



天津科技大学学报

Journal of Tianjin University of Science & Technology

ISSN 1672-6510, CN 12-1355/N

《天津科技大学学报》网络首发论文

题目：天津滨海湿地碳氮磷耦合特征及其微生物驱动机制
作者：李欣怡，刘浩然，王佳欣，王娅妮，张鑫，宋东辉
DOI：10.13364/j.issn.1672-6510.20250056
收稿日期：2025-03-20
网络首发日期：2026-02-02
引用格式：李欣怡，刘浩然，王佳欣，王娅妮，张鑫，宋东辉. 天津滨海湿地碳氮磷耦合特征及其微生物驱动机制[J/OL]. 天津科技大学学报.
<https://doi.org/10.13364/j.issn.1672-6510.20250056>



网络首发：在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认：纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。



天津滨海湿地碳氮磷耦合特征及其微生物驱动机制

李欣怡¹, 刘浩然¹, 王佳欣¹, 王娅妮¹, 张鑫¹, 宋东辉^{1,2}

(1. 天津科技大学海洋与环境学院, 天津 300457; 2. 海洋资源化学与食品技术教育部重点实验室, 天津 300457)

摘要: 为深入挖掘土壤酶活性与微生物多样性驱动生物地球化学循环的核心特征, 本研究以典型滨海湿地生态系统的天津滨海湿地为研究对象, 通过系统测定土壤理化参数、酶活性指标及微生物群落结构特征, 整合相关性分析、主成分分析 (PCA) 和非度量多维尺度分析 (NMDS) 等多维统计方法, 系统解析关键土壤酶活性 (过氧化氢酶、蔗糖酶、脱氢酶等) 与环境因子 (盐度、有机碳、总氮、总磷) 及微生物 α/β 多样性间的耦合机制。结果表明: 湿地土壤微生物优势类群可以划分到 6 个细菌门和 21 个真菌门, 其中变形菌门 (Proteobacteria, 丰度最高达 85% 以上) 和子囊菌门 (Ascomycota, 丰度最高达 90% 以上) 为最具优势类群, 但是由于地域和植被微环境的影响, 也导致微生物群落组成出现相对波动。土壤盐度与脱氢酶 ($r = -0.80, P < 0.01$) 及蔗糖酶活性 ($r = -0.48, P < 0.05$) 呈现显著负相关, 总氮和总磷与土壤有机碳呈现显著正相关 ($r = 0.58/0.61, P < 0.05$)。本研究从生物地球化学角度揭示了盐渍化过程对湿地生态功能的抑制效应, 同时证实微生物群落的高多样性通过功能冗余机制提升生态系统稳定性, 为滨海湿地生态修复的多目标协同管理提供理论依据。

关键词: 天津滨海湿地; 土壤酶活性; 环境因子; 相关性分析; 生态系统功能

中图分类号: Q938.1+3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1672-6510 (0000)00-0000-00

Coupling Characteristics of Carbon, Nitrogen, Phosphorus and Their Microbial Driving Mechanisms in Tianjin Coastal Wetlands

LI Xinyi¹, LIU Haoran¹, WANG Jiaxin¹, WANG Yani¹, ZHANG Xin¹, SONG Donghui^{1,2}

(1. College of Marine and Environmental Sciences, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China;

2. Key Laboratory of Marine Resource Chemistry and Food Technology (TUST), Ministry of Education, Tianjin 300457, China)

Abstract: To deeply explore the core characteristics of how soil enzyme activity and microbial diversity drive biogeochemical cycles, this study focused on a typical coastal wetland system the Tianjin coastal wetlands and systematically measured soil physicochemical parameters, enzyme activity indicators, and microbial community structure characteristics. By integrating correlation analysis, principal component analysis (PCA), and non-metric multidimensional scaling (NMDS), we elucidated the coupling mechanisms among key soil enzyme activities (catalase, sucrase, dehydrogenase, etc.), environmental factors (salinity, organic carbon, total nitrogen, total phosphorus), and microbial α/β diversity. The results revealed that the dominant microbial taxa in wetland soils could be classified into 6 bacterial phyla and 21 fungal phyla, with Proteobacteria (maximum abundance >85%) and Ascomycota (maximum abundance >90%) being the most predominant. However, regional and vegetation microenvironments led to relative fluctuations in microbial community composition. Soil salinity showed significant negative correlations with dehydrogenase ($r = -0.80, P < 0.01$) and sucrase activities ($r = -0.48, P < 0.05$). Total nitrogen (TN) and total phosphorus (TP) exhibited significant positive correlations with soil organic carbon (SOC) ($r = 0.58/0.61, P < 0.05$). These findings reveal the inhibitory effects of salinization on wetland ecological functions from a biogeochemical perspective, while confirming that high microbial diversity enhances ecosystem stability through functional

收稿日期: 2025-03-20; 修回日期: 2025-06-08

基金项目: 湿地环境生态系统管理与碳汇研究 (TEEB24-03)

作者简介: 李欣怡 (2000—), 女, 山东淄博人, 硕士研究生; 通信作者: 宋东辉, 教授, dhsong@tust.edu.cn

redundancy mechanisms. This study provides theoretical support for multi-objective synergistic management in coastal wetland ecological restoration.

