

水位高程变化对湿地土壤微生物代谢功能的影响研究——以蚌湖为例^{*1}

李金前^{1,2} 王吉¹ 刘亚军^{1,2} 邹锋^{1,2} 马燕天^{1,2} 吴兰^{1,2*}

(1. 南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031;

2. 鄱阳湖环境与资源利用教育部重点实验室, 江西 南昌 330031)

【摘要】: 在淡水湖泊生态系统中, 水位高程的变化会对整个生态系统产生重要的影响。本研究以鄱阳湖最具代表性的碟形湖——蚌湖为实验地点, 研究了水位高程对于湖泊湿地土壤微生物代谢功能的影响。在实验中沿水位高程及植被带演替布设 6 个样地, 利用 Biolog-Eco 技术探究不同水位高程样地土壤微生物群落代谢功能的多样性及分布规律。结果表明: 随着样地水位高程的降低, 土壤含水量逐渐升高, 地表植被的覆盖率逐渐减少, 土壤有机养分出现先减小后增大的趋势; 而土壤微生物对碳源代谢活性随着高程的降低依次减弱, 且优先利用的碳源种类和碳源利用率也有显著不同。通过 dbRDA 排序分析表明: 土壤微生物群落功能多样性沿高程呈现区域性分布特征, 相邻的两样地土壤微生物碳源代谢功能更为相近。影响湿地土壤微生物碳源代谢功能的主要因子为土壤含水量、土壤有机质含量、pH、NH₄-N 和地表植被类型。本研究结果可为合理管理和保护鄱阳湖湿地生态系统提供科学的指导。

【关键词】: 鄱阳湖; 水位高程; 微生物群落; Biolog-Eco; 土壤性质

【中图分类号】: S154 **【文献标识码】**: A **【文章编号】**: 1004-8227(2017)05 - 0730 - 08

DOI: 10.11870/cjlyzyyhj20170501

鄱阳湖不仅是我国第一大淡水湖, 也是国际上最重要的候鸟越冬地之一。其巨大的生态功能对维护生物多样性、调蓄长江洪水以及长江中下游淡水供给、维系区域和国家生态安全等方面具有十分重要的作用及影响^[1]。鄱阳湖为过水型、吞吐型的淡水湖泊, 受长江顶托和五河(赣江、抚河、信江、饶河和修水)来水的影响, 形成独特的干湿交替季节性水文节律过程^[2]。湿地处于干湿交替状态的洲滩面积为 2 698 km², 约占全湖正常水位总面积的 82%^[3]。干湿交替状态使的湿地生物多样性非常丰富, 植被群落沿着不同水位高程呈环状或弧形分布。目前, 关于鄱阳湖湿地不同水位高程对湿地生态系统的影响主要集中在水质环境^[4]、湿地动植物^[5, 6]及湿地景观^[7]等方面, 而关于微生物方面的研究报道甚少。

微生物作为湿地生态系统重要的组成部分, 直接参与土壤碳、氮循环及有机质矿化过程, 在维持土壤质量方面发挥着重要

¹ 收稿日期: 2016-08-22; 修回日期: 2016-11-24

基金项目: 国家自然科学基金项目(31360127, 31260110) [National Natural Science Foundation of China (31360127, 31260110)]

作者简介: 李金前(1989~), 男, 硕士研究生, 主要从事环境微生物研究. E-mail: ncusk724@hotmail.com

***通讯作者** E-mail: wl690902@hotmail.com

作用^[8]。土壤微生物群落多样性作为评价土壤质量最敏感的指标之一，近年来已成为生态学领域研究的热点问题^[9]。其主要研究方法包括传统的微生物纯培养法、脂肪酸分析法、Biolog-ECO 微平板分析法、分子生物学法(PCR-DGGE、T-RLFP、RISA)等。其中，Biolog 技术是通过分析微生物对不同碳源利用程度的差异来表征其功能多样性；由于此方法简便、快速、灵敏度高，现已被广泛应用于不同生境土壤微生物群落功能多样性的研究^[10]。

本研究采用 Biolog-ECO 微平板分析法研究鄱阳湖湿地不同水位高程分布的湿地土壤微生物功能多样性，探讨土壤微生物群落代谢功能多样性对不同水位高程的响应规律，以期进一步揭示鄱阳湖湿地水位高程变化与土壤微生物的耦合关系。本研究结果不仅丰富了鄱阳湖湿地研究内容及成果，而且可为管理、保护鄱阳湖湿地提供科学指导。

1 材料与方法

1.1 样地概况

实验样地(29° 10' N~29° 17' N, 115° 54' E~116° 01' E)位于鄱阳湖西北角，永修县吴城镇北部的鄱阳湖国家级自然保护区中的蚌湖(图 1)。该区域属于亚热带湿润季风型气候，年平均气温 17 °C 左右。雨量充沛，年均降雨量 1 450~1 550 mm。蚌湖是一个典型的碟形子湖，其地面垂直高程由湖滨向湖中心位置逐渐降低，退水时便会出现由湖滨向湖中心逐步出露的过程，湿地洲滩淹水时长则会逐渐变长，从而导致了湿地主要植物群落呈明显的空间地带性分布。沿湖滨向湖中心依次可见的优势植被种群为：狗牙根(*Cynodactylon*(Linn.) Pers)群落、南荻(*Triarrhena lutarioriparia* L.Liou)群落、灰化苔草(*Carex cinerascens* Kukenth)群落、水蓼(*Polygonum hydropiper* Linn.)群落。该研究区域属国家级的自然保护区，受人为干扰较小，且具有极其丰富的生态资源，是我国湿地生态系统中生物资源最丰富的地区之一^[11]。

