

https://doi.org/10.3799/dqkx.2019.289



神农架大九湖泥炭湿地甲烷通量特征及其与土壤微生物群落组成的关系

谌佳伟^{1,2,3}, 葛继稳^{1,2,3*}, 冯亮^{2,3}, 周颖⁴, 甘娟⁵, 李永福⁶, 张志麒⁷

1. 中国地质大学盆地水文过程与湿地生态恢复学术创新基地, 湖北武汉 430074
2. 中国地质大学湿地演化与生态恢复湖北省重点实验室, 湖北武汉 430074
3. 中国地质大学生态环境研究所, 湖北武汉 430074
4. 武汉六中上智中学, 湖北武汉 430014
5. 武汉伟特伦生态环境研究所, 湖北武汉 430074
6. 新疆农业科学院, 新疆乌鲁木齐 830091
7. 神农架国家公园管理局, 湖北神农架林区 442417

摘要: 虽然神农架大九湖泥炭湿地的甲烷排放特征、土壤微生物群落组成已有一些研究, 但是关于微生物群落与甲烷排放量的关系及影响的研究不多. 采用涡度相关法和高通量测序技术, 探讨 2016 年 3 月~2017 年 2 月微生物对大九湖泥炭湿地 CH₄ 通量排放的影响. 结果表明, 大九湖泥炭湿地研究期间表现为 CH₄ 的源, 年总排放量 5 566.27 mg·m⁻², 日平均排放速率 10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹; 春、夏、秋、冬四季的平均通量分别为 12.06、22.47、3.02、2.92 nmol·m⁻²·s⁻¹; 研究区优势菌为泉古菌 (54.6%)、广古菌 (18.9%)、酸杆菌 (12.6%) 等. 对不同季节样品 Shannon 指数进行单因素分析, *p* 值为 0.000 127, 分析结果表明: CH₄ 月通量变化均呈明显的倒“U”型; 夏季 CH₄ 通量最高, 冬季最低; 不同季节的微生物群落物种多样性存在显著差异; 夏季、冬季微生物群落组成与 CH₄ 通量分别呈显著正相关、显著负相关; 未鉴别出的菌群和俭菌总门与 CH₄ 通量呈极显著正相关关系, 泉古菌门与 CH₄ 通量呈极显著负相关关系.

关键词: 泥炭湿地; 涡度相关; 甲烷通量; 微生物群落组成; 大九湖; 生态学.

中图分类号: S154

文章编号: 1000-2383(2020)03-1082-11

收稿日期: 2019-08-24

Methane Flux Characteristics and Its Relationship with Soil Microbial Community Composition of Dajiuhu Peatland in Shennongjia

Chen Jiawei^{1,2,3}, Ge Jiwen^{1,2,3*}, Feng Liang^{2,3}, Zhou Ying⁴, Gan Juan⁵, Li Yongfu⁶, Zhang Zhiqi⁷

1. Laboratory of Basin Hydrological and Wetland Eco-Restoration, China University of Geosciences, Wuhan 430074, China
2. Hubei Key Laboratory of Wetland Evolution and Ecological Restoration, China University of Geosciences, Wuhan 430074, China
3. Institute of Ecology and Environmental Sciences, China University of Geosciences, Wuhan 430074, China
4. Wuhan No.6 Shangzhi Middle School, Wuhan 430014, China
5. Wuhan Wetland Institute of Ecology and Environmental Sciences, Wuhan 430074, China
6. Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, China
7. Shennongjia National Park Administration Bureau, Shennongjia Forestry District 442417, China

基金项目: 国家自然科学基金项目 (No. 31971490).

作者简介: 谌佳伟 (1993-), 男, 硕士研究生, 从事湿地生态学研究. ORCID: 0000-0002-8968-049X. E-mail: 308151342@qq.com

***通讯作者:** 葛继稳, ORCID: 0000-0003-0594-4417. E-mail: gejiwen2002@aliyun.com

引用格式: 谌佳伟, 葛继稳, 冯亮, 等, 2020. 神农架大九湖泥炭湿地甲烷通量特征及其与土壤微生物群落组成的关系. 地球科学, 45(3): 1082-1092.

