

# 湿地土壤有机碳稳定性的微生物学影响机制

肖焯<sup>1</sup>, 黄志刚<sup>2\*</sup>

(1. 湖南文理学院资源环境与旅游学院, 湖南常德 415000; 2. 遵义师范学院生物与农业科技学院, 贵州遵义 563006)

**摘要** 湿地是陆地生态系统的重要碳库, 其土壤有机碳是全球碳循环的重要组成部分。土壤微生物活性因子直接参与土壤物质循环, 是湿地土壤有机碳分解周转的主要内在驱动因子, 是反映土壤有机碳早期变化的敏感性指标。从微生物区系组成、微生物群落功能多样性、微生物量、酶活性和微生物呼吸等方面综述了影响湿地土壤碳周转的微生物学机制, 对深入解析湿地土壤有机碳的迁移转换, 阐明湿地土壤碳动态变化具有重要意义。最后分析了当前研究中存在的不足并对今后的研究方向提出建议。

**关键词** 湿地; 土壤有机碳; 土壤微生物; 酶活性

中图分类号 S 154.3 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2019)20-0015-03

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2019.20.004



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

## Mechanism of Microbiological Influence on Soil Organic Carbon Stability in Wetland

XIAO Ye<sup>1</sup>, HUANG Zhi-gang<sup>2\*</sup> (1. College of Resources and Environment and Tourism, Hunan University of Arts and Science, Changde, Hunan 415000; 2. College of Biological and Agricultural Science and Technology, Zunyi Normal University, Zunyi, Guizhou 563006)

**Abstract** Wetland is an important carbon pool of terrestrial ecosystem and it contains soil organic carbon becoming an important part of global carbon cycle. Due to soil microbial activity factors directly participating in the soil material cycle, they are the main internal driving factors of the decomposition and turnover of soil organic carbon in wetland. Therefore, these microbial activity factors are the sensitivity indexes reflecting the early changes of soil organic carbon. In this paper, the microbiological mechanism affecting soil carbon turnover in wetland was summarized from the aspects of microflora composition, functional diversity of microbial community, microbial biomass, enzyme activity and microbial respiration. It is of great significance to further analyze the migration and transformation of organic carbon in wetland soils and to elucidate the dynamic changes of soil carbon in wetland. Finally, the shortcomings of the present study were analyzed and some suggestions for future research were proposed.

**Key words** Wetland; Soil organic carbon; Soil microorganism; Enzyme activity

湿地是陆地生态系统的重要碳库, 其土壤有机碳是全球碳循环的重要组成部分。土壤微生物活性因子直接参与土壤物质循环, 是湿地土壤有机碳分解周转的主要内在驱动因子, 是反映土壤有机碳早期变化的敏感性指标<sup>[1]</sup>。因此湿地土壤碳库稳定性及其影响因子的研究成为研究热点。近年来, 我国学者针对不同湿地类型从植被类型<sup>[2-3]</sup>、环境因子<sup>[4-5]</sup>、生源要素有效性<sup>[6]</sup>和土地利用方式<sup>[7-8]</sup>等方面探讨了影响湿地土壤有机碳动态变化的自然与人为因素, 而对影响土壤有机碳周转的微生物学作用机制却鲜少研究。湿地土壤微生物主要参与土壤碳、氮等元素的循环, 调控土壤碳截获能力以及碳矿化过程, 其功能变化能够导致湿地碳循环速率差异<sup>[9]</sup>。因此, 土壤碳周转与微生物群落的演变及活性密切相关, 微生物活性较强可以加快土壤有机质分解, 造成土壤碳及养分的大量损失<sup>[10-11]</sup>。由于微生物学性质对外部环境条件变化尤其敏感, 其中微生物群落结构、功能多样性、微生物量、酶活性和微生物呼吸等生理生态指标是表征微生物活性和功能的常用指标, 同时也是影响土壤有机碳变化的重要指示因子。因此, 研究影响湿地土壤碳周转的微生物学作用机制, 对深入解析湿地土壤有机碳的迁移转换规律有重要意义, 可为湿地自然生态系统恢复与保护提供科学支撑。