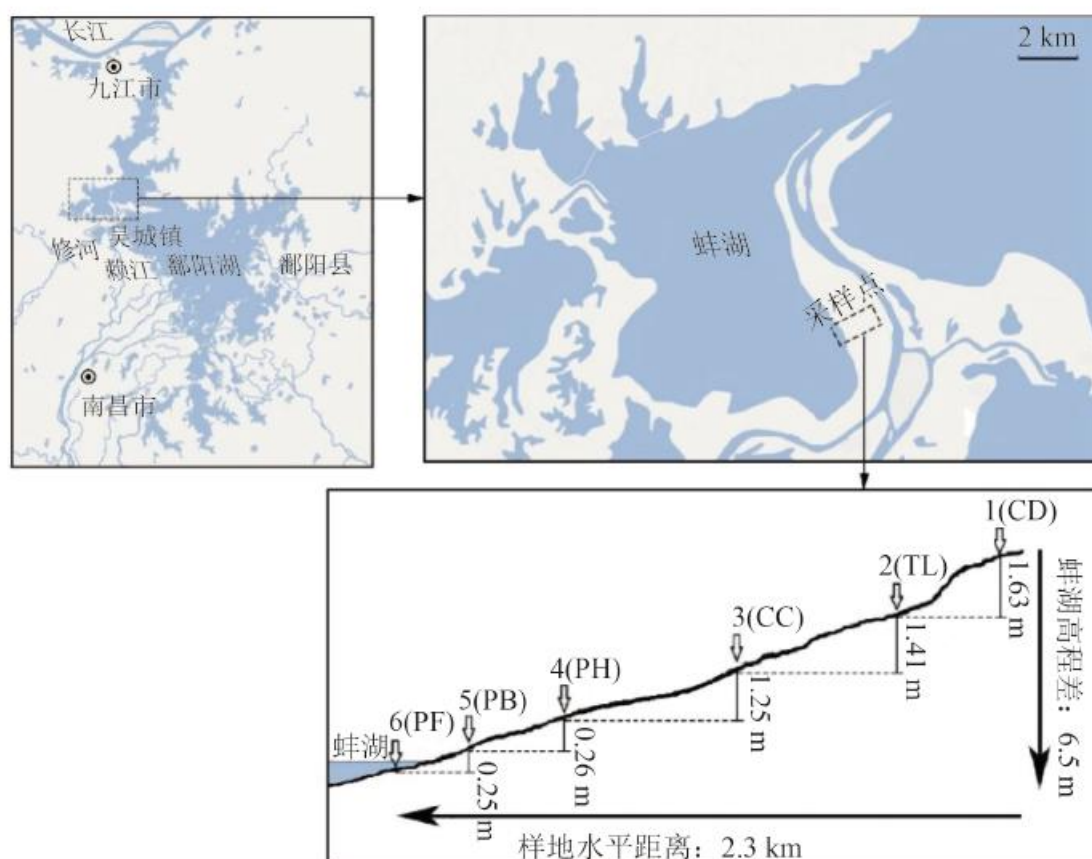


图 1 样地布设示意图

Fig.1 Sketch Map of Study Field and Sample Plots in this Study

1.2 样地布设及样品采集处理

参照以上沿岸分布的植被类型进行样带布设，从河岸到湖心依次共设置 6 条样带，如图 1 所示。1 号(狗牙根群落)、2 号(南荻群落)、3 号(灰化苔草群落)、4 号(水蓼群落)、5 号(裸露滩洲)、6 号(常年淹水)样地所处水位高程不同，相邻两样地之间的高程差见图 1，各样地的大约淹水时长分别为 30 d、80 d、125 d、165 d、180 d、365 d。每条样带内随机设立 3 块 1 m×1 m 平行样方，每个平行样方相距 100 m，共计 18 个样方。

实验于 2013 年 3 月采样，此时鄱阳湖处于枯水期，除 6 号常年淹水样地外，其他 5 个样地全都依次退露出来。具体采样如下：在设定的样方内，先刨去土壤表层的植被，再使用直径为 5 cm 的土钻以 5 点混合法钻取 0~15 cm 土壤混合，装入无菌的聚乙烯自封袋中，带回实验室处理。将土壤样品中可见碎石块和植物根茎剔除后，各自分成两部分，一部分土壤经风干用于土壤理化性质的测定；另一部分新鲜土壤放入 4 °C 冰箱，进行土壤微生物 Biolog 培养分析。采样前还对各样方内的植被物种数及多度进行了调查。