Abstract: Although the methane flux characteristics and the composition of soil microbial community in the Dajiuhe peatland in Shennongjia have been studied to some extent, there are few studies on the relationship and impact of microbial community and methane flux. Using eddy covariance method and high throughput sequencing technology, methane flux and structure of microorganism were investigated at the Dajiuhe peatland from March 2016 to February 2017. The results show that the Dajiuhe peatland was the source of CH₄ during the study period, with an annual total discharge of 5 566.27 mg·m⁻² and a daily average emission rate of 10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹. The average fluxes of the four seasons were 12.06, 22.47, 3.02, 2.92 nmol·m⁻²·s⁻¹, respectively. The dominant bacterium in the study area were Crenarchaeota (54.6%), Euryarchaeota (18.9%), and Acidobacteria (12.6%). Univariate analysis was performed on the Shannon index for different season samples with a *p* value of 0.000 127. The results showed that the change of the monthly methane emission flux during this year had clearly inverted "U" type curve, and CH₄ emission rate in summer was the highest which was the lowest in winter. There were significant differences in soil microbial composition between different seasons. There was a strong positive correlation between the microbial community composition and the methane emission flux during summer and a strong negative correlation during winter. Abundance of Parcubacteria showed a significant positive correlation with CH₄ flux, while abundance of Crenarchaeota showed a significant negative correlation with CH₄ flux.

Key words: peatland; eddy covariance; methane flux; microbial community composition; Dajiuhe; ecology.

0 引言

CH₄是重要的温室气体之一,大气中温室气体浓度急剧升高所导致的全球气候变暖会带来一系列的反应,包括极端气候频发、全球降水格局变化等(Lysák and Bugge-Henriksen, 2016).目前,大气中CO₂、CH₄及N₂O等温室气体的浓度已上升到过去80万年来最高水平(Chavaillaz *et al.*, 2016).CH₄在大气中的浓度虽远低于CO₂,但由于CH₄红外吸收能力超强,百年尺度上其单分子增温趋势是CO₂的25倍,空气中CH₄浓度的细小变化便能对气候产生影响.大气中CH₄的排放源主要分为人为源和自然源.其中,湿地是CH₄最大的自然排放源,约占全球CH₄年排放总量的25%(Bridgman *et al.*, 2006).

湿地是地球上能量流动和物质循环的重要场所,湿地面积虽仅占陆地表面积的2%~6%(McKnight *et al.*, 2001),但由于其常年处于湿润甚至水淹状态,使得土壤温度偏低、通气性差,微生物活动相对较弱,对有机质的分解速率相对其他生态系统缓慢(Tian *et al.*, 2019),长此以往湿地土壤便蕴含丰富的有机质(秦养民等, 2018).正是湿地的高储量有机物使得湿地成为大气CH₄的主要自然来源(Valenzuela *et al.*, 2017).因此,湿地生态系统碳循环一直受到广泛关注,CH₄排放通量成为研究热点之一.

湿地生态系统中的微生物在保持土壤肥力、植被生产力、生物圈的物质循环和转化中起着巨大作用,是维持整个生态平衡不可缺少的部分,土壤中

某些微生物群落构成了整个湿地生态系统的“基石”(Xiang *et al.*, 2017).微生物群落多样性不仅反映了该区域土壤理化特征,而且深刻影响着局部地区生态系统的组成和平衡(裴希超等, 2009).由于湿地土壤中的微生物对生态环境的变化较为敏感,常将其组成作为重要的湿地环境变化指标.