## 1 土壤微生物群落组成和功能多样性对湿地土壤有机碳的影响

**1.1 土壤微生物群落组成对湿地土壤有机碳的影响** 土壤微生物参与了湿地生态系统中的物质循环和能量流动, 反映了土壤的代谢活性强度<sup>[12]</sup>。Allison 等<sup>[13]</sup>研究表明, 土壤有机碳组分对气候变暖的响应程度取决于土壤微生物对其利用效率的高低。土壤中细菌和真菌占土壤微生物总生物量的 90% 以上, 二者的相对丰富度和活性变化能显著影响碳循环及其储量<sup>[14]</sup>。细菌是通过胶结作用稳定土壤团聚体, 真菌如菌根真菌通过促进微团聚体的形成间接发挥土壤碳固持作用<sup>[15]</sup>; Bailey 等<sup>[16]</sup>的研究结果认为, 以真菌为主导的微生物群落结构会导致土壤有机碳的累积。放线菌发育非常缓慢, 其功能主要是将动植物中某些难分解的物质分解成腐殖质并转化为土壤有机组分<sup>[17]</sup>。研究表明, 在微生物对有机碳的利用和转化途径中, 以真菌占优势的微生物群落更有利于土壤有机碳的积累和稳定性的提高<sup>[18]</sup>, 其原因可能在于微生物对基质的利用程度和代谢产物的差异。湿地在淹水环境下微生物生理活动受到低氧浓度的限制, 长期积水会抑制微生物尤其是真菌的活性, 降低了有机碳分解速率, 从而增加了土壤碳库积累<sup>[19]</sup>。

综上所述, 真菌、细菌和放线菌等土壤微生物群落均有利于土壤有机碳的积累, 其生物学机制各不相同。

**1.2 土壤微生物群落功能多样性对湿地土壤有机碳的影响** 土壤微生物群落代谢功能多样性是反映微生物利用土壤有机物质的效率和机制的重要指标。多样性指数和丰度是表征微生物群落特征的 2 个重要指标, 二者的降低是加速

**基金项目** 国家自然科学基金青年基金(41601583); 湖南省自然科学基金(2017JJ3219); 湖南省教育厅项目(16C1084)。

**作者简介** 肖焯(1979—), 女, 湖南衡阳人, 副教授, 博士, 从事湿地碳循环与生态修复研究。\* 通信作者, 副教授, 从事农业生态学和农业水资源管理及高效利用研究。

**收稿日期** 2019-05-20

土壤有机碳损失的重要原因<sup>[20-21]</sup>。靳振江等<sup>[22]</sup>通过研究排水稻田土壤中岩溶土壤微生物的丰度和多样性,揭示了其对碳循环的指示作用。王娟<sup>[23]</sup>的研究结果显示,水田微生物群落结构与活性是影响土壤碳氮转化的主导因素。Gavazov<sup>[24]</sup>在研究高山枯落物分解中也发现土壤有机质的分解除了与环境条件、底物数量和质量有关外,还受微生物的群落丰度和组成的影响。夏品华等<sup>[25]</sup>通过分析不同演替阶段湿地土壤有机碳含量差异及其土壤微生物群落对6类碳源的利用比例发现,土壤有机碳含量与土壤微生物碳源利用活性存在显著负相关。隋心等<sup>[26]</sup>对三江平原小叶章湿地的研究发现,不同类型湿地土壤细菌群落代谢活性呈现明显的差异性,且与土壤有机碳含量呈正相关,表明碳水化合物类碳源对土壤细菌群落多样性的影响最高。