Key words: Tianjin coastal wetlands, soil enzyme activities, environmental factors, correlation analysis, ecosystem functions

湿地是地球生态系统中最重要自然综合体之一，具有极高的生物多样性和丰富的生态服务功能^[1]。湿地占陆地 5%~7%^[2]，却为 40% 野生生物提供栖息地，储存全球约三分之一土壤有机碳，在全球碳循环中扮演着至关重要的角色。滨海湿地作为湿地的一种特殊类型，位于海岸线和内陆地区之间，是陆地和海洋之间的生态屏障和生物多样性的重要保护区^[3]，具有水草丰茂、水深变化大、潮汐作用明显等特点^[4]，其丰富的生物多样性和高度的生态系统服务功能^[5]，在减缓海浪侵蚀^[6]、调节气候^[7]等方面发挥重要作用。

湿地作为重要的生态系统，其土壤酶活性是驱动碳、氮、磷等关键元素生物地球化学循环的核心动力。过氧化氢酶作为氧化应激的敏感指标，其活性与湿地土壤的氧化还原状态密切相关^[8]。脲酶是氮循环的关键酶类，其活性直接反映尿素水解与氮素有效性，国内学者尤其关注退化湿地的氮代谢失衡问题^[9]。磷酸酶活性常被视为磷限制的生物学标志，滨海湿地中盐度与磷酸酶活性的交互作用可能加剧磷限制^[10]。蔗糖酶作为碳水解酶的代表，其活性与土壤有机碳 (SOC) 含量和微生物碳代谢效率高度相关，盐渍化湿地的蔗糖酶活性受盐分-碳耦合机制调控^[11]。脱氢酶是评估微生物代谢活性的重要指标，其活性对水文条件与污染物胁迫极为敏感^[12]。

尽管已有研究取得重要成果，但是仍存局限性：多数研究聚焦单一酶类，对多酶协同作用及环境因子交互效应的解析不足；国内对滨海类特殊湿地类型的酶活性研究相对匮乏；与微生物多样性相耦合的酶活性的非线性影响对湿地的环境影响尚未明晰。本研究通过系统分析湿地土壤理化性质、微生物多样性与酶活性的耦合关系，旨在揭示不同环境条件下湿地微生物多样性和酶活性的相互作用机制，为湿地修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究对象

2023 年 6 月，在天津滨海湿地中的大黄堡 (39°25'N, 117°13'E)、七里海 (39°17'N, 117°37'E) 和北大港 (38°44'N, 117°28'E) 国家湿地自然保护区选取 12 个地点，依据五点采样法采集不同类型的土

壤样本，按采样地分为 D 组、Q 组和 B 组等样品组别 (表 1)。这些采样地代表了典型的近海及海岸湿地类型特征，并且涵盖不同的优势微生物类群。在每个取样地点分别选取多个 1 m×1 m 样方，每个样方无菌采集 0~20 cm 表层原状土壤 (5 份)，混匀后保存。样品在泡沫容器中冷藏运输到实验室。部分样本 4 °C 冷藏，用于基本理化性质测定和微生物培养，其余部分置于 -80 °C 冰箱保存。经过筛选和验证，确保采样样本数据符合本研究的纳入标准。

表 1 采样地点样本特性

Tab. 1 Sampling location and sample characteristics

样品号	植被类型	土壤类型	含水量/%	pH
D1B	狗牙根	壤土	11.97	7.28
D2B	芦苇	黏质土	35.46	7.20
D3B	狗牙根	壤土	11.16	7.34
D1F	狗牙根	壤土	12.57	7.30
D2F	芦苇	黏质土	34.57	7.18
Q1F	芦苇	黏质土	24.92	7.38
Q2B	芦苇	黏质土	28.86	7.42
Q3F	芦苇	黏质土	26.08	7.45
B1B	碱蓬	壤土	18.64	8.17
B2B	碱蓬	壤土	13.35	8.04
B3B	芦苇	黏质土	20.29	8.08
B3F	芦苇	黏质土	21.31	8.16

1.2 测定指标及方法

1.2.1 土壤理化性质的测定

采用多种标准化方法^[13]测定土壤 pH、土壤盐度、土壤有机碳 (SOC)、土壤含水量 (WC)、土壤活性有机碳 (LOC)、总氮 (TN)、总磷 (TP)、植被盖度和单位面积植被生物量。将土壤与水以质量比 : 5 混合，用 pH 计测定土壤 pH；用便携式 EC 计测定土壤盐度；采用重铬酸钾外油浴法测定 SOC；用高锰酸钾提取 LOC，使用紫外分光光度计定量^[14]。用凯氏定氮法和浓硫酸-高氯酸 (H₂SO₄-HClO₄) 消煮法分别测量总氮和总磷；使用直接收割法测定单位面积内植物生物量，用高光谱成像分析计算植被覆盖度。

1.2.2 土壤微生物多样性的测定

收集到的样品 LB 培养基 (1% 细菌用胰蛋白胨, 0.5% 酵母提取物, 1% NaCl, 用 1 mol/L NaOH 调节

pH=7.0)和沙氏培养基(4%葡萄糖,1%蛋白胨,0.01%氯霉素)中进行孵育和过夜培养,8000 r/min离心10 min,富集3代,获得最终用于测定的微生物样本。

采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法提取湿地土壤样本的基因组DNA^[15]。将基因组DNA样品稀释后,使用特异性引物515f(5'-gtgccagcmgccggttaa-3')和806r(5'-ggactachvgggtwtctaat-3')扩增16s rRNA基因的V3-V4区,每组设3个重复,进行PCR反应。将PCR产物与含有SYBR染料的1×上样缓冲液混合,在2%琼脂糖凝胶上电泳检测。用通用DNA纯化试剂盒纯化混合PCR产物。将PCR产物送北京诺禾致源科技股份有限公司(<https://www.novogene.com>)测序。测序文库使用NEB Next@Ultra™II FS DNA PCR-free Library Prep Kit(美国New England Biolabs公司),按照制造商建议生成并添加索引。用Qubit和实时荧光PCR(real-time PCR)对文库进行定量检测,用生物分析仪对文库进行大小分布检测。根据有效文库浓度和所需数据量,将定量文库汇集在Illumina MiSeq

PE250平台上进行测序。

1.2.3 土壤酶活性的测定

采用多种标准化方法^[16]测定土壤固碳相关酶的酶活性。分别用高锰酸钾滴定法、磷酸苯二钠比色法、苯酚钠-次氯酸钠比色法、氯化三苯基四氮唑(TTC)比色法和3,5-二硝基水杨酸比色法测定过氧化氢酶、磷酸酶、脲酶、脱氢酶、蔗糖酶的酶活性。