虽然神农架大九湖泥炭地的CH₄排放特征、土壤微生物群落组成已有一些研究(Ortiz-Llorente and Alvarez-Cobelas, 2012; 向兴等, 2014; Podgrajsek *et al.*, 2016; Tian *et al.*, 2019),但是关于微生物群落与CH₄排放量的关系及影响的研究不多(Li *et al.*, 2013).因此,本文结合土壤微生物群落、通过涡度相关法(Eddy Covariance Method)对泥炭湿地CH₄排放规律进行研究,进一步阐明大气CH₄的“源”、“汇”功能以及微生物对CH₄通量排放的影响,为今后控制大九湖湿地CH₄的排放、预测未来大气CH₄浓度的变化以及正确评价我国湿地生态系统在全球气候变化中的贡献提供相关的科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

大九湖泥炭地位于湖北省神农架林区西北部,处于中纬度北亚热带季风气候区,面积13.846 km²,平均海拔1 700 m,是以泥炭藓为主的贫营养泥炭地,属典型的亚高山泥炭地.大九湖属亚高山寒温带潮湿气候,日照时间短,气候温凉,年平均气温7.4℃,年降水量1 528.3 mm,降水丰富且分布均匀,

云雾天气较多,相对湿度 $>80\%$,全年日照 1 000 h 左右,平均每天日照 2.7 h(杜耘等,2008). 研究区成土母质主要为冲积物和湖积物,土壤类型以沼泽土、草甸沼泽土和草甸土为主. 大九湖亚高山泥炭湿地现存面积虽然不大,但植物种类较为丰富,群落类型多样. 主要高等植物优势科为莎草科(*Cyperaceae*)、禾本科(*Gramineae*)、蓼科(*Polygonaceae*)、灯心草科(*Juncaceae*)、蔷薇科(*Rosaceae*)等. 苔藓植物以泥炭藓(*Sphagnum palustre*)为优势种,大金发藓(*Polytrichum commune*)、沼泽皱缩藓(*Aulacomnium palustre*)为伴生种.

1.2 研究方法

1.2.1 甲烷通量

大九湖湿地生态系统开路式涡度相关观测系统的探头安装高度为 3 m,主要由 GILL - WMP 三维超声风速仪(Gill, USA)、LI - 7500A $\text{CO}_2/\text{H}_2\text{O}$ 和 LI - 7700 CH_4 分析仪(LI-COR, USA)以及 Biomet-103 生物气象系统(气象站)(LI-COR, USA)组成. 该系统使用 9210 数据采集器(Sutron, USA),可采集泥炭湿地生态与大气之间的 CO_2 、 CH_4 、 H_2O 等通量的长期连续观测数据和常规生物气象数据(包括大气温湿度,降雨,地面以下 10 cm、20 cm、30 cm 处土壤温度及土壤含水量等),每 30 min 自动记录各数据. 系统工作时由涡度相关原理计算在线通量,同时对在线通量自动进行虚温订正与空气密度变化订正. 全部观测数据保存到数据采集器的大容量存储器上,同时配置无线传输模块,数据可以实时传输. 选取 2016 年 3 月~2017 年 2 月通量数据进行研究.

(1) 数据质量控制及插补. 在实际观测中由于受到大气稳定度、气象灾害等影响,需要对获得的 CH_4 通量观测数据进行剔除处理. 主要剔除降水时期、低于摩擦风速(u^*)临界值的数据以及异常值. 本研究摩擦风速临界值取 0.15 m/s,剔除 $u^* < 0.15$ m/s 时期数据及异常通量值,再进行方差检验,剔除超过 4 倍标准差的数据. 此外,对于剔除及缺失时期数据进行插补.

(2) 数据处理. 本文采取平均日变化法(Mean Diurnal Variations)和滑动窗平均日变化法(Gliding-Window Method)对缺失数据进行插补. 数据处理和统计分析用软件 Origin 8.5 和 Excel 2010 完成.