可见,湿地演替过程中土壤碳源代谢活性通过影响土壤有机碳的分解而削弱湿地碳“汇”功能。

## 2 土壤微生物生物量对湿地土壤有机碳的影响

土壤微生物生物量是土壤碳氮循环中活性最强的部分,其含量反映了土壤同化和矿化能力的大小,是土壤养分转化过程中的一个重要源和库<sup>[27]</sup>。土壤微生物量因为具有较强的敏感性且能够更快、更早地反映土壤养分的变化,因而可作为衡量湿地土壤有机碳含量变化的早期指标<sup>[28]</sup>。李艳琼等<sup>[29]</sup>在研究桂林会仙喀斯特湿地中发现几种植物群落土壤微生物量碳含量在土层间的变化规律与有机碳的变化趋势基本一致,二者存在极显著的正相关关系。吴金水<sup>[30]</sup>的研究结果也表明,同一土壤中土壤微生物量碳含量变化与土壤有机碳含量的变化密切相关,且具有确定的数量关系。毛海芳等<sup>[31]</sup>的研究发现,2个湖泊沉积物中微生物量与活性有机碳存在极显著相关性。

综上所述,土壤微生物生物量与土壤有机碳呈显著正相关关系,其周转速率越快,表明分配比例越大,土壤有机碳等的周转速率就越大。

## 3 土壤酶活性对湿地土壤有机碳的影响

土壤酶活性(主要来源于微生物)体现了土壤生物活性,对湿地土壤有机碳的分解和转化具有重要作用<sup>[32]</sup>。有研究表明,土壤中酶的数量很大程度上取决于土壤微生物数量的多少和生命活动能力的强弱<sup>[33]</sup>,土壤酶活性高低与土壤有机碳分解代谢速率表现出正相关性<sup>[34]</sup>。酶活性的大小也决定了土壤碳素循环速率和腐殖质合成能力,从而影响土壤有机质的积累。由于湿地经常处于水淹状态,好氧微生物和酶活性(如氧化酶和水解酶活性)在厌氧状态环境中将受到抑制,导致土壤碳矿化速率降低<sup>[35]</sup>。万忠梅等<sup>[36]</sup>在研究三江平原小叶章湿地酶活性时发现土壤脲酶、蔗糖酶和纤维素酶活性的季节动态变化与土壤有机碳存在显著正相关关系。Xu等<sup>[37]</sup>的研究发现,湿地土壤转化酶与微生物量碳、可溶性有机碳相关性最高,与碳矿化速率趋势具有一致性。陆坚等<sup>[38]</sup>的研究结果表明,高塘土壤中 $\beta$ -葡萄糖苷酶和 $\beta$ -木糖苷酶也是土壤碳循环的重要参与者,二者能够水解土壤中的纤维素、木聚糖等多糖类物质,为微生物生长提供充足的碳

源。此外,当土壤中难降解的有机碳含量较多时,微生物生理活动产生较多的酶反而抑制酶活性,从而减缓有机碳的分解<sup>[39]</sup>。

可见,当土壤中易分解有机碳含量较高时,土壤酶活性高可以加速土壤有机碳的分解;当土壤中难分解有机碳含量较高时,土壤酶活性高反而抑制土壤有机碳的分解。

## 4 微生物呼吸对湿地土壤有机碳的影响

土壤微生物呼吸和其熵值(土壤代谢熵、微生物熵)一定程度上体现出土壤有机碳库的动态变化,通常作为评价土壤质量的敏感指标而广泛应用<sup>[40]</sup>。宋长春等<sup>[41]</sup>研究表明,沼泽湿地垦殖初期因土温的升高致使微生物呼吸通量变大而加速土壤有机碳的损失。Janzen等<sup>[42]</sup>研究发现,土壤易氧化有机碳含量与土壤呼吸速率相关性较高,表明易氧化有机碳是土壤微生物生理活动的碳源和能量来源之一。土壤微生物呼吸不仅受到温度、水分等环境因素的调控,也受外源有机物输入<sup>[43-44]</sup>以及底物数量及其质量的影响<sup>[45]</sup>。土壤微生物熵能充分反映土壤中活性有机碳所占的比例,是表征土壤总碳库可利用程度的重要指标<sup>[46]</sup>,其值越高说明土壤总有机碳组分中易分解比例越高<sup>[47]</sup>。土壤代谢熵可以表征土壤微生物活性对环境因子或者生存条件的响应,是直接反映微生物对碳源利用效率的重要指标<sup>[48]</sup>,其值越大说明土壤微生物将更多碳源用于呼吸作用。