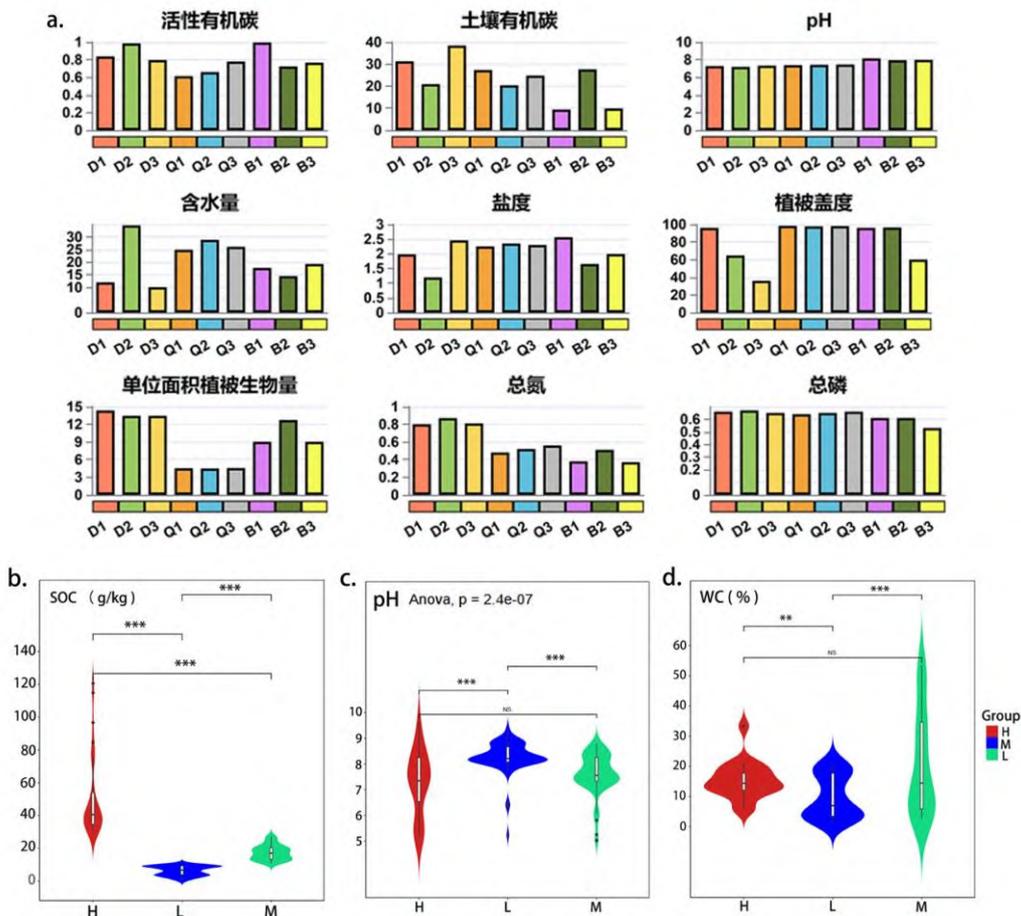
1.3 数据分析

数据分析采用SPSS(IBM® SPSS® Statistics VV27.0.0)和Origin 2024(OriginLab)软件处理, $P<0.05$ 表示有统计学意义。用QIIME2软件计算Shannon和Chao I指数,分别分析 α -多样性和 β -多样性。用PICRUSt软件预测和分析相关的微生物群落。

2 结果与分析

2.1 不同采样地物理化学性质分析结果

不同采样地物理化学性质分析结果如图1所示。



(a) 不同理化性质统计矩阵; (b) 不同碳储量湿地 SOC 含量; (c) 不同碳储量湿地 pH; (d) 不同碳储量湿地 WC 含量
注: *, **, ***表示组间具有显著差异 $P<0.05$, $P<0.01$, $P<0.001$

图1 不同采样地物理化学性质分析结果

Fig. 1 Analysis results of physical and chemical properties in different sampling locations

活性有机碳 (LOC) 与土壤有机碳 (SOC) 的空间分布呈现显著土壤含水量依赖性。天津地区绝大多数湿地土壤 pH 均大于 7, 显示出明显的碱性特征。高含碳量处 (H) 和中含碳量处 (M)、中含碳量处和低含碳量处 (L) 的湿地土壤 pH 和水分含量 (WC) 均存在显著差异 ($P < 0.05$)。这表明含碳量对湿地土壤酸碱性和水分保持能力有显著影响, 高 SOC 土壤富含的有机质 (如腐殖酸) 可以通过中和碱性离子, 将 pH 稳定在较低水平, 其中亲水基团存在比例高, 可以吸附水分子使水分含量有所提升, 这一现象在芦苇沼泽中尤为明显。

含碳量高的湿地中, 土壤 TN 含量最高, 而在含碳量低的湿地中, 土壤 TN 含量同样变低, 显示出含碳量与土壤氮含量之间存在正相关关系。土壤总磷 (TP) 含量也呈现出随含碳量升高而增加的趋势, 这可能与含碳量较高的土壤更有利于磷的固定和循环有关。不同含碳量湿地土壤之间 SOC 均有显著差异 ($P < 0.05$)。沼泽湿地表现出最高的碳含量, 平均值达 34.35 g/kg, 而滨海湿地 (Q 组) 的碳含量虽然低于沼泽湿地, 平均值也达到了 24.16 g/kg, 显示出较高的碳储存能力。这可能与这些湿地的水文条件和植被类型有关, 影响了土壤有机碳的积累和分解。

2.2 不同采样地土壤酶活性分析结果

研究区 5 种土壤酶活性在不同采样组 (D 组、Q 组和 B 组) 之间差异明显 (图 2)。过氧化氢酶活性表现在 D 组 (2.85~3.79 mL/g h) 和 B 组 (3.13~4.15 mL/g h) 显著高于 Q 组 (1.91~3.3 mL/g h), 可能与大黄堡和北大港湿地土壤有机碳 (SOC) 含量较高相关, 支持其氧化代谢需求。过氧化氢酶活性高低表现出与样本含水量高低相悖, 可能与厌氧环境诱导的活性氧 (ROS) 积累相关, 驱动抗氧化酶响应。