1.2.2 土壤微生物群落组成

在大九湖通量观测仪器东、南、西、北 4 个方向,涡度相关监测系统主要贡献区 50 m 范围内设置 4 个土壤样品点位,于 2016

年 4 月 23 日、2016 年 7 月 1 日、2016 年 11 月 5 日、2017 年 1 月 5 日前往采样. 每次使用 50 mL 离心管取土壤 10 cm 处土样,每个点位取 2 管,除去根系、石块等杂物. 共取得 16 份土壤样品,编号分别为 DJH.E、DJH.S、DJH.W、DJH.N(2016 年 4 月),DJH.E2、DJH.S2、DJH.W2、DJH.N2(2016 年 7 月),DJH.E3、DJH.S3、DJH.W3、DJH.N3(2016 年 11 月),DJH.E4、DJH.S4、DJH.W4、DJH.N4(2017 年 1 月);其中 DJH 为大九湖拼音首字母缩写,E、S、W、N 分别表示东、南、西、北. 采样所用器具均经高压灭菌,采样时配戴一次性手套,样品用 50 mL 无菌离心管保存. 将采集的样品迅速放入 4 °C 移动冰箱保存带回实验室,然后放至 -80 °C 冰箱保存,待后续利用 Illumina MiSeq 测序平台进行微生物组成测定.

土壤微生物测定步骤主要有:提取微生物组总 DNA、目标片段 PCR 扩增、扩增产物回收纯化、扩增产物荧光定量、测序文库制备、上机进行高通量测序. 其中 DNA 提取利用 OMEGA Soil DNA Kit 试剂盒,提取完成后通过 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量,同时采用紫外分光光度计对 DNA 进行定量测定. PCR 扩增采用 NEB 公司的 Q5 高保真 DNA 聚合酶,以微生物核糖体 RNA 等能够反映菌群组成和多样性的目标序列为靶点,根据序列中的保守区域设计相应引物,并添加样本特异性 Barcode 序列,进而对 rRNA 基因可变区(单个或连续的多个)或特定基因片段进行 PCR 扩增. PCR 扩增产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,并对目标片段进行切胶回收,回收采用 Axygen 公司的凝胶回收试剂盒;采用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 制备测序文库.

利用 FLASH 软件(v1.2.7; <http://ccb.jhu.edu/software/FLASH/>)对通过质量初筛的双端序列根据重叠碱基进行配对连接;然后按照引物和 Barcode 信息,将连接后的序列识别分配入对应样本,并运用 QIIME 软件(v1.8.0; <http://qiime.org/>)识别疑问序列,检查并剔除嵌合体序列,对获得的有效序列进行质量控制:按 97% 的序列相似度进行归并和 OTU 划分,同一 OTU 的看作同一个分类单元序列;再通过比对 OTU 代表序列与对应数据库的模板序列,获取每个 OTU 对应的分类学信息. 将丰度低于全体样本测序总量 0.001% 的 OTU 去除,并将去除了稀有 OTU 的此丰度矩阵用于后续多样性等分析.

1.2.3 土壤微生物群落组成与甲烷通量的关系

为了探究微生物群落组成与甲烷通量之间的关系,使用Excel将平均丰度前10的微生物群落、与采样日期对应的甲烷日平均通量筛选出来,使用Canoco 5.0软件对微生物群落门水平丰度前10的群落与CH₄通量的相关性进行分析。

2 结果与分析

2.1 甲烷通量变化规律

2.1.1 甲烷日平均通量变化 将2016年3月~2017年2月每天48个时间段内CH₄通量进行平均,得到CH₄日平均通量变化特征曲线(图1)。2016年3月~2017年2月CH₄日平均通量均值为11.81 nmol·m⁻²·s⁻¹,最大排放量出现在2016年5月29日,为31.02 nmol·m⁻²·s⁻¹;最大吸收量出现在2016年11月15日,为7.81 nmol·m⁻²·s⁻¹。CH₄总体以排放为主,出现CH₄吸收现象仅14 d,出现在2016年3月、4月、11月、12月,其他351 d均表现为CH₄排放。2016年3月~2017年2月CH₄日平均通量表现出较明显的日际变化规律:2016年3月逐渐增加,8月开始下降。

