.08±0.04) ^b	(4.99±0.19) ^{ab}	7.53	50.95	41.52
互花米草潮滩	0~10cm	(8.94±0.11) ^a	(2.76±0.05) ^a	(4.02±0.15) ^b	8.22	52.19	39.59
	10~20cm	(9.15±0.10) ^a	(2.62±0.01) ^a	(4.14±0.81) ^b	8.06	52.94	39.00

注:同列数据后字母不同表示相同土层不同土壤类型间差异显著($p<0.05$)。下同。

值^[21]。

1.3.4 颜色变化率

Biolog-Eco微平板中31种单一碳源的反应程度,即土壤微生物对单一碳源的利用能力,采用平均每孔颜色变化率(average well color development, AWCD)来描述。AWCD值较大表示土壤微生物具有较高的碳源利用能力和微生物丰度,AWCD的计算公式^[22,23]为:

$$AWCD = \sum [(C_i - R) / 31] \quad (1)$$

公式(1)中, C_i 为第*i*孔的吸光值, R 为对照孔的吸光值。对 $(C_i - R) < 0$ 的孔,计算中记为0,即 $(C_i - R) \geq 0$ 。

1.4 数据处理

利用 Microsoft Excel 2010 软件、Sigmaplot 12.0 软件和 Spss 19.0 软件进行数据处理及统计分析。用单因素方差分析方法分析所有数据。用最小显著差数(least significant difference, LSD)法进行显著性检验。

2 结果与分析

2.1 生长不同植物的潮滩土壤微生物数量

杭州湾生长不同植物的潮滩表层和次表层土

壤的微生物数量以细菌占绝对优势,表层土壤的细菌数量约为 $1.2 \times 10^7 \sim 9.4 \times 10^7$ cfu/g(图2),次表层土壤的细菌数量约为 $1.4 \times 10^7 \sim 7.7 \times 10^7$ cfu/g,占土壤微生物总数的98%以上;土壤中的真菌数量最少,表层土壤真菌数量约为 $0.61 \times 10^3 \sim 3.47 \times 10^3$ cfu/g,次表层土壤真菌数量为 $0.07 \times 10^3 \sim 1.4 \times 10^3$ cfu/g,占土壤微生物总数的0.005%~0.023%;放线菌的数量处于中间水平,表层土壤放线菌的数量约为 $6.7 \times 10^4 \sim 2.7 \times 10^5$ cfu/g,次表层土壤放线菌的数量约为 $5.7 \times 10^4 \sim 1.9 \times 10^5$ cfu/g。由此可以看出,细菌是杭州湾潮滩土壤的主要微生物,在推动土壤物质分解转化循环、能量流动及维持生态平衡等方面发挥主要作用。

光滩表层土壤中的细菌和真菌数量最少,海三棱蔗草潮滩、芦苇潮滩、互花米草潮滩表层土壤中的细菌和真菌数量依次增多;其中,芦苇潮滩、互花米草潮滩表层土壤中的细菌和真菌数量都与光滩有显著差异(细菌数量: $n=24, p<0.05$;真菌数量: $n=24, p<0.05$),且芦苇潮滩与互花米草潮滩表层土壤中的真菌数量之间有显著差异($n=24, p<0.05$)。

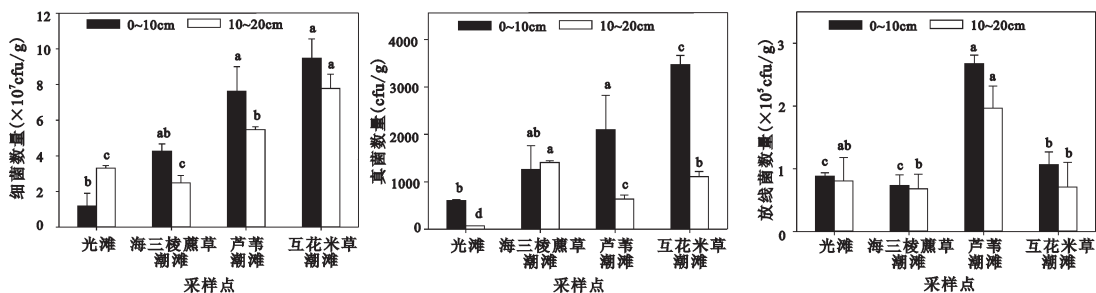


图2 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤中的微生物数量

Fig.2 The number of microbes in soil at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