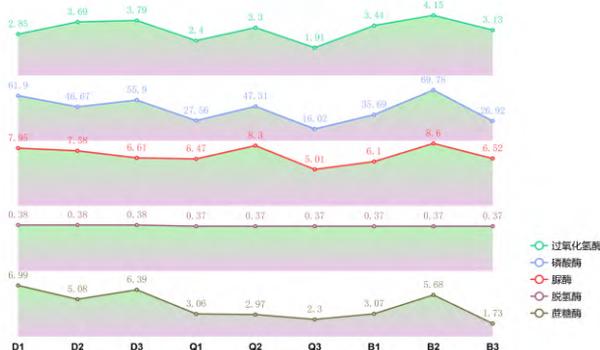


图 2 重要土壤酶活性

Fig. 2 Important soil enzyme activities

磷酸酶活性、脲酶活性和蔗糖酶活性整体与过氧化氢酶活性表现一致, D 组和 B 组显著高于 Q 组, 同样表明与大黄堡和北大港湿地土壤有机碳 (SOC) 含量较高有关, 表明磷限制和氮限制也是湿地养分循环的核心限制因子, 可能由该区域总氮、总磷富集或芦苇根系分泌物刺激所致, 有机碳的存在也有效促进碳水解酶活性。

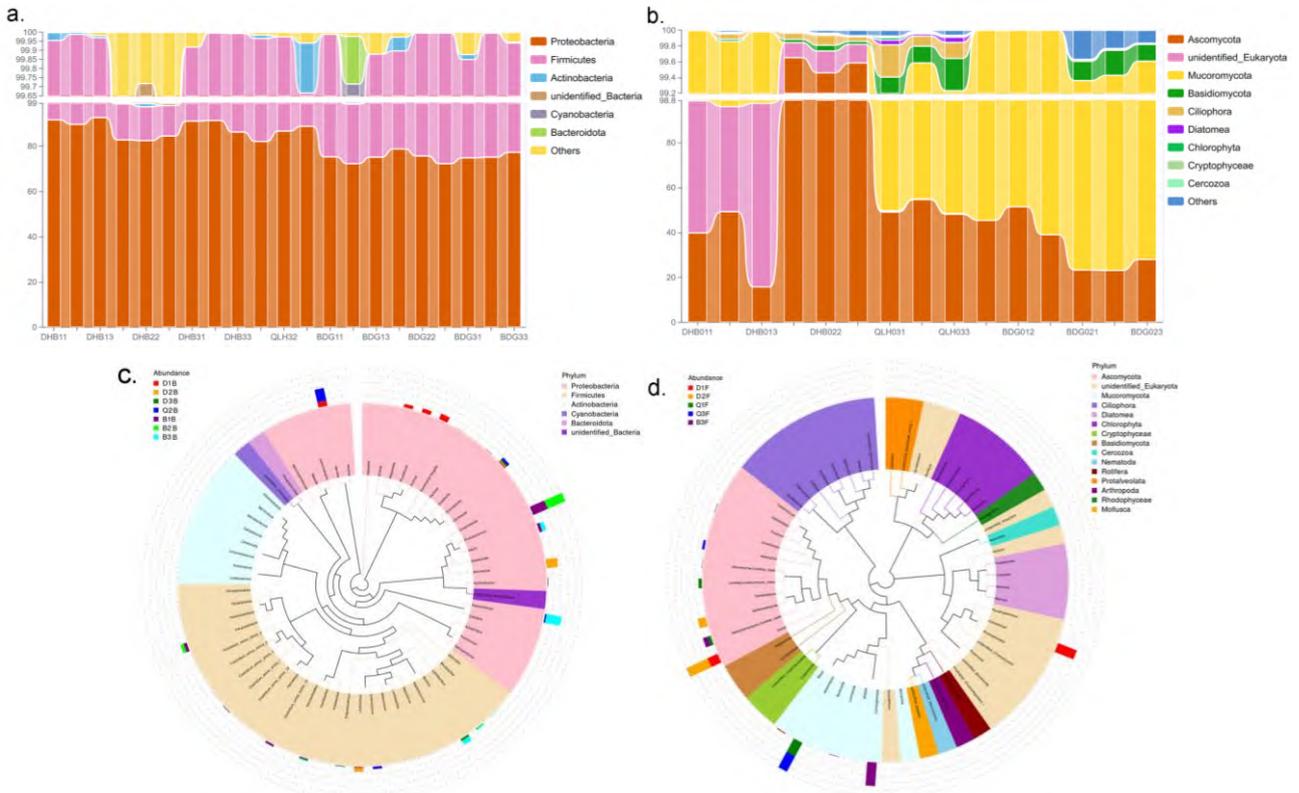
2.3 土壤微生物菌群优势度分析

门水平下物种丰度和属水平下多样性聚类进化树如图 3 所示。在细菌群落中, 所有的细菌扩增子序列变异体 (ASV) 可以划分到 6 个细菌门, 而真菌可以划分为 21 个真菌门, 其中丰度大于 1% 的优势细菌门依次是变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和放线菌门 (Actinobacteria), 优势真菌门分别是子囊菌门 (Ascomycota) 和毛霉门 (Mucoromycota), 这些优势菌门的序列数占有所有样品总序列数的 99% 以上。