2.1.2 甲烷月平均通量变化 将研究区2016年3月~2017年2月每月所有时间段的CH₄通量进行平均,得到CH₄通量月平均排放速率变化(图2)。从图2可以看出,CH₄通量月排放速率表现出月际变化特征:通量随时间推移先逐渐增加再依次减小,6月份升至最高为29.50 nmol·m⁻²·s⁻¹,11月降至最低为-8.00 nmol·m⁻²·s⁻¹,除11月外每月均表现为CH₄的排放。

2.1.3 甲烷通量季度平均排放速率变化 将每季

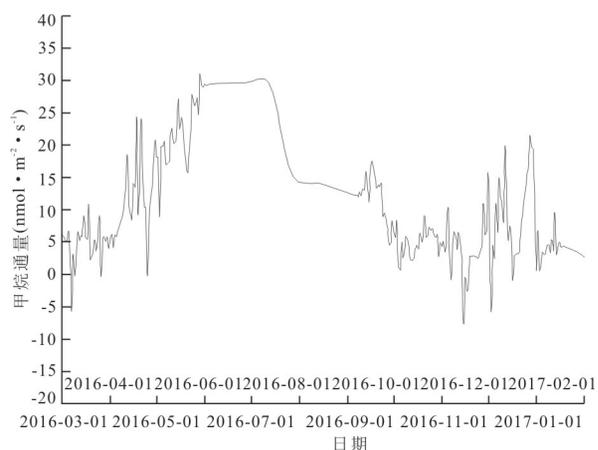


图1 大九湖泥炭湿地CH₄通量日平均变化

Fig.1 Daily mean variation of CH₄ flux of Dajiuhu petland

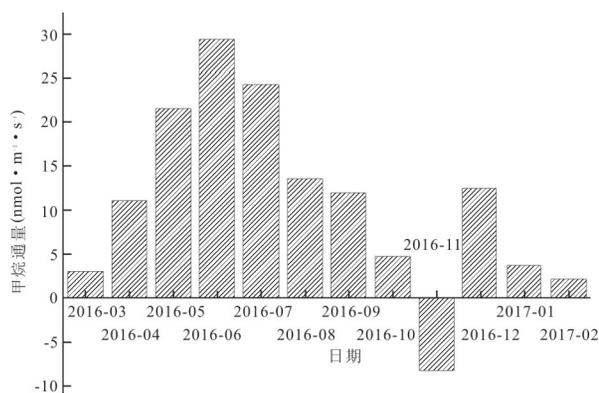


图2 大九湖泥炭湿地CH₄通量月平均变化

Fig.2 Monthly mean variation of CH₄ flux of Dajiuhu petland

度的CH₄通量排放速率进行平均,得到CH₄季度平均排放速率变化规律:2016年春季、夏季、秋季、冬季的平均通量分别为12.06、22.47、3.02、2.92 nmol·m⁻²·s⁻¹,均表现为CH₄排放;夏季排放速率最大,其次是春季和秋季,冬季排放速率最低。

2.1.4 甲烷年排放动态变化 研究区CH₄年排放动态变化统计结果见表1。2016年累计CH₄排放量为5 566.27 mg·m⁻², CH₄日平均排放量为15.25 mg·m⁻², CH₄日平均排放速率为10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹,年平均排放通量为6 645 mg·m⁻²。全年总体表现为CH₄排放“源”,仅2016年11月表现出CH₄吸收现象。