1.3 实验方法

1.3.1 土壤主要理化参数的测定

土壤样品的含水量(SM)测定采用烘干法(105 ℃, 8 h), pH 值按 2.5:1 的水土比用玻璃电极 pH 计测定, 去灰分干重(AFDM)采用高温烘烤法(500 ℃, 4 h), 总有机碳(TOC)采用 K₂Cr₂O₇ 容量法-外加加热法测定^[12]; 浓硫酸-混合催化法消煮后凯氏定氮法测定总氮(TN)^[3]; 总磷(TP)采用钒钼黄吸光光度法测定^[13]; 铵态氮(NH₄-N)采用流动分析仪测定^[14]。硝态氮(NO₃-N)采用镀铜镉-重氮化偶合比色法测定^[15]。

1.3.2 土壤微生物群落功能多样性分析

称取新鲜土壤质量(相当于 10.0 g 干土重), 加入 90 mL 0.85%无菌生理盐水制备成土壤微生物悬浮液, 静置片刻后吸取上清液, 稀释至浓度为 10⁻³ 的菌悬液。向 ECO 微平板的每孔内加入 150 μL 稀释好的菌悬液, 再将接种好的 ECO 板置于 25 ℃培养箱连续培养 10 d。在培养过程中, 前 2 天每隔 24 h 在 Biolog 微生物自动鉴定系统(Micro StationT MSystem, 美国 Biolog 公司)上读取 590 nm 处的吸光值, 之后时间段每隔 12 h 读数一次^[16]。

1.4 数据分析

平均颜色变化率(average well color development, AWCD) $AWCD = \sum (C_i - R) / 31$, 式中 C_i 为所测定的 31 个碳源孔的吸光值, R 为对照孔的吸光值。选用 96 h 光密度值分析不同碳源的利用及微生物群落多样性。参照文献选用 Richness 指数(S)^[17]、Shannon 指数(H)^[18]、Simpson 指数(D)^[19]表示微生物群落多样性指数。采用 SPSS20.0 中的一维方差分析(ANOVA)对土壤理化参数、植被概况以及不同碳源利用效率进行了统计; 对各个参数间的相关性进行了 Pearson 相关性统计。使用 PRIMER5.0 中的 Diversity 功能进行了微生物群落碳源代谢多样性指数的计算。使用 Canoco for Windows 5.0 对微生物群落结构和影响因子进行基于距离的冗余分析(dbRDA)。

2 实验结果及分析

2.1 沿水位高程分布的土壤理化性质及植被概况

由表 1 可见, 鄱阳湖湿地沿不同水位高程分布的表层土壤理化性质(除 NO₃-N 外)和地表植被物种数及多度均出现了较大的变化。土壤含水量 SM 沿湖心向河岸逐渐减少, 地表植被多样性和丰富度逐渐增加。其中 1、2 号样地植被物种数及多度均显著大于 3、4 号样地($P < 0.05$), 5、6 号样地无植被成长。我们发现, 随着水位梯度逐渐降低土壤有机养分出现先减小后增大趋势。值得注意的是土壤 AFDM、TOC、TN 含量均在 2 号样地最高。整个样地土壤的 pH 均为弱酸性, 范围为 5.02~6.48; 其中, 1、2、3 号样地土壤 pH 显著小于 4、5、6 号样地。6 号样地 NH₄-N 含量极显著高于其他样地, 与其它样地相比高达 4~8 倍。

表 1 土壤理化参数及植被概况
Tab.1 Soil Physicochemical Parameters and Vegetation Profiles of Sampling Sites

样地	SM	pH	AFDM	TOC (g/kg)	TN (g/kg)	TP (g/kg)	NH ₄ -N (mg/kg)	NO ₃ -N (mg/kg)	VS	VD
1	26.25±0.35 e	5.02±0.05 d	7.21±0.32 b	15.54±0.36 b	1.63±0.08 ab	0.24±0.01 bc	3.95±0.71 b	1.13±0.48 a	5.00±0.00 a	13.00±0.58 a
2	28.45±0.21 d	5.03±0.02 d	8.18±0.33 a	19.02±0.76 a	1.87±0.47 a	0.19±0.01 c	5.57±0.84 b	0.73±0.35 a	5.00±0.00 a	10.33±0.33 a
3	28.87±0.16 d	5.24±0.04 d	6.90±0.13 b	9.76±0.29 cd	1.32±0.13 ab	0.29±0.02 b	3.10±0.57 b	0.66±0.12 a	3.33±0.33 b	6.67±0.33 b
4	31.64±0.64 c	6.48±0.05 a	6.63±0.01 b	9.08±0.38 d	0.62±0.14 b	0.37±0.02 a	3.01±0.13 b	0.91±0.08 a	3.67±0.33 b	6.67±1.76 b
5	37.10±0.37 b	6.07±0.10 b	6.29±0.16 b	10.76±0.54 cd	1.09±0.27 ab	0.29±0.03 b	6.24±1.01 b	0.84±0.15 a	0 c	0 c
6	40.40±0.29 a	5.81±0.07 c	6.79±0.23 b	11.68±0.41 c	1.48±0.16 ab	0.27±0.01 b	23.54±1.00 a	0.98±0.18 a	0 c	0 c