不同采样点虽然有着相似的优势菌门, 但在具体的相对丰度上有明显的差异。变形菌门作为湿地土壤的主要优势细菌种群, 在滨海湿地中的相对丰度较小, 为 75% 左右, 在其他湿地土壤样本中的相对丰度高出约 10%, 说明含水量是重要影响因素。放线菌门在以芦苇为优势种的沼泽湿地土壤样本中的相对丰度较高, 约为 15% 左右, 有着独特的形态特征和丰富的次级代谢产物, 它们在湿地中的分布和活动直接影响着土壤结构和化学组成的变化, 加速了湿地内部的物质循环速度。厚壁菌门在湿地中的相对丰度较高, 在 10%~25% 之间, 是优势菌, 其在有机物分解和矿物质循环方面的贡献, 使它们成为维持湿地健康状态的关键参与者, 同时也增强了湿地的固碳效能。在各个样本点中, 变形菌门是绝对的优势菌, 相对丰度在 70%~90% 之间。真菌中, 子囊菌门是湿地土壤的主要优势真菌种群, 在沼泽湿地中的相对丰度最高, 可达 90% 以上, 整体在 20%~50% 之间, 与多种菌属存在互利共生或共享营养资源的关系, 从而促进彼此的增长, 在元素循环过程中发挥了重要的促进作用。毛霉门在滨海湿地中的相对丰度最高 (50%~70%), 是该处的最优势种群, 在其他湿地中相对丰度较低。

由图 3c 和图 3d 可知, 细菌群落随地理距离的增长亲缘关系逐渐增强, 真菌群落亦有相同趋势。这可能是因为地域和植被的影响, 导致微生物群落组成及其进化在地理上出现差异。地理位置相隔最远的湿

地, 其植被类型、微生物群落及进化差异也最为显著。



(a) 门水平下细菌物种丰度 (优势菌门的序列数占总序列数的 99% 以上); (b) 门水平下真菌物种丰度 (优势菌门的序列数占总序列数的 99% 以上); (c) 属水平下细菌多样性聚类进化树; (d) 属水平下真菌多样性聚类进化树

图 3 门水平下物种丰度和属水平下多样性聚类进化树

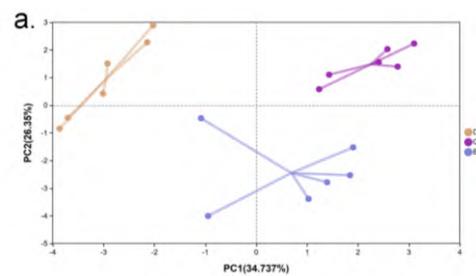
Fig. 3 Species abundance at the phylum level and clustering phylogenetic tree of diversity at the genus level

2.4 环境因子和微生物群落对土壤酶活性的影响程度

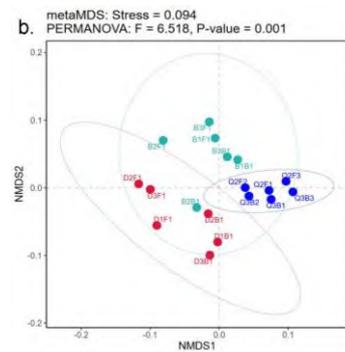
将数据进行标准化和中心化处理后, 对影响微生物群落的环境因素和土壤酶进行降维分析可视化^[17]。PCA 分析和 NMDS 分析结果如图 4 所示。

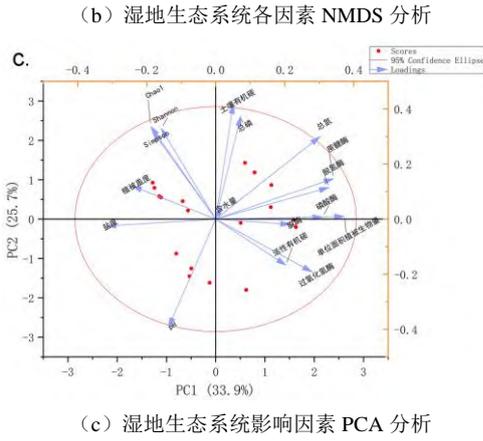
由图 4 (a) 可知, D 组、Q 组和 B 组沿前两个主成分 (PC1: 34.74%; PC2: 26.35%) 呈现明显的分组分离状态。D 组聚集于左下方象限 (PC1 负值区), Q 组位于右上方区域 (PC1 和 PC2 正值区), 而 B 组分布居中且离散度较高, 提示可能存在亚组异质性, 说明 3 处国家自然保护湿地组间整体生态环境和微生物群落组成差异显著。PC1 (34.74%) 和 PC2 (26.35%) 合计解释 61.09% 的变异, 说明前两个主成分能较好反映高维数据的主要特征。大黄堡湿地 (D 组) 集中于左方 (低 PC1 值), 与分布于右上方 (高 PC1 和 PC2 值) 的七里海湿地 (Q 组) 形成明显对比, 尤其在 PC1 轴方向差异最大, 从数据方面表明不同类型的两种湿地之间有明显差异。北大港湿地 (B 组) 数据分布较分散, 表明其与其他的湿地而言属于异质