2.2 土壤微生物群落组成

2.2.1 土壤微生物群落中的优势菌群 在门水平上,样品中的主要微生物类群为泉古菌(Crenarchaeota)、广古菌(Euryarchaeota)、酸杆菌(Acidobacteria)、俭菌总门(Parcubacteria)、放线菌(Actinobacteria)、厚壁菌(Firmicutes)、迷踪菌(Elusimicrobia)、BRC1、绿弯菌(Chloroflexi)、NC10等。相对丰度大于1%的为泉古菌(54.6%)、广古菌(18.9%)、酸杆菌(12.6%)以及俭菌总门(1.3%),泉古菌、广古菌及酸杆菌为优势菌群。

不同季节所采土样微生物在门组成上存在差异(图3)。除2016年7月1日所采样品DJH.E2、DJH.S2、DJH.W2外,其他样品中泉古菌相对丰度达到44.6%~96.7%;而样品DJH.E2、DJH.S2、DJH.W2中,泉古菌仅占11.4%~36.1%,未鉴定出的某菌种相对丰度高达55.1%~62.4%,但DJH.N2中该未知菌种的丰度仅1.0%。

表 1 大九湖泥炭湿地 2016 年全年不同时间尺度 CH₄ 排放量动态变化
Table 1 CH₄ emission in different time scales during 2016 of Dajihu petland

| 季节 | 日期 | 日平均排放速率 (nmol·m ⁻² ·s ⁻¹) | | 累计排放量 (mg·m ⁻²) | | 占全年排放总量比例 (%) | |
|----|---------|---|-------|--------------------------------|----------|------------------|-------|
| | | 月 | 季节 | 月 | 季节 | 月 | 季节 |
| 春 | 2016-03 | 3.18 | | 136.46 | | 2.45 | |
| | 2016-04 | 11.24 | 12.06 | 466.06 | 1 533.34 | 8.37 | 27.55 |
| | 2016-05 | 21.72 | | 930.82 | | 16.72 | |
| 夏 | 2016-06 | 29.50 | | 1 223.49 | | 21.98 | |
| | 2016-07 | 24.43 | 22.47 | 1047.15 | 2 858.98 | 18.81 | 51.36 |
| | 2016-08 | 13.73 | | 588.34 | | 10.57 | |
| 秋 | 2016-09 | 12.10 | | 501.91 | | 9.02 | |
| | 2016-10 | 4.90 | 3.02 | 210.10 | 380.21 | 3.77 | 6.83 |
| | 2016-11 | -8.00 | | -331.81 | | -5.96 | |
| 冬 | 2016-12 | 12.60 | | 539.88 | | 9.70 | |
| | 2017-01 | 3.82 | 2.92 | 163.66 | 793.73 | 2.94 | 14.26 |
| | 2017-02 | 2.33 | | 90.19 | | 1.62 | |
| 均值 | | 10.96 | 10.96 | 463.96 | 1 391.57 | - | - |
| 合计 | | | | 5 566.27 | 5 566.27 | 100 | 100 |