注: VS 为植被物种数; VD 为植被多度; 平均值±标准差, 同列不同小写字母表示样地间差异显著($P < 0.05$), $n=3$ 。

2.2 不同水位高程分布的土壤微生物群落碳源代谢特征

2.2.1 表层土壤微生物碳源利用效率变化

AWCD 是反映土壤微生物对碳源代谢活性的重要指标, AWCD 值越大, 表明土壤微生物对碳源利用能力越强。沿不同水位高程分布的湿地土壤微生物对碳源利用的 AWCD 值随时间变化结果见图 2。实验结果表明来自不同样地的土壤微生物对碳源的代谢存在显著差异 ($p<0.05$)。在培养生长 96 h 时, 土壤微生物处于生长对数期, 对不同碳源利用速率最大, 表明此时的土壤微生物代谢功能活性最强。我们发现, 除 1 号(狗牙根群落)样地外, 2~6 号样地表现为明显的随着高程增加, 湿地表层土壤微生物对碳源的代谢活性增加的趋势, 即 2 号(南狄群落)样地土壤微生物对碳源利用强度最大, 6 号(常年淹水)样地土壤微生物对碳源利用强度最小。

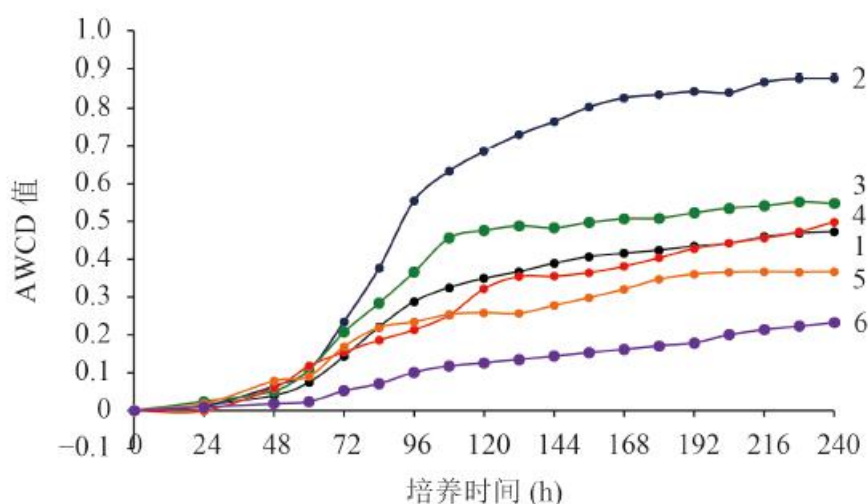


图 2 土壤碳源平均颜色变化率随时间变化

Fig.2 Changes of Soil Average Well Color Development of Soil Microbe Community with Time in Sampling Sites

2.2.2 土壤微生物对不同碳源利用分析

选择培养 96 h 土壤微生物对不同碳源类型的利用进行分析, 结果如图 3 所示。总体而言, 鄱阳湖湿地土壤微生物对不同碳源利用率存在显著差异 ($p<0.05$), 按照利用程度可以依次排列为: 氨基酸类>羧酸类>酚酸类>糖类>胺类>多聚物类。同时, 不同水位高程的土壤微生物对同类碳源利用率也有显著差异 ($p<0.05$)。例如: 对于氨基酸类、羧酸类、酚酸类和胺类碳源, 均是 2 号样地利用率最大; 对于糖类碳源利用率最大的是 3 号样地, 而对多聚物类碳源利用率最大的是 4 号样地。从不同样地比较来说, 1 号样地主要利用碳源类型为氨基酸类、羧酸类、糖类和多聚物类; 2 号样地对所有碳源均有较高的利用效率; 3 号样地主要利用碳源类型为氨基酸类、羧酸类、糖类和胺类; 4、5 号样地均可以较低程度地利用所有碳源类型, 6 号样地对除多聚物类外的所有碳源利用效率最低。

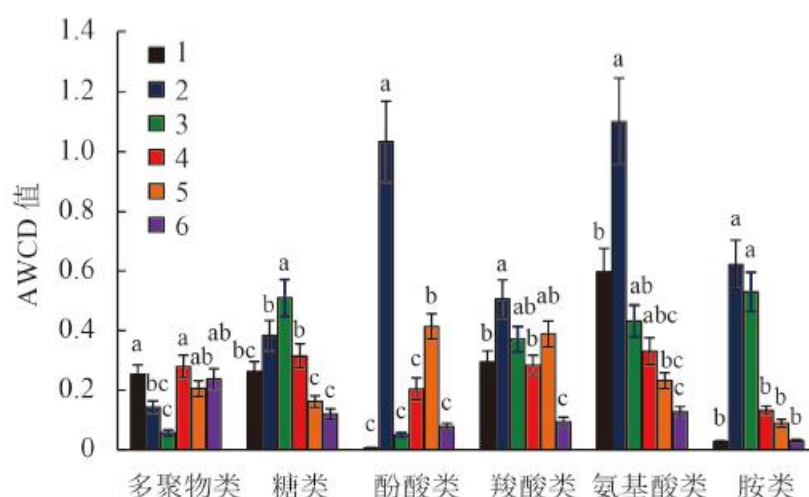


图 3 不同水位高程土壤微生物群落对不同碳源的利用
Fig.3 Utilization Ratios of Different Carbon Sources by Soil Microbial Community from Sampling Sites