2.2 潮滩土壤微生物群落功能多样性

2.2.1 平均每孔颜色变化率

由图3a可以看出,平均每孔颜色变化率与培养时间间呈非线性关系,其变化过程符合微生物种群生长动态模型。

为了直观地描述土壤微生物群落功能多样性的变化,采用Lindstrom J等^[24]修正后的逻辑斯蒂方程: $N(t)=K/(1+b \cdot e^{-r(t-s)})$ [在方程中, N 表示培养过程中土壤微生物群落的AWCD变化值; $t(h)$ 指测定土壤

微生物群落功能代谢的培养时间; K 表示在培养过程中土壤微生物群落的最大AWCD值; r 表示培养过程中土壤微生物群落AWCD的变化指数,即影响土壤微生物生长曲线圆滑度的参数; s 指当达到最大AWCD值一半时所需时间; b 为常数],拟合4种土壤表层与次表层等比混合样品中微生物群落功能多样性的动态变化,每种土壤设有3个重复,样本数为12。土壤微生物群落功能代谢剖面的动态变化拟合曲线如图3b所示,拟合参数见表3。

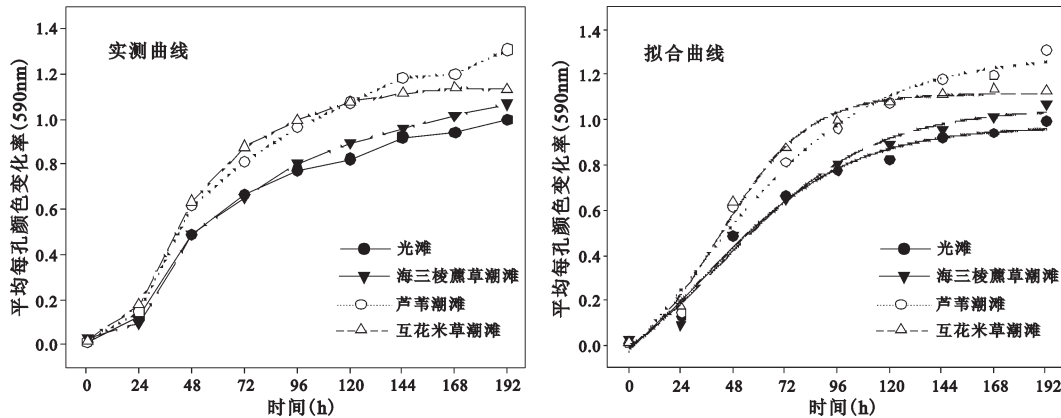


图3 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤微生物群落功能代谢剖面的变化

Fig.3 Dynamic changes of microbial metabolic profiles for soil at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

表3 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤微生物群落功能代谢剖面动态变化的逻辑斯蒂方程拟合参数

Table 3 Fitted parameters obtained from modified Logistic equations for dynamic changes of microbial metabolic profiles for soil at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

采样点	拟合参数			R^2
	K	r	s	
光滩	0.930 6	0.048 0	52.85	0.975 8
海三棱藨草潮滩	1.013 2	0.043 7	56.52	0.972 9
芦苇潮滩	1.016 7	0.043 2	58.95	0.976 0
互花米草潮滩	1.106 7	0.061 6	46.87	0.990 6