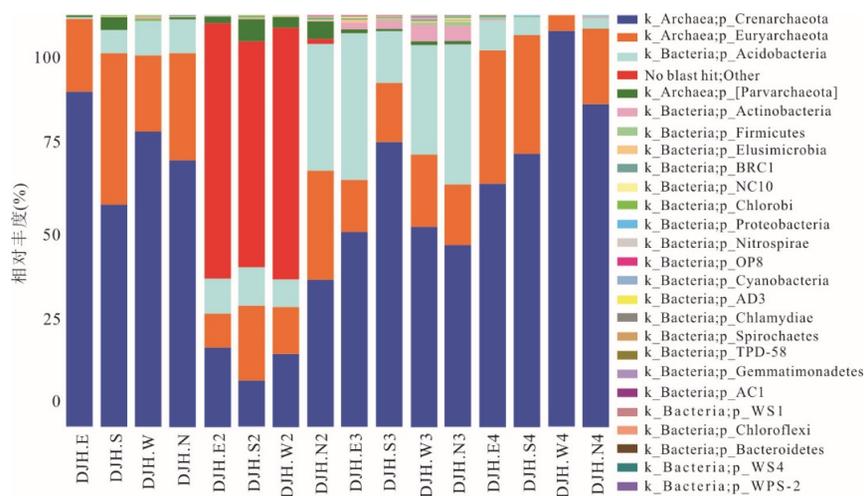


图 3 门水平上土壤微生物群落组成及丰度

Fig.3 Community composition and relative abundance of microbial on phylum level

2.2.2 不同季节土壤微生物群落多样性及差异
对大九湖泥炭湿地 2016 年 3 月~2017 年 2 月间 4 个季度的 16 个土壤样品 OTU 代表序列进行分类学分析, 计算样品微生物物种多样性指数 (Simpson 和 Shannon) 和丰富度指数 (Chao1 和 ACE) (表 2)。

由表 2 可知, 2016 年 7 月的 4 个样品, 微生物群落物种的丰富度均较高, 多样性明显高于其他样品; DJH.E2、DJH.S2 和 DJH.W2 三个样品的 OUT 数、丰富度和多样性明显高于 DJH.N2。

运用 R 软件对 4 组样品的 Shannon 指数进行单因素分析, p 值为 0.000 127, 为极显著, 说明不同季节的微生物群落物种多样性存在显著差异。

2.3 土壤微生物群落组成与甲烷通量的关系

对大九湖泥炭地各个土样微生物群落门水平丰度排名前 10 的群落与采样当天 CH₄ 日平均排放通量进行相关性分析, 结果见图 4 及表 3。图 4 显示第一主坐标轴解释了 44.65%, 第二主坐标轴解释了 39.39%, 表明门水平丰度前 10 的微生物能很好地

表 2 各土壤样品微生物群落多样性指数

Table 2 Microbial community diversity index of soil samples

| 样品编号 | 多样性指数 | | 丰富度指数 | |
|--------|---------|---------|----------|----------|
| | Simpson | Shannon | chao1 | ACE |
| DJH.E | 0.86 | 4.42 | 334 | 419.71 |
| DJH.S | 0.89 | 4.38 | 323 | 404.19 |
| DJH.W | 0.91 | 4.64 | 347 | 488.85 |
| DJH.N | 0.93 | 4.72 | 335 | 449.88 |
| DJH.E2 | 0.99 | 8.38 | 1 703 | 2 225.46 |
| DJH.S2 | 0.99 | 8.55 | 1 985.33 | 2 996.64 |
| DJH.W2 | 0.99 | 8.80 | 2 141.50 | 3 224.72 |
| DJH.N2 | 0.94 | 5.55 | 518 | 725.58 |
| DJH.E3 | 0.93 | 5.11 | 341 | 417.31 |
| DJH.S3 | 0.93 | 5.09 | 429 | 542.13 |
| DJH.W3 | 0.94 | 5.17 | 320 | 365.04 |
| DJH.N3 | 0.93 | 5.02 | 348 | 437.06 |
| DJH.E4 | 0.93 | 4.82 | 329 | 441.74 |
| DJH.S4 | 0.87 | 4.13 | 236 | 282.35 |
| DJH.W4 | 0.87 | 3.87 | 209 | 255.15 |
| DJH.N4 | 0.79 | 3.63 | 239 | 318.59 |

表 3 门水平丰度前 10 的微生物群落与 CH₄ 通量的相关性

Table 3 Correlation between top 10 microbial Phyla and CH₄ flux

| 微生物菌群(门) | p 值 | Pearson 相关系数 |
|--------------|--------------|----------------|
| 泉古菌 | 0.000 024*** | -0.855 832 2 |
| 广古菌 | 0.465 400 | -0.196 657 4 |
| 酸杆菌 | 0.491 600 | 0.185 482 2 |
| No blast hit | 0.000 185*** | 0.802 241 6 |
| 俭菌总门 | 0.000 397*** | 0.777 119 3 |
| 放线菌 | 0.490 300 | -0.186 032 4 |
| 厚壁菌 | 0.384 700 | -0.233 210 1 |
| 迷踪菌 | 0.973 700 | -0.008 965 835 |
| BRC1 | 0.765 300 | 0.081 082 91 |
| NC10 | 0.438 600 | -0.208 387 6 |

注:***表示 $p < 0.001$, 为极显著.