性样本, 这与湿地本身作为水库保持水源的主要特征密不可分。



(a) 湿地土壤微生物及环境特征质心 PCA 分析





(c) 湿地生态系统影响因素 PCA 分析
 图 4 PCA 分析和 NMDS 分析

Fig. 4 PCA analysis and NMDS analysis

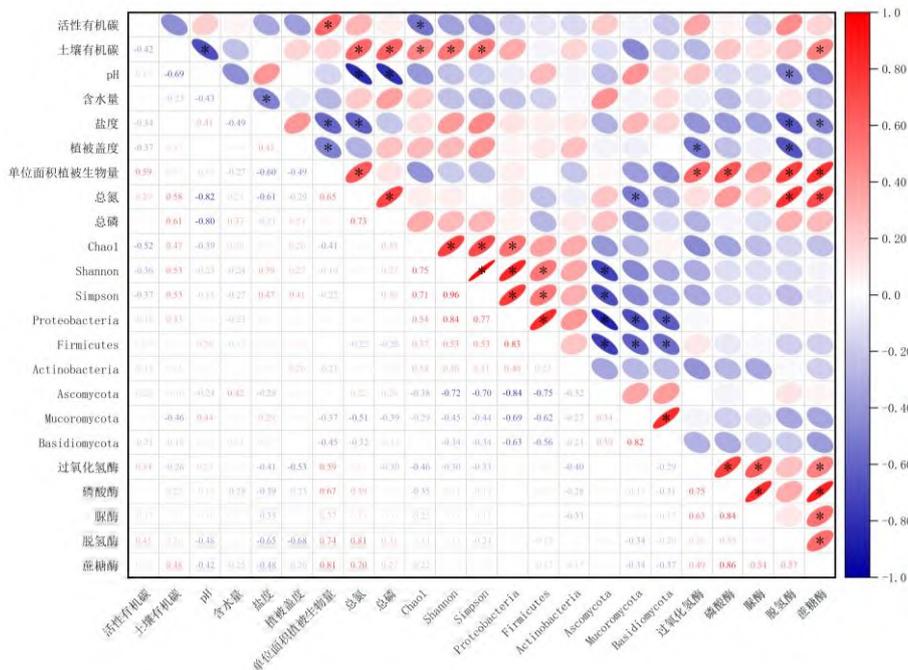
不同分组 (D、Q、B) 的生态群落组成具有显著差异, 其中 PC1 轴 (34.74%) 是区分 D 组和 Q 组的关键维度。B 组的中间位置反映其特征受混杂因素 (水库功能) 影响。基于 Bray-Curtis 距离的非度量多维尺度分析 (NMDS) 以可视化组间 β 多样性模式, 并采用置换多元方差分析 (PERMANOVA) 检验组间差异的显著性^[17]。由图 4 (b) NMDS 图 (应力值 = 0.094) 可知, Q 组沿 NMDS1 轴与 D 组和 B 组明显分离, 3 组均被椭圆轮廓线包围, 表明组内样本分布

具有相似性, 且组间存在明显分离趋势。PERMANOVA 分析证实了组间群落结构的显著差异 ($F = 6.518, P < 0.05$), 说明不同采样湿地的分组对微生物群落结构影响显著。Q 组在 NMDS1 轴右侧独立聚集, 与其他两组分离, 表明其群落组成显著不同。而 B 组与 D 组部分重叠但整体位置不同, 沿 NMDS2 轴呈现分化趋势, 表明二者同属沼泽湿地在生态系统相关信息中包含类似因素, 但是由于地理位置和主要生态功能的差异而反映出微环境不同。

由图 4 (c) 可知, 前两个主成分 (PC1 和 PC2) 共解释了湿地土壤理化性质、微生物多样性与酶活性数据的 59.6% 总方差 (PC1: 33.9%, PC2: 25.7%)。样本点在 PCA 空间中的分布呈现显著分异。PC1 主成分主要聚集了高盐度、高植被盖度但低单位面积植被生物量的样本 (如 B 组), 表明盐渍化是驱动该方向植物特征的核心因素; 而 PC2 主成分以高土壤有机碳 (SOC > 30 g/kg)、与总磷和磷酸酶活性显著关联 (绝对值 > 0.4), 暗示磷富集区域的特殊代谢响应。

2.5 土壤环境因子、微生物多样性和酶活性的相关性分析

土壤特征变量信息间相关性如图 5 所示。



注: * $P < 0.05$ 。土壤全部特征变量的综合相关性分析用三角对称区不同颜色表示: 红色系为正相关, 颜色越深圆点越大表示正相关越强; 蓝色系为负相关, 颜色越深圆点越大表示负相关越强; 浅色系表示相关性较弱)

图 5 土壤特征变量信息间相关性

Fig. 5 Correlations among soil characteristic variables

皮尔逊 (Person) 分析研究显示, 活性有机碳 (LOC) 与土壤有机碳 (SOC) 呈负相关 ($r = -0.42$,

$P < 0.05$), 表明活性碳组分的快速分解可能抑制稳定态碳的积累。蔗糖酶活性与 SOC 显著正相关 ($r = 0.48$,

$P < 0.05$), 表明高碳环境通过提供底物促进碳水解过程。总氮、总磷与 SOC 呈显著正相关 ($r=0.58/0.61$, $P < 0.05$), 表明氮、磷可能是促进微生物合成土壤有机碳的优先条件之一。蔗糖酶活性与总氮呈显著正相关 ($r=0.70$, $P < 0.05$), 表明氮富集驱动蔗糖酶分泌以加速氮的循环。蔗糖酶活性与过氧化氢酶、磷酸酶、脲酶和脱氢酶均呈正相关性, 说明以上 5 种土壤常见与固碳相关的酶之间互相促进调控, 有利于湿地土壤碳的固定与储存。

盐度与脱氢酶和蔗糖酶活性呈显著负相关 ($r=-0.65/-0.48$, $P < 0.05$), 表明盐胁迫通过渗透失衡抑制微生物脱氢代谢和碳的分解, 盐渍化通过植被退化减少凋落物输入, 间接削弱碳水解功能^[18]。

微生物多样性的相关指标 Chao1 指数(物种丰富度)、Shannon 指数(多样性)和 Simpson 指数(优势度)均与土壤有机碳呈现显著正相关 ($P < 0.05$), 表明高多样性微生物群落可能通过功能冗余增强土壤有机碳的储存^[19], 多样性驱动的生态位分化可优化土壤有机碳代谢策略, 暗示其中优势群落能够促进碳循环的进行。其中, 变形菌门和子囊菌门作为具有丰度优势的微生物群落与碳氮磷等元素存在强正相关关系, 但同时与酶活性存在负相关关系, 可能是竞争抑制的结果, 也可能是低酶环境选择特定菌群的反应, 这些微生物功能冗余会导致菌群丰度与土壤酶解耦, 但又存在与碳氮磷等元素耦合的潜能^[20]。