经检验,建立的4个采样点表层与次表层土壤等比混合后的微生物群落功能代谢剖面动态变化逻辑斯蒂方程均达到极显著水平($p < 0.01$)4个方程中,互花米草潮滩土壤微生物群落功能代谢剖面动态变化方程的 K 和 r 最大, s 最小,即最大平均每孔颜色变化率大且达到最大平均每孔颜色变化率一半时所需的时间短,表明互花米草潮滩土壤微生物群落代谢活性强;海三棱藨草潮滩和芦苇

潮滩的土壤微生物群落的平均每孔颜色变化率有不同程度增大,达到最大值时分别比光滩土壤微生物群落推迟了3.67 h和6.1 h,说明其土壤中可在微平板上培养的微生物群落生长的适应期略长于光滩和互花米草潮滩土壤微生物群落。

2.2.2 多样性指数

丰富度指数和多样性指数可以反映土壤微生物群落利用碳源类型的差异。Shannon指数反映土壤微生物群落物种变化度和差异度,指数值越大,表示微生物能够利用的碳源种类越多^[25]。McIntosh指数反映群落的物种均一性,一般物种数(能被利用的碳源数)越多,某些优势明显(碳源利用强度大)物种群落的McIntosh指数值越大^[26]。Simpson指数可从反映出土壤微生物群落中最常见物种的碳源嗜好^[27]。用温育72 h后的土壤微生物群落AWCD值计算3种多样性指数。由表4可以看出,互花米草潮滩土壤微生物群落的Shannon指数最大,其他依次为光滩、芦苇潮滩和海三棱藨草潮滩;经检验,4个采样点土壤微生物群落的Simpson指数没有显著差异,这表明4个采样点土

壤微生物群落具有相似优势种。互花米草潮滩、芦苇潮滩和海三棱藨草潮滩土壤微生物群落的McIntosh指数值表明,互花米草潮滩、芦苇潮滩和海三棱藨草潮滩土壤微生物群落对碳源的利用程度相似,经检验,三者相互之间无显著差异,但三者都与光滩有显著差异($n=12, p<0.05$)。

表4 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤微生物群落的多样性指数

Table 4 Diversity indexes of microbial communities in soil at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

采样点	Shannon 指数	McIntosh 指数	Simpson 指数
光滩	(2.94±0.19) ^{ab}	(4.42±1.18) ^b	(54.62±8.54) ^a
海三棱藨草潮滩	(2.78±0.02) ^{ab}	(5.97±0.36) ^a	(45.24±3.77) ^a
芦苇潮滩	(2.88±0.05) ^b	(6.01±0.18) ^a	(37.01±2.02) ^a
互花米草潮滩	(2.98±0.05) ^a	(6.87±0.22) ^a	(43.97±4.75) ^a

2.2.3 土壤微生物群落碳源利用方式

利用培养96 h后测定的AWCD值数据,运用Spss软件对数据进行主成分分析。数据矩阵包括12行(4种土壤,每种土壤3个重复),31列(生态板上分布的31种不同的碳源物质)。

主成分分析共提取6个主成分,累计贡献率达到87.69%。其中主成分1(PC1)的贡献率为28.20%,主成分2(PC2)的贡献率为21.66%。对PC1贡献率较大的碳源有10种,分别为糖类及其衍生物^[28]5种(肝糖、D-纤维二糖、D-甘露醇、N-乙酰基-D-葡萄糖胺和D-半乳糖醛酸)、氨基酸及其衍生物3种(L-精氨酸、L-天冬酰胺酸和氨基乙酰-L-谷氨)、脂类1种(丙酮酸甲酯)和次生代谢产物1种(D,L- α -甘油磷酸盐);对PC2贡献较大的碳源有5种,分别为糖类及其衍生物3种(α -D-乳糖、D-甘露醇和N-乙酰基-D-葡萄糖胺)和氨基酸及其衍生物2种(L-天冬酰胺酸和丙酮酸甲酯)。