2.3 土壤微生物群落功能多样性分析

土壤微生物群落多样性反映了群落整体的动态变化,不同水位高程土壤微生物群落功能多样性分析结果见表 2。不同水位高程土壤微生物群落的 Richness 指数有显著差异($p<0.05$),而 Shannon 和 Simpson 指数均没有显著差异($p>0.05$)。值得注意的是,除 1 号样地外,其它样地均随着高程的增加,土壤 Richness 指数逐渐增加,对土壤理化性质、植被与微生物群落多样性的相关性分析可知, Richness 指数、Shannon 和 Simpson 指数均与土壤 SM 及 $\text{NH}_4\text{-N}$ 显著负相关($p<0.05$)。

表 2 土壤微生物群落代谢功能多样性指数
Tab.2 Metabolic Diversity Index of Soil Microbial Community

样地	Richness指数(S)	Shannon指数(H)	Simpson指数(D)
1	12.33±0.67 ab	2.04±0.09 a	0.88±0.01 a
2	13.33±0.33 a	2.29±0.02 a	0.91±0.00a
3	12.67±0.88 ab	2.21±0.06 a	0.90±0.01 a
4	10.00±0.58 ab	1.95±0.23 a	0.88±0.02 a
5	11.67±2.40 ab	2.11±0.21 a	0.90±0.01 a
6	7.67±0.88 b	1.54±0.24 a	0.90±0.01 a

注: 平均值±标准差, 同列不同小写字母表示样地间差异显著($P<0.05$), $n=3$ 。

由表 3 可见, Richness 指数、Shannon 和 Simpson 指数均与土壤 SM 及 $\text{NH}_4\text{-N}$ 显著负相关($p<0.05$)。在不同碳源类型中, 利用率最高的氨基酸类碳源与土壤 SM、pH 及 TP 极显著负相关($p<0.01$), 与土壤 AFDM 和 TOC 及植被物种数和多度极显著正相关($p<0.01$)。而其他类型的碳源与土壤 SM、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 、AFDM、TOC 及植物物种数和多度中的某些相关性较大。

表 3 土壤理化性质和植被与微生物群落多样性指数及利用不同碳源的相关性

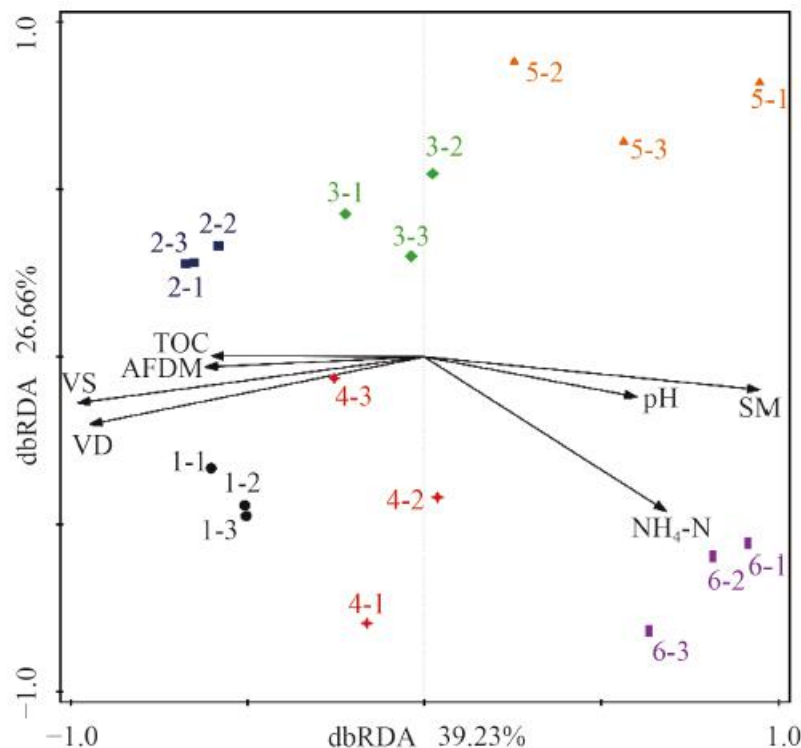
Tab.3 Correlation of Soil Physicochemical Parameters, Vegetation and Microbial Metabolic Diversity to Different Carbon Sources

	Richness (S)	Shannon (H)	Simpson (D)	多聚物	糖类	酚酸类	羧酸类	氨基酸类	胺类
SM	-0.489*	-0.505*	-0.497*	NS	-0.701**	NS	NS	-0.639**	NS
pH	NS	NS	NS	NS	-0.590**	NS	NS	-0.668**	NS
AFDM	NS	NS	NS	NS	NS	0.496*	NS	0.793**	0.501*
TOC	NS	NS	NS	NS	NS	0.628**	NS	0.864**	NS
TN	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
TP	NS	NS	NS	NS	NS	-0.547*	NS	-0.715**	NS
NH ₄ -N	-0.574*	-0.585*	-0.563*	NS	-0.493*	NS	-0.539*	NS	NS
NO ₃ -N	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	-0.537*
植被物种数	NS	NS	NS	NS	0.562*	NS	NS	0.712**	NS
植被多度	NS	NS	NS	NS	0.515*	NS	NS	0.674**	NS