综上所述,土壤微生物主要是在沼泽湿地开垦早期通过提高微生物呼吸通量而降低土壤有机碳含量;土壤微生物熵和土壤代谢熵主要通过降低土壤有机碳活性组分(易氧化有机碳、活性有机碳)含量影响土壤有机碳含量。

## 5 存在的问题与建议

目前国内外主要通过温度、水分、植被、土地利用方式以及外源物质输入等方面对湿地土壤有机碳分布特征及矿化的影响来研究湿地碳汇功能,并取得了丰硕的研究成果。然而关于湿地碳源/汇功能变化的微生物调控机制的探讨还存在不足,尤其是与微生物活性相关联的综合研究。我国对于天然湿地土壤微生物研究处于初步阶段,主要集中在微生物区系分离培养的基础上,对于微生物群落结构、微生物生物量和酶等微生物活性在土壤碳的分解与固定中的作用研究。不同湿地类型土壤有机碳代谢能力的差异可能与根系土壤微生物种群数量、特定类群有关,尚需要进一步研究,如果能够明确某种特定微生物类群在土壤碳转化中的主导作用及机制,将对提高湿地固碳潜能具有重要的现实意义。同时需要加强湿地生态系统中气候变化、植被、土壤生物等生物与非生物交互作用影响土壤碳积累、转化与分解的研究,为探明湿地生态系统土壤碳转化的关键影响因子和促进其碳汇功能提供科学依据。

## 参考文献

- [1] CHMURA G L, ANISFELD S C, CAHOON D R, et al. Global carbon sequestration in tidal, saline wetland soils[J]. Global biogeochemical cycles, 2003, 17(4): 1-22.
- [2] 姜刘志, 杨道运, 梅立永, 等. 深圳市红树植物群落碳储量的遥感估算研究[J]. 湿地科学, 2018, 16(5): 618-625.
- [3] 金奇, 吴琴, 钟欣孜, 等. 鄱阳湖湿地水位梯度下不同植物群落类型土壤