PC1与PC2水平上样品因子得分见表5。在PC1水平上,各个采样点土壤微生物群落对碳源的利用没有显著差异($n=12, p<0.05$);PC2水平上,光滩与互花米草潮滩、芦苇潮滩和海三棱藨草潮滩土壤微生物群落对碳源的利用都有显著差异($n=12, p<0.05$),同时互花米草潮滩与芦苇潮滩和海三棱藨草潮滩土壤微生物群落对碳源的利用之间具有显著差异($n=12, p<0.05$)。在PC2水平上,

糖类及其衍生物及氨基酸及其衍生物是杭州湾滨海湿地微生物群落碳源利用的主要分异点。

表5 2011年10月杭州湾潮滩4个采样点土壤微生物群落功能多样性的主成分平均得分

Table 5 The mean principal component scores on soil microbial function diversity at 4 sampling sites in tidal flat in Hangzhou Bay in October 2011

采样点	第一主成分 平均得分	第二主成分 平均得分
光滩	0.217 ^a	-0.344 ^c
海三棱藨草潮滩	-0.483 ^a	-0.709 ^b
芦苇潮滩	0.050 ^a	-0.121 ^b
互花米草潮滩	0.217 ^a	1.174 ^a

3 讨论

土壤中微生物数量能综合反应土壤微生物生态条件,土壤中细菌、真菌和放线菌所处的生境不同,它们的数量及在微生物中所占的百分比也不同^[29]。本研究中,在杭州湾潮滩土壤3大类微生物中,细菌数量最多,其次为放线菌和真菌,这与陈为峰等^[30]对黄河三角洲湿地不同植被类型土壤的微生物分布特征相似。不同的是,杭州湾潮滩土壤中真菌与放线菌数量占微生物总数的比例较小,细菌数量则达到微生物总数的98%以上。造成这样比例的原因可能为芦苇、海三棱藨草和互花米草都属于杭州湾潮滩演替前期的植物^[17],其所处生境受到潮汐的频繁冲刷,枯枝落叶层积累量少,土壤含盐量和含水量大,pH呈碱性,制约着土壤中真菌和放线菌的生长。杭州湾生长不同植物群落的潮滩的土壤微生物数量不同,光滩土壤中的微生物数量最少,海三棱藨草潮滩土壤中的微生物数量处于中间水平,芦苇和互花米草潮滩土壤中的微生物数量较多,本研究土壤中的微生物数量与在江苏盐城新洋港互花米草盐沼地土壤中的微生物数量分布相似米草(*Spartina alterniflora*)带土壤中的微生物数量最多,其次为碱蓬(*Suaeda salsa*)带、光滩带^[31]。本研究中,芦苇潮滩和互花米草潮滩较少被潮水覆盖,其土壤表面可以保持好氧条件,但海三棱藨草潮滩和光滩长时间被水覆盖,土壤表面容易形成厌氧条件,这可能是芦苇潮滩和互花米草潮滩土壤中的微生物数量较多的原因之一。

在一定的空间尺度上的相似的环境条件下,

生长的植物类型不同,土壤微生物活性和群落结构表现出一定差异,植物类型初步决定了土壤微生物群落的组成^[14,32],有植物生长的土壤的微生物群落与无植物生长的土壤微生物群落有不同的特性^[33]。本研究中,杭州湾潮滩植物正向演替的规律为光滩—海三棱藨草—芦苇,拟合曲线参数 K 值依此顺序依次增大,表明杭州湾潮滩土壤微生物群落功能多样性随着植物向高阶阶段的演替而增加,这与Yu Y等^[15]采用磷脂脂肪酸技术在黄河三角洲湿地植被演替带地下微生物多样性研究结果一致。本研究中,互花米草潮滩土壤微生物群落功能代谢剖面动态变化拟合曲线参数 K 值最大,互花米草是杭州湾潮滩的入侵植物。入侵植物往往会对土壤微生物群落产生更大的影响^[30],Brookes P^[34]等研究表明,入侵植物成功定植后,对土壤微生物群落的改变是其入侵过程的重要部分,土壤微生物群落功能增强,加速土壤养分循环,增强入侵植物的养分吸收,促进其生长、竞争和扩张。由此可见,互花米草比杭州湾潮滩土著植物具有更强的竞争能力。