注：*表示 $P<0.05$ ，**表示 $P<0.01$ ， $n=9$ ；NS表示无显著相关性。

2.4 环境因子对于微生物群落代谢功能多样性的影响

从统计学角度对土壤微生物群落碳源代谢和环境因子进行 dbRDA 排序分析，从而揭示沿水位高程分布的土壤微生物群落代谢功能变化影响因子，结果如图 4 所示。排序第一轴和第二轴可解释量累计达 65.89%。该结果表明，所检测的环境因子能够解释不同高程土壤微生物群落代谢功能的变化。Monte Carlo 检验分析发现，土壤 SM($p=0.002$)、NH₄⁻N($p=0.008$)和植被 VS($p=0.002$)、VD($p=0.002$)与土壤微生物群落代谢功能变化极显著相关；pH($p=0.012$)、TOC($p=0.018$)、AFDM($p=0.034$)则与土壤微生物群落代谢功能变化显著相关。图 4 显示，不同水位高程土壤微生物群落代谢功能分异明显。1、2 号样地主要受植被和有机质的影响较大，聚在第一轴负半轴；5、6 号样地主要受土壤 SM、NH₄⁻N 影响聚在第一轴正半轴；3、4 号样地则聚在中轴线位置。结果表明，在本研究中，不同水位高程土壤微生物群落代谢功能差异显著，且代谢功能变化的影响因子也不同，但土壤含水量是微生物群落代谢功能差异的最根本的影响因子。



注：VD为植被多度；VS为植被物种数

图4 不同水位高程土壤微生物代谢功能与环境因子
dbRDA分析排序

Fig.4 dbRDA Analysis Ranking Ordination of Microbial
Metabolic Function and Environmental Factors with
Different Water-level Altitudes

3 讨论

水文变化是鄱阳湖湿地的根本属性，控制着整个湿地生态系统的生物群落分布及生态过程。本研究发现，随样地水位高程的降低，湿地土壤微生物群落对碳源代谢功能活性显著降低。Ding 等^[20]在对鄱阳湖湿地滩涂细菌群落组成的研究中发现细菌群落多样性具有显著的空间差异，且土壤理化性质显著影响群落结构；夏品华等^[21]在喀斯特高原土壤微生物群落功能多样性对湿地退化过程的响应研究中发现沿湿地植被演替梯度，根际土壤微生物群落碳源代谢强度逐渐增加。Foulquie 等^[22]研究结果显示，微生物群落结构变化与不同水文情势密切相关。其原因可能是样地土壤水分、通气性、有机养分和植被等因子的差异，导致土壤微生物群落碳源代谢活性发生变化；然而，土壤微生物群落活性发生变化的同时，又会影响土壤营养有机质和植被的生长和繁殖。因此，土壤-植被-微生物三者之间相互影响，相互制约。

在本研究中，由于样地所处水位高程的降低，土壤含水量逐渐升高，相应的淹水时间也延长，地表植被的覆盖率逐渐降低，样地土壤微生物代谢活性降低，可能更有利于土壤有机质的积累。本研究样地土壤有机养分出现先减小后增大的趋势印证了这一推测。这是因为随着水位高程较低，地表植被减少导致有机质输入减少，但淹水时间变长则增加了土壤有机质累积。同样，盛宣才等^[23]在水位对杭州湾芦苇湿地土壤有机碳、氮、磷含量的影响研究结果显示，总有机碳和总氮含量随着水位增加总体上表现为先减小后增大趋势。张全军等^[24]的研究发现也说明了不同的水文条件会影响湿地土壤中营养元素迁移转化过程和湿地

植物群落的生长、分布和演替。

通过 dbRDA 排序分析环境因子对于微生物群落代谢功能多样性的影响发现, 沿着水位高程的变化, 土壤微生物群落功能多样性呈现区域性空间分布特征, 相邻样地的土壤微生物碳源代谢功能更为相近。它们的主要影响因子为土壤含水量, 其次就是地表植被、土壤有机质及 pH 值。在洞庭湖和三江平原湿地研究中也发现土壤含水量、地表植被以及土壤有机质是影响土壤微生物生物量和群落特征的主要因素, 这也验证了本研究的实验结果^[25, 26]。本研究结果也进一步提示, 土壤微生物代谢功能活性受不同环境因子影响, 而水文变化是引起土壤微生物群落代谢功能活性变化的根本原因。结果表明了水文变化作为鄱阳湖湿地的根本属性同时影响土壤性质、湿地植被以及土壤微生物群落以及三者之间相互作用, 它也控制着整个湿地的生态过程。