- 有机碳组分特征[J].生态学报,2017,36(5):1180-1187.
- [4] 肖焜.盐分对辽河口湿地土壤有机碳矿化的影响[D].沈阳:沈阳大学,2016.
- [5] 王纯,刘兴土,全川,等.水盐梯度对闽江河口湿地土壤有机碳组分的影响[J].中国环境科学,2017,37(10):3919-3928.
- [6] 王志萍,曾从盛.氮输入对闽江河口湿地土壤有机碳矿化的影响[J].亚热带资源与环境学报,2017,12(3):43-49.
- [7] 邹继承,潘根兴,杨恒山,等.不同土地利用方式对河滩砂质湿地土壤有机碳在团聚体内分布和稳定性的影响[J].水土保持学报,2013,27(2):228-233.
- [8] 吴江琪,马维伟,李广,等.尕斯库勒湿地沼泽化草甸中不同积水区土壤活性有机碳含量[J].湿地科学,2017,15(1):137-143.
- [9] HUNGER S, CÖPNER A S, DRAKE H L, et al. Anaerobic trophic interactions of contrasting methane-emitting mire soils: Processes versus taxa[J]. FEMS Microbiol Ecology, 2015, 91: 1-14.
- [10] SCHMIDT M W I, TORN M S, ABIVEN S, et al. Persistence of soil organic matter as an ecosystem property[J]. Nature, 2011, 478: 49-56.
- [11] CHAPMAN S K, PALANIVEL R U, LANGLEY J A. Soil carbon stability response to land-use and groundcover management in southern Appalachian agroecosystems[J]. Soil Science society of America journal, 2012, 76(6): 2221-2229.
- [12] WU H P, ZENG G M, 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.
- [13] ALLISON S D, WALLENSTEIN M D, BRADFORD M A. Soil-carbon response to warming dependent on microbial physiology[J]. Nature geoscience, 2010, 3: 336-340.
- [14] RINNAN R, BAATH E. Differential utilization of carbon substrates by bacteria and fungi in tundra soil[J]. American society for microbiology, 2009, 75: 3611-3620.
- [15] 陈香碧,何寻阳,胡亚军,等.喀斯特典型生态系统土壤有机碳积累特征与稳定机制[J].农业现代化研究,2018,39(6):907-915.
- [16] BAILEY V L, SMITH J L, BOLTON H. Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration[J]. Soil biology & biochemistry, 2002, 34(7): 997-1007.
- [17] 亚历山大 M. 土壤微生物学导论[M]. 广西农学院农业微生物学教研组,译.北京:科学技术出版社,1983.
- [18] FREY S D, ELLIOTT E T, PAUSTIAN K. Bacterial and fungal abundance and biomass in conventional and no-tillage agro-ecosystems along two climatic gradients[J]. Soil biology and biochemistry, 1999, 31: 573-585.
- [19] PORET A T, JI B M, ENGELHAUPT E, et al. Soil microbial biomass along a hydrologic gradient in a sub siding coastal bottomland forest: Implications for future subsidence and sea-level rise[J]. Soil biology and biochemistry, 2007, 39: 641-645.
- [20] CHEN X B, SU Y R, HE X Y, et al. Soil bacterial community composition and diversity respond to cultivation in Karstecosystems[J]. World journal of microbiology and biotechnology, 2012, 28(1): 205-213.
- [21] ZHU H H, HE X Y, WANG K L, et al. Interactions of vegetation succession, soil bio-chemical properties and microbial communities in a Karst ecosystem[J]. European journal of soil biology, 2012, 51: 1-7.
- [22] 靳振江,汤华峰,李敏,等.典型岩溶土壤微生物丰度与多样性及其对碳循环的指示意义[J].环境科学,2014,35(11):4284-4290.
- [23] 王娟.稻田土壤碳氮转化与微生物群落结构及活性之间的联系机制[D].杭州:浙江大学,2015.
- [24] GAVAZOV K S. Dynamics of alpine plant litter decomposition in a changing climate[J]. Plant soil, 2010, 337: 19-32.
- [25] 夏品华,寇永珍,喻理飞.喀斯特高原退化湿地草甸土壤微生物群落落源代谢活性研究[J].环境科学学报,2015,35(8):2549-2555.
- [26] 隋心,张荣涛,杨立宾,等.三江平原不同类型小叶章湿地土壤细菌群落功能多样性[J].环境科学研究,2016,29(10):1479-1486.