本研究中,研究区内没有植物生长的光滩土壤中的微生物数量最少,但其Shannon指数高于有海三棱藨草和芦苇生长的潮滩土壤。土壤微生物数量随土壤养分含量的增加而增加,但丰富的养分可能促进特定几类微生物的生长,而这些特定微生物的大量生长将限制其他微生物的生长,导致营养丰富的土壤中的微生物总量很高,而微生物的种类却不一定多^[35]。土壤低营养的光滩反而有较好的微生物多样性,使得光滩土壤中微生物的种类相对丰富但均一度(McIntosh值)较低。孟晗等^[36]比较了崇明东滩生长不同植物的土壤的可培养细菌多样性,发现光滩土壤中的细菌数量少,但其细菌种类比海三棱藨草和芦苇潮滩土壤中的细菌种类多8个属。本研究中,4种采样点的潮滩土壤的微生物群落优势种群相似,利用碳源的种类没有表现出明显差异,这可能是由于研究区潮滩处于快速演变过程中,各种植物生长年限短,因此潮滩上有植物生长只小幅度改变了土壤微生物群落种类组成比例,而没有从根本上改变潮滩土壤的微生物群落结构。

植物通过根系生长、分泌物质等活动来改变土壤的理化环境,进而改变土壤微生物的生境,影响土壤微生物群落的结构和性质^[37]。但是,引起

杭州湾潮滩土壤微生物群落功能多样性变化的主要因素及其所占权重还处于未知状态,需要进一步研究。

4 结论

杭州湾潮滩土壤中,细菌数量最多,其次为放线菌、真菌。生长不同植物的潮滩土壤的微生物数量不同,生长互花米草和芦苇的潮滩土壤中的微生物数量较多,生长海三棱藨草的潮滩土壤中的微生物数量居中,无植物生长的光滩土壤中的微生物数量最少,即有植物生长的潮滩土壤中的微生物数量多于光滩土壤。

植物类型初步决定了土壤微生物群落的组成。生长互花米草的潮滩土壤微生物数量较多,生长海三棱藨草和芦苇的潮滩土壤的微生物的数量次之,光滩土壤中的微生物数量少但种类多。

杭州湾潮滩演变时间短,植物的生长只改变了潮滩土壤微生物群落种类组成比例,而没有从根本上改变其微生物群落结构,4个采样点潮滩土壤微生物群落具有相似的优势种。糖类及其衍生物和氨基酸及其衍生物是杭州湾潮滩土壤微生物群落碳源利用的主要分异点。

参考文献

- [1]田应兵,宋光煜,艾天成. 湿地土壤及其生态功能[J]. 生态学杂志, 2002, 21(6): 36~39.
- [2]姚拓,龙瑞军. 天祝高寒草地不同扰动生境土壤三大类微生物数量动态研究[J]. 草业学报, 2006, 15(2): 93~99.
- [3]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): 182~186.
- [4]初金美,李秀军,刘兴土,等. 非生物因子对松嫩平原西部石油污染湿草甸土壤微生物的影响[J]. 湿地科学, 2012, 10(4): 492~499.
- [5]杜刚,黄磊,高旭,等. 人工湿地中微生物数量与污染物去除的关系[J]. 湿地科学, 2013, 11(1): 13~20.
- [6]陆健健. 河口生态学[M]. 北京: 海洋出版社, 2003.
- [7]Rogers B, Tate R. Temporal analysis of the soil microbial community along a toposequence in Pineland soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(10): 1 389-1 401.
- [8]胡娟娟,刘国华,吴雅琼. 土壤微生物生物量及多样性测定方法评述[J]. 生态环境学报, 2011, 20(6-7): 1 161~1 167.
- [9]曾繁富,赵同谦,徐华山,等. 滨河湿地土壤微生物数量及多样性研究[J]. 环境科学与技术, 2009, 32(10): 13~18.
- [10]赵先丽,周广胜,周莉,等. 盘锦芦苇湿地土壤微生物初步研究[J]. 气象与环境学报, 2007, 23(1): 30~33.