值得注意的是, 我们发现 1 号样地(狗牙根群落)微生物群落代谢功能活性以及土壤有机质含量均低于 2 号样地(南荻群落), 这与高程变化趋势不一致。我们进一步分析推测, 自长江重大水利工程三峡大坝建设运行以来, 鄱阳湖丰水期水位较低, 枯水期明显提前及其持续时间延长, 并且频频出现最低水位^[6]。这些现象导致了 1 号样地(狗牙根群落)土壤淹水期越来越短暂, 几乎常年处于干涸状态。1 号样地(狗牙根群落)土质由湿地土变成草甸土壤, 最后慢慢演变为成熟土壤, 土壤含水量逐渐降低, 植被中生化和旱生化现象在一步一步加剧, 植被群落多样性正逐渐减少, 使得土壤有机质含量降低, 从而进一步导致微生物群落代谢功能活性降低。同时, 还有一种可能原因是, 1 号样地(狗牙根群落)靠近河岸, 受人为影响较其他样地更大, 也可能导致植被群落多样性逐渐减少, 土壤有机质含量降低以及土壤微生物群落代谢功能活性降低。总之, 随着水位梯度的降低, 淹水时间延长, 导致土壤通透性较差, 土壤植被多样性降低, 输入到土壤的有机物减少, 从而为微生物群落提供的可利用的碳源减少, 微生物群落活性降低^[27, 28]。

本研究通过采用 Biolog 微平板分析法探讨土壤微生物群落代谢功能多样性对不同水位高程的响应规律, 揭示了鄱阳湖湿地水位高程变化与土壤微生物多样性有着密切的相关性, 研究结果可为管理、保护鄱阳湖湿地提供科学指导。随着研究深入和技术改进, 后续我们将结合其他群落结构分析方法如: 末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)、建立克隆文库或进行高通量测序等方法开展鄱阳湖湿地不同水位高程土壤微生物群落结构等方面的研究。

4 结论

(1) 鄱阳湖湿地不同高程导致地表植被的分布和土壤性质差异明显。随着样地高程的降低, 土壤含水量逐渐升高, 地表植被的覆盖率逐渐降低, 土壤有机养分出现先减小后增大的趋势。

(2) 沿着高程降低, 对碳源代谢活性依次降低; 土壤微生物群落主要利用的碳源类型为氨基酸类、羧酸类及酚酸类, 它们与土壤含水量、有机质等密切相关。

(3) dbRDA 排序分析显示, 沿着高程分布, 土壤微生物群落功能多样性呈现区域性分布特征, 相邻样地的土壤微生物碳源代谢功能更为相近。它们的主要影响因子均为土壤含水量, 其次就是地表植被、土壤有机质、pH 及 NH₄-N。

参考文献:

[1] 贺晓英, 贺缠生. 北美五大湖保护管理对鄱阳湖发展之启示[J]. 生态学报, 2008, 28(12): 6235 - 6242.

【HE X Y, HE C S. Protection and development of the north America' s Great Lakes Basin: implications to management of the Poyang Lake Basin[J]. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(12):6235 - 6242. 】

[1]

[2] “Studies on Poyang Lake” Editorial Board. Studies on Poyang Lake[M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 1988.

[3] 葛 刚, 徐燕花, 赵 磊, 等. 鄱阳湖典型湿地土壤有机质及氮素空间分布特征[J]. 长江流域资源与环境, 2010, 19(6): 619 - 622.

【GE G, XU Y H, ZHAO L, et al. Spatial distribution characteristics of soil organic matter and nitrogen in the Poyang Lake wetland[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2010, 19(6): 619 - 622.】

[4] 刘发根, 李 梅, 郭玉银. 鄱阳湖水质时空变化及受水位影响的定量分析[J]. 水文, 2014, 34(4): 37 - 43.

【LIU F G, LI M, GUO Y Y. Spatial-temporal variation of water quality and water level effect on water quality in Poyang Lake[J]. Hydrology, 2014, 34(4): 37 - 43.】

[5] 胡振鹏, 葛 刚, 刘成林. 越冬候鸟对鄱阳湖水文过程的响应[J]. 自然资源学报, 2014, 29(10): 1770 - 1779.

【HU Z P, GE G, LIU C L. Response of wintering migratory birds to hydrological processes in Poyang Lake[J]. Journal of Natural Resources, 2014, 29(10): 1770 - 1779.】

[6] 张 萌, 倪乐意, 徐 军, 等. 鄱阳湖草滩湿地植物群落响应水位变化的周年动态特征分析[J]. 环境科学研究, 2013, 26(10): 1057 - 1063.

【ZHANG M, NI L Y, XU J, et al. Annual dynamics of the wetland plants community in Poyang Lake in response to water-level variations[J]. Research of Environmental Sciences, 2013, 26(10): 1057 - 1063.】

[7] 谢冬明, 郑 鹏, 邓红兵, 等. 鄱阳湖湿地水位变化的景观响应[J]. 生态学报, 2011, 31(5): 1269 - 1276.

【XIE D M, ZHENG P, DENG H B, et al. Landscape responses to changes in water levels at Poyang Lake wetlands[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(5): 1269 - 1276.】

[8] ZHANG X, ZHAO X, ZHANG M. Functional diversity changes of microbial communities along a soil aquifer for reclaimed water recharge[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2012, 80(1): 9 - 18.

[9] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 等. 中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化[J]. 植物生态学报, 2013, 37(5): 397 - 406.

【WU Z Y, LIN W X, CHEN Z F, et al. Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2013, 37(5): 397 - 406.】

[10] GARLAND J L. Analysis and interpretation of community-level physiological profiles in microbial ecology[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1997, 24(4): 289 - 300.