- [27] ZHOU J B, LI S Q. Soil microbial biomass nitrogen and its significance in dryland[M]//LI S X. Soil and plant nitrogen in dryland areas of China. Beijing: Science Press, 2008: 138-187.
- [28] 吴金水,林启美,黄巧云,等.土壤微生物量测定方法及其应用[M].北京:气象出版社,2006.
- [29] 李艳琼,沈育伊,黄玉清,等.桂林会仙喀斯特湿地不同植物群落土壤养分分布差异与微生物活性特征[J].生态科学,2018,37(4):24-34.
- [30] 吴金水.土壤有机质及其周转动力学[M]//何电源.中国南方土壤肥力与栽培作物施肥.北京:科学出版社,1994.
- [31] 毛海芳,何江,吕吕伟,等.沉积物中微生物量与有机碳形态的相关性研究[J].农业环境科学学报,2010,29(12):2406-2412.
- [32] 徐小锋,宋长春,宋霞,等.湿地根际土壤矿化及相关酶活性分异特征[J].生态环境,2004,13(1):40-42.
- [33] 周礼恺.土壤酶学[M].北京:科学出版社,1987:228-270.
- [34] 贺灵.北方泥炭沼泽土壤酶活性对水热条件变化的响应及其意义:以小兴安岭地区为例[D].武汉:中国地质大学,2010.
- [35] PINSONNEAULT A J, MOORE T R, ROULET N T. Temperature the dominant control on the enzyme-latch across a range of temperate peatland types[J]. Soil Biol Biochem, 2016, 97: 121-130.
- [36] 万志梅,宋长春.三江平原小叶章湿地土壤酶活性的季节动态[J].生态环境学报,2010,19(5):1215-1220.
- [37] XU X F, SONG C C, SONG X, et al. Carbon mineralization and the related enzyme activity of soil in wetland[J]. Ecology and environment, 2004, 13(1): 40-42.
- [38] 陆坚,杜丽琴,庞浩,等.高塘土壤微生物宏基因组文库的构建及β-葡萄糖苷酶基因鉴定[J].基因组学与应用生物学,2013,32(1):30-35.
- [39] SCHIMEL J P, WEINTRAUB M N. The implications of exoenzyme activity on microbial carbon and nitrogen limitation in soil: A theoretical model[J]. Soil biology and biochemistry, 2003, 35: 549-563.
- [40] 刘珊珊,王芬,张兴华,等.放牧干扰对岷江上游山地森林一干旱河谷交错带土壤微生物量及呼吸熵的影响[J].水土保持通报,2014,34(2):63-68.
- [41] 宋长春,王毅勇,闫百兴,等.沼泽湿地垦植前后土壤温度变化及其土壤热状况的影响[J].应用生态学报,2005,16(1):88-92.
- [42] JANZEN H H, CAMPBELL C A, BRANDT S A, et al. Light-fraction organic matter in soils from long-term crop rotations[J]. Soil Sci Soc Am J, 1992, 56: 1799-1806.
- [43] WANG H, XU W H, HU G Q, et al. The priming effect of soluble carbon inputs in organic and mineral soils from a temperate forest[J]. Oecologia, 2015, 178(4): 1239-1250.
- [44] 吴东梅,郭剑芬,张政,等.DOM对米槠次生林不同土层土壤微生物呼吸及其熵值的影响[J].生态学报,2018,38(11):3806-3815.
- [45] 张浩,吕茂奎,江军,等.侵蚀红壤区植被恢复对表层与深层土壤有机碳矿化的影响[J].水土保持学报,2016,30(1):244-314.
- [46] LI C H, YAN K, TANG L S, et al. Change in deep soil microbial communities due to long-term fertilization[J]. Soil biology and biochemistry, 2014, 75: 264-272.
- [47] MOSCATELLI M C, LAGOMARSINO A, MARINARI S, et al. Soil microbial indices as bioindicators of environmental changes in a poplar plantation[J]. Ecological indicators, 2005, 5(3): 171-179.
- [48] KAISER K, KALBITZ K. Cycling downwards-dissolved organic matter in soils[J]. Soil biology and biochemistry, 2012, 52(8): 29-32.

(上接第6页)

- [10] JIAO Y N, WICKETT N J, AYYAMPALAYAM S, et al. Ancestral polyploidy in seed plants and angiosperms[J]. Nature, 2011, 473(7345): 97-100.
- [11] SOLTIS D E, VISGER C J, MARCHANT D B, et al. Polyploidy: Pitfalls and paths to a paradigm[J]. American journal of botany, 2016, 103(7): 1146-1166.
- [12] DENOEUDE F, CARRETERO-PAULET L, DEREEPER A, et al. The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis[J]. Science, 2014, 345(6201): 1181-1184.
- [13] MURAT F, LOUIS A, MAUMUS F, et al. Understanding Brassicaceae evolution through ancestral genome reconstruction[J]. Genome biology, 2016, 16: 1-17.