- [11]李洪山, 申玉香. 三种盐生植物在沿海滩涂湿地土壤中微生物数量的变化[J]. 农业现代化研究, 2011, **32**(2): 253~256.
- [12]王晓龙, 徐立刚, 姚鑫, 等. 鄱阳湖典型湿地植物群落土壤微生物量特征[J]. 生态学报, 2010, **30**(18): 5 033~5 042.
- [13]何亚婷, 董云社, 齐玉春, 等. 草地生态系统土壤微生物量及其影响因子研究进展[J]. 地理科学进展, 2010, **29**(11): 1 350~1 359.
- [14]Melany C, Kristin F, Joseph B. Microbial activity and functional composition among northern peatland ecosystems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, **35**(4): 591-602.
- [15]Yu Y, Wang H, Liu J. Shifts in microbial community function and structure along the successional gradient of coastal wetlands in Yellow River Estuary[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2011, **49**(3): 12-21.
- [16]Hueso S, Garcia C, Hernandez T. Severe drought conditions modify the microbial community structure, size and activity in amended and unamended soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **50**: 167-173.
- [17]吴统贵, 吴明, 萧江华. 杭州湾滩涂湿地植被群落演替与物种多样性动态[J]. 生态学杂志, 2008, **27**(8): 1 284~1 289.
- [18]Garland J, Mills A. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization[J]. *Applied and environmental microbiology*, 1991, **57**(8): 2 351-2 359.
- [19]中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 1985.
- [20]孙玉焕, 骆永明, 滕应. 长江三角洲地区污水污泥与健康安全风险研究 V: 污泥施用对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *土壤学报*, 2009, **46**(3): 406~411.
- [21]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.
- [22]Choi K, Dobbs F. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1999, **36**(3): 203-213.
- [23]Pascaud A, Soulas M, Amellal S. An integrated analytical approach for assessing the biological status of the soil microbial community[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2012, **49**: 98-106.
- [24]Lindstrom J, Barry R, Braddock J. Microbial community analysis: a kinetic approach to constructing potential C source utilization patterns[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, **30**(2): 231-239.
- [25]张志明, 许艳丽, 韩晓增, 等. 连续施肥对农田黑土微生物功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2012, **31**(3): 647~651.
- [26]徐秋芳, 姜培坤, 邬奇峰, 等. 集约经营板栗林土壤微生物量碳与微生物多样性研究[J]. *林业科学*, 2007, **43**(3): 15~19.
- [27]Magurran A. Ecological diversity and its measurement[M]. Princeton university press Princeton, 1988.
- [28]张燕燕, 曲来叶, 陈利顶. Biolog EcoPlate™ 实验信息提取方法改进[J]. *微生物学通报*, 2009, **36**(7): 1 083~1 091.
- [29]徐惠风, 刘兴土, 白军红. 长白山沟谷湿地乌拉苔草沼泽湿地土壤微生物动态及环境效应研究[J]. *水土保持学报*, 2004, **18**(3): 115~117.
- [30]陈为峰, 史衍玺. 黄河三角洲新生湿地不同植被类型土壤的微生物分布特征[J]. *草地学报*, 2010, **18**(6): 859~864.
- [31]叶温乐, 何雪青, 赵平芝, 等. 江苏盐城新洋港互花米草盐沼的微生物区系调查[J]. *中国农学通报*, 2007, **23**(8): 420~424.
- [32]毕江涛, 贺达汉. 植物对土壤微生物多样性的影响研究进展[J]. *中国农学通报*, 2009, **25**(9): 244~250.
- [33]Zhao Y, Liu B, Zhang W, *et al.* Effects of plant and influent C : N : P ratio on microbial diversity in pilot-scale constructed wetlands[J]. *Ecological Engineering*, 2010, **36**(4): 441-449.
- [34]Brookes P, Murray P, Blackwell M, *et al.* Significance of Root-Attached Soil and Soil Preparation for Microbial Biomass Phosphorus Measurement[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2009, **73**(6): 1 861-1 863.
- [35]贾建伟, 王磊, 唐玉姝, 等. 九段沙不同演替阶段湿地土壤微生物呼吸的差异性及其影响因素[J]. *生态学报*, 2010, **30**(17): 4 529~4 538.
- [36]孟晗, 惠威, 肖义平, 等. 崇明岛东滩不同植物覆盖的土壤可培养细菌多样性比较[J]. *复旦学报(自然科学版)*, 2010, **49**(1): 43~50.
- [37]林先贵, 胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能[J]. *土壤学报*, 2008, **45**(5): 892~900.