[11] 吴桂平, 叶 春, 刘元波. 鄱阳湖自然保护区湿地植被生物量空间分布规律[J]. 生态学报, 2015, 35(2): 361 - 369.

【WU G P, YE C, LIU Y B. Spatial distribution of wetland vegetation biomass in the Poyang Lake national nature reserve, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(2): 361 - 369.】

[12] 张 杰, 余 潮, 王自海, 等. 不同植被群落表层土壤中细菌群落多样性[J]. 环境科学研究, 2013, 26(8): 866 - 872.

【ZHANG J, YU C, WANG Z H, et al. Diversity of bacterial communities in surface soils under different vegetation communities[J]. Research of Environmental Sciences, 2013, 26(8):866 - 872.】

[13] 陈伏生, 胡小飞, 葛 刚. 城市地被植物麦冬叶片氮磷化学计量比和养分再吸收效率[J]. 草业学报, 2007, 16(4): 47 - 54.

【CHEN F S, HU X F, GE G. Leaf N: P stoichiometry and nutrient resorption efficiency of *Ophiopogon japonicus* in Nanchang City[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2007, 16(4): 47 - 54.】

[14] 濮培民. 蔡述明, 朱海虹, 等. 三峡工程与长江中游湖泊洼地环境[M]. 北京: 科学出版社, 1994.

[15] BUTLER S M, MELILLO J M, JOHNSON J E, et al. Soil warming alters nitrogen cycling in a New England forest: implications for ecosystem function and structure[J]. Oecologia, 2012, 168(3):819 - 828.

[16] 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.

【ZHANG J, HU W, LIU Y Z, et al. Response of soil microbial functional diversity to different land-use types in wetland of Poyang Lake, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(4): 965 - 971.】

[17] ROGERS B F, TATE III R L. Temporal analysis of the soil microbial community along a toposequence in Pineland soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(10): 1389 - 1401.

[18] WEI Y, YU L F, ZHANG J C, et al. Relationship between vegetation restoration and soil microbial characteristics in degraded karst regions:a case study[J]. Pedosphere, 2011, 21(1): 132 - 138.

[19] SCHUTTER M, DICK R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2001, 33(11): 1481 - 1491.

[20] DING X, PENG X J, JIN B S, et al. Spatial distribution of bacterial communities driven by multiple environmental factors in a beach wetland of the largest freshwater lake in China[J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6: 129.

[21] 夏品华, 寇永珍, 喻理飞. 喀斯特高原退化湿地草海土壤微生物群落碳源代谢活性研究[J]. 环境科学学报, 2015, 35(8): 2549 - 2555.

【XIA P H, KOU Y Z, YU L F. Carbon metabolic soil microbial community in Caohai Karst Plateau degraded wetland: a case study in southwest China[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2015, 35(8):2549 - 2555.】

[22] FOULQUIER A, VOLAT B, NEYRA M, et al. Long-term impact of hydrological regime on structure and functions of microbial communities in riverine wetland sediments[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, 85(2): 211 - 226.

[23] 盛宣才, 邵学新, 吴 明, 等. 水位对杭州湾芦苇湿地土壤有机碳、氮、磷含量的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2015, 31(5): 718 - 723.

【SHENG X C, SHAO X X, WU M, et al. Effects of water level on organic carbon, total nitrogen and total phosphorus in soil in reed wetlands of Hangzhou Bay[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2015, 31(5): 718 - 723.】

[24] 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.

【ZHANG Q J, YU X B, QIAN J X, et al. Distribution characteristics of plant communities and soil organic matter and main nutrients in the Poyang Lake Nanji Wetland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(12): 3656 - 3669.】

[25] 刘银银, 孙庆业, 李 峰, 等. 洞庭湖典型湿地植被群落土壤微生物特征[J]. 生态学杂志, 2013, 32(5): 1233 - 1237.

【LIU Y Y, SUN Q Y, LI F, et al. Soil microbial characteristics of Dongting Lake wetlands with different typical vegetation communities[J]. Chinese Journal of Ecology, 2013, 32(5): 1233 - 1237.】

[26] 杨继松, 刘景双. 小叶章湿地土壤微生物生物量碳和可溶性有机碳的分布特征[J]. 生态学杂志, 2009, 28(8): 1544 - 1549.

【YANG J S, LIU J S. Distribution characteristics of microbial biomass carbon and dissolved organic carbon in *Deyeuxia angustifolia* marsh soils[J]. Chinese Journal of Ecology, 2009, 28(8): 1544 - 1549.】

[27] ÖZEN A, BUCAK T, TAVŞANOĞLU Ü N, et al. Water level and fish-mediated cascading effects on the microbial community in eutrophic warm shallow lakes: a mesocosm experiment[J]. Hydrobiologia, 2014, 740(1): 25 - 35.

[28] 杨桂生, 宋长春, 王 丽, 等. 水位梯度对小叶章湿地土壤微生物活性的影响[J]. 环境科学, 2010, 31(2): 444 - 449.

【YANG G S, SONG C C, WANG L, et al. Influence of water level gradient on marsh soil microbial activity of *Calamagrostis angustifolia*[J]. Environmental Science, 2010, 31(2): 444 - 449.】