3 讨论

3.1 关键理化因子与土壤酶活性间的相互作用

湿地土壤酶活性是环境胁迫与生态功能交互作用的敏感指标。盐度对脱氢酶和碳循环存在显著的抑制效应, 与脱氢酶活性呈显著负相关 ($r=-0.80$, $P < 0.05$), 盐分通过渗透胁迫破坏微生物细胞膜完整性, 直接抑制微生物活性, 抑制脱氢酶介导的有机质氧化过程^[21], 还间接降低凋落物输入^[22], 削弱碳库稳定性^[23]。高氮对脲酶具有刺激作用, Q3 点脲酶活性异常升高 (8.3 U/g) 与总氮 (2.4 g/kg) 富集相关, 可能由植物根系分泌物(如酚类化合物)刺激脲酶基因表达所致^[24]。如果进一步加入人为氮输入可能打破湿地氮循环平衡, 诱发富营养化风险, 因此湿地修复是新时代湿地的管理与保护的必修课^[25], 恢复和种植耐盐植物和高氮截留能力的植被(如碱蓬和芦苇)以利用根系分泌物调节根际微区盐度和建设湿地周边氮阈缓冲带, 更好地缓解盐渍化过程对湿地生态功能的抑制效应。

3.2 微生物对生态系统的驱动作用

微生物多样性对多种酶功能具有调控作用, Chao1 指数(物种丰富度)与脱氢酶 ($r=0.75$) 和蔗糖酶 ($r=0.59$) 活性呈正相关, 表明高多样性群落通过功能冗余增强有机质分解能力^[26]。Simpson 指数(优势度)与脲酶活性负相关 ($r=-0.53$), 提示单一优势菌群可能限制氮转化效率^[27]。高盐环境通过抑制脱氢酶活性和减少碳输入削弱碳汇功能, 而微生物的多样性能够通过功能冗余增强有机质的分解, 促进生态系统的元素循环。变形菌门作为土壤固碳的微生物核心功能载体, 驱动卡尔文循环固碳途径, 其丰度趋势与 TN、TP 趋同, 揭示碳同化过程对氮磷代谢的协同需求。其中, 拟杆菌属 (*Bacteroides*) 在中性-碱性环境中具有适应优势, 能够在高 pH 条件下降解复杂有机物(如纤维素和几丁质), 从而加速碳周转, pH 驱动的生态位偏好可能促进有机碳矿化, 加速有机碳分解^[28]。放线菌属 (*Actinobacteria*) 具有嗜酸适应性, 产生介导微生物间相互作用的代谢物(如土臭素等), 该类群在低 pH 系统中具有维持地下生物多样性及难降解碳转化的关键作用, 其生态系统功能产生特异性贡献^[29]。厚壁菌门的芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 与 TN、TP 呈正相关, 是因为它们在富含氮和磷的环境中能够快速繁殖, 能够增强固碳过程, 正向作用于该生态系统, 进一步加速元素的循环, 另外和放线菌属在分解有机物质和释放营养物质方面发挥重要作用^[30]。子囊菌门的丰度与稳定存在的 SOC 有着同步趋势, 曲霉属 (*Aspergillus*) 产生的酶能够帮助土壤有机复合体产生, 增强 SOC 稳定性, 抑制磷元素流失。多尺度分析发现, 天津滨海湿地碳氮磷元素的耦合循环本质上是功能微生物群落介导的级联代谢网络对氧化还原条件与资源能效的动态响应, 微生物群落的高多样性通过功能冗余机制提升生态系统稳定性。

3.3 交互作用下的建议

盐度与 SOC、脱氢酶活性的负相关关系也为盐渍化湿地修复提供了新思路, 需优先降低土壤盐分(如引淡水冲洗), 种植耐盐植物(如碱蓬), 增强凋落物输入和微生物活性^[31]。微生物多样性(Chao1 指数)与碳氮循环功能的正相关关系^[32], 强调了维持湿地生境异质性(如水位波动区)对生态服务功能的重要性^[33], 使微生物多样性保护的价值仍在提升, 可通过进一步研究水文规律, 以保留自然水文节律, 促进微生物群落稳定。

3.4 研究局限性及未来展望

尽管研究取得重要发现, 仍存在以下局限: (1) 时空尺度限制: 数据基于单次采样, 无法解析季节动

态(如雨季淹水对酶活性的短期激活效应)及长期气候变化的影响(如干旱和水文变化加剧盐渍化);(2)未涵盖关键环境因子:缺乏土壤氧化还原电位(Eh)、溶解氧及特定磷形态(如有机磷、铁铝结合态磷)数据,限制了对碳磷耦合机制的深入解析;(3)样本空间异质性:选取采样地点仍有不足,未覆盖湿地边缘-核心过渡带的梯度变化。

为进一步揭示湿地生态过程的驱动机制,建议未来结合多学科手段整合环境因子与生物过程进行研究,如通过结合高频传感器(如原位酶活性探头)与遥感技术,获取水文、盐度及植被动态的连续数据,解析干湿交替对酶活性的瞬时影响,以实现多时空多尺度监测;并且尝试进行多组学技术整合,通过宏基因组学与代谢组学,鉴定驱动土壤关键酶活性的功能基因(如 *phoD*、*ureC*)及关键微生物类群(如变形菌门),制定基于自然的湿地修复方案,实现碳封存、生物多样性保护与污染防控的多目标协同。

参考文献:

- [1] PÉTILLON J, MCKINLEY E, ALEXANDER M, et al. Top ten priorities for global saltmarsh restoration, conservation and ecosystem service research[J]. *The science of the total environment*, 2023, 898: 165544.
- [2] DAVIDSON N, FLUET-CHOUINARD E, FINLAYSON M. Global extent and distribution of wetlands: trends and issues [J]. *Marine and freshwater research*, 2018, 69: 620-627.
- [3] MUSTAFA G, HUSSAIN S, LIU Y, et al. Microbiology of wetlands and the carbon cycle in coastal wetland mediated by microorganisms[J]. *Science of the total environment*, 2024, 954: 175734.
- [4] LI J, CHEN Q, LI Q, et al. Influence of plants and environmental variables on the diversity of soil microbial communities in the Yellow River Delta Wetland, China[J]. *Chemosphere*, 2021, 274: 129967.
- [5] ZHU J J, YAN B. Blue carbon sink function and carbon neutrality potential of mangroves[J]. *Science of the total environment*, 2022, 822: 153438.
- [6] ARNAUD M, KRAUSE S, NORBY R J, et al. Global mangrove root production, its controls and roles in the blue carbon budget of mangroves[J]. *Global change biology*, 2023, 29(12): 3256-3270.
- [7] PERERA N, LOKUPITIYA E, HALWATURA D, et al. Quantification of blue carbon in tropical salt marshes and their role in climate change mitigation[J]. *The science of the total environment*, 2022, 820: 153313.
- [8] ZHANG Z, FURMAN A. Soil redox dynamics under dynamic hydrologic regimes: a review[J]. *Science of the total environment*, 2021, 763: 143026.
- [9] DAMASHEK J, FRANCIS C A. Microbial nitrogen cycling in estuaries: from genes to ecosystem processes [J]. *Estuaries and coasts*, 2018, 41(3): 626-660.
- [10] CAI S, LIU W, TONG Z, et al. Salinity threshold for phosphorus limitation in an estuary-coast continuum[J]. *Frontiers in marine science*, 2024, 11: 1437405.
- [11] ZHAI Z, LUO M, YANG Y, et al. Trade-off between microbial carbon use efficiency and microbial phosphorus limitation under salinization in a tidal wetland[J]. *Catena*, 2022, 209: 105809.
- [12] WANG F, SUN J, HAN L, et al. Microplastics regulate soil microbial activities: Evidence from catalase, dehydrogenase, and fluorescein diacetate hydrolase[J]. *Environmental research*, 2024, 263(1): 120064.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.
- [14] 刘吉平, 张劲松. 湿地土壤活性有机碳研究进展[J]. 环境影响评价, 2023, 45(1): 88-94.
- [15] LI X, LI G, WANG J, et al. Elucidating polyethylene microplastic degradation mechanisms and metabolic pathways via iron-enhanced microbiota dynamics in marine sediments[J]. *Journal of hazardous materials*, 2024, 466: 133655.
- [16] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1986.
- [17] GAO Y, ZHANG G, JIANG S, et al. Wekemo Bioincloud: a user-friendly platform for meta-omics data analyses[J]. *iMeta: a journal on the intersection of data science and technology for metaverse*, 2024, 3(1): e175.
- [18] 周德平, 吴淑杭, 褚长彬, 等. 盐胁迫对蔬菜地土壤微生物及土壤酶活的毒害效应[J]. *农业环境科学学报*, 2011, 30(8): 1602-1607.
- [19] BASTIDA F, ELDRIDGE D J, GARCÍA C, et al. Soil microbial diversity-biomass relationships are driven by soil carbon content across global biomes [J]. *The ISME journal*, 2021, 15(7): 2081-2091.
- [20] 刘昊, 麻仲花, 刘威帆, 等. 不同耕作方式配施有机肥对盐碱地玉米根际土壤微生物群落的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2025, 33(1): 25-39.
- [21] CHENG Q, CHANG H, YANG X, et al. Salinity and nutrient modulate soil bacterial communities in the coastal wetland of the Yellow River Delta, China[J]. *Environmental science and pollution research*, 2021, 28(12): 14621-14631.

- [22] YANG C, LÜ D, JIANG S, et al. Soil salinity regulation of soil microbial carbon metabolic function in the Yellow River Delta, China[J]. *Science of the total environment*, 2021, 790: 148258.
- [23] LUO S, YUAN J, SONG Y, et al. Elevated salinity decreases microbial communities complexity and carbon, nitrogen and phosphorus metabolism in the Songnen Plain wetlands of China[J]. *Water research*, 2025, 276: 123285.
- [24] SIGUA G C, NOVAK J M, WATTS D W, et al. Urease activity and nitrogen dynamics in highly weathered soils with designer biochars under corn cultivation[J]. *Biochar*, 2020, 2(3): 343-356.
- [25] WANG X, XIAO X, XU X, et al. Rebound in China's coastal wetlands following conservation and restoration[J]. *Nature sustainability*, 2021, 4(12): 1076-1083.
- [26] DELGADO-BAQUERIZO M, MAESTRE F T, REICH P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. *Nature communications*, 2016, 7(1): 10541.
- [27] PUENTE-SÁNCHEZ F, PASCUAL-GARCÍA A, BASTOLLA U, et al. Cross-biome microbial networks reveal functional redundancy and suggest genome reduction through functional complementarity[J]. *Communications biology*, 2024, 7(1): 1-11.
- [28] 马香菊, 徐慧韬, 王丽平. 天津临港滨海湿地公园水体细菌种群特征[J]. *环境工程技术学报*, 2021, 11(3): 437-446.
- [29] POOMTHONGDEE N, DUANGMAL K, PATHOM-AREE W. Acidophilic actinomycetes from rhizosphere soil: diversity and properties beneficial to plants[J]. *The Journal of antibiotics*, 2015, 68(2): 106-114.
- [30] 孙建平, 刘雅辉, 左永梅, 等. 盐地碱蓬根际土壤细菌群落结构及其功能[J]. *中国生态农业学报*, 2020, 28(10): 1618-1629.
- [31] LI C Y, HE R, TIAN C Y, et al. Utilization of halophytes in saline agriculture and restoration of contaminated salinized soils from genes to ecosystem: *suaeda salsa* as an example[J]. *Marine pollution bulletin*, 2023, 197: 115728.
- [32] WILLIAMS G, MILLER R, DENG S. Dynamic relationships between microbial community, enzyme activity, and soil properties across global ecosystems[J]. *Applied soil ecology*, 2025, 206: 105843.
- [33] ZHANG Y, ZHANG X, FANG W, et al. Carbon sequestration potential of wetlands and regulating strategies response to climate change[J]. *Environmental research*, 2025, 269: 120890.