Microbial Community Characteristic of Soils with Different Vegetation in Tidal Flat in Hangzhou Bay

LI Wen-hua, SHAO Xue-xin, WU Ming, LIANG Wei

(Wetland Ecosystem Research Station of Hangzhou Bay, State Forestry Administration, Research Institute of Subtropical Forestry,
Chinese Academy of Forestry, Fuyang 311400, Zhejiang, P.R.China)

Abstract: Microbial functional diversity in tidal flat in Hangzhou Bay were investigated to study the possible influences of vegetation on soil microbial community in October, 2011. Surface (0-10 cm) and subsurface (10-20 cm) soils from *Scirpus mariqueter*, *Phragmites australis*, *Spartina alterniflora* tidal flat as well as the soil from bare tidal flat were collected and analyzed in laboratory. Spread-Plate and the Biolog-Eco technique were utilized together for microbial community analysis. The numbers of 3 major groups (bacteria, fungi and actinomycetes) in soils were counted separately. The difference among 4 types of soils were analyzed via curve fitting, principal component analysis and variance analysis. The results showed that compared with the bare flat, the soils with vegetations had more microorganisms. For the surface soils, the number of bacteria and fungi in the soil of *Spartina alterniflora* tidal flat was the maximum, the other ones were *Phragmites australis*, *Scirpus mariqueter* and bare tidal flat, while for actinomycetes, the order was *Phragmites australis*, *Spartina alterniflora*, bare and *Scirpus mariqueter* tidal flat. For the subsurface soil, the order of bacteria number was *Phragmites australis*, *Spartina alterniflora*, bare and *Scirpus mariqueter* tidal flat; the order of fungi number was *Scirpus mariqueter*, *Phragmites australis*, *Spartina alterniflora* and bare tidal flat; and the order of actinomycetes number was *Phragmites australis*, bare, *Scirpus mariqueter* and *Spartina alterniflora* tidal flat. Therefore the vegetation might facilitated microbial community. In the soil microorganism profile, bacteria was most abundant and determined the number of the whole community in 4 types of soils, which accounted more than 98% in the soils. There some differences of microbial functional diversity were observed among different vegetation types. Significant differences in the microbial function diversity was found between soils of bare and the other soilsof tidal flat ($p < 0.05$). Difference of metabolic capacity between the soils from *Spartina alterniflora* and *Scirpus mariqueter* communities was significant. Soils in *Spartina alterniflora* tidal flat had the largest numbers and strongest growth activity, followed by *Phragmites australis*, *Scirpus mariqueter* and bare Flat. In contrast, soil microbial community in bare flat had higher richness indicated by McIntosh index. This suggested that soil microbial communities in bare flat soil may had more species than the soil with vegetation. Because of a very short succession time in Hangzhou Bay, vegetation development did not changed the microbial community species composition remarkably. It seemed that because the structure and species of microbial communities were not changed by the vegetation fundamentally, 4 kinds of soil microbial communities had similar dominant species. Sugars, amino acids and their derivatives were the major differentiation substrates for the microbial communities in soils intidal flat of Hangzhou Bay.

Keywords: vegetation type; number of microorganisms; functional diversity; tidal flat in Hangzhou Bay