反映 CH₄ 通量的变化. 酸杆菌门、BRC1、迷踪菌门三者丰度之间存在明显正相关关系, 厚壁菌门、NC10、广古菌门、放线菌门四者丰度之间存在正相关关系. 泉古菌门对 2016 年 4 月、2017 年 1 月的土壤样品与其他组之间的微生物结构组成差异起贡献作用, 未识别出的微生物菌群对 2016 年 7 月的土壤样品与其他组之间的微生物群落组成差异起主要贡献作用, 放线菌门、NC10、厚壁菌门对 2016 年 11 月的土壤样品与其他组之间的微生物群落组成差异起主要贡献作用. 夏季微生物群落组成

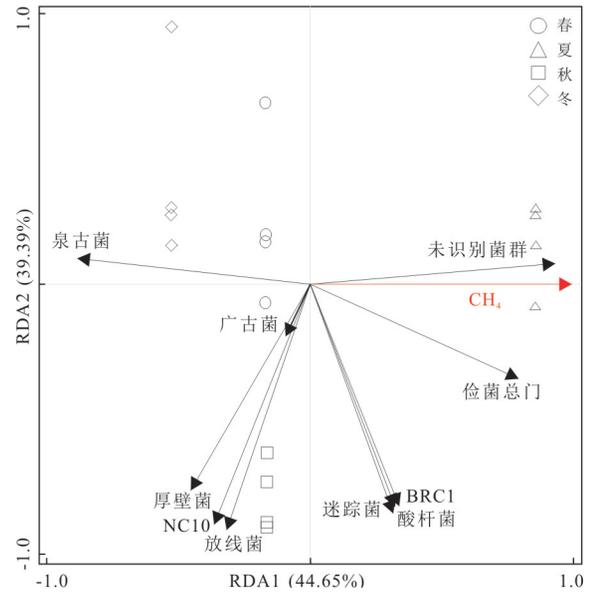


图 4 土壤微生物群落与 CH₄ 通量的冗余分析

Fig.4 Redundancy analysis based on soil microbial community and CH₄ flux

与 CH₄ 排放通量呈显著正相关关系, 冬季微生物组成与 CH₄ 排放通量呈显著负相关. 由表 3 可知, 门水平丰度前 10 的微生物中, 未鉴别出的菌群、俭菌总门与 CH₄ 通量呈极显著正相关关系, 泉古菌门与 CH₄ 通量呈极显著负相关关系.

3 讨论

3.1 甲烷通量特征

3.1.1 甲烷“源”“汇”功能 研究表明, 湿地生态系统表现为 CH₄ 的排放“源”(Podgrajsek *et al.*, 2016; 李艳元等, 2017). 本次对神农架大九湖亚高山泥炭地的 CH₄ 通量研究表明, 2016 年 CH₄ 日平均排放速率为 10.96 nmol·m⁻² s⁻¹, 总排放量 5 566.27 mg·m⁻², 表现为 CH₄ 的排放“源”, 与前人研究结果一致. 但在研究期间, 日平均尺度上也间歇出现 CH₄ 吸收的现象, 仅 14 d, 其他 351 d 均表现为 CH₄ 排放; 月平均尺度上仅 2016 年 11 月出现了 CH₄ 吸收现象, 其他月份均表现为 CH₄ 排放现象. Kutzbach *et al.* (2004) 和李艳元等 (2017) 研究发现土壤含水量与 CH₄ 排放通量呈正相关关系, 由此推测研究区出现这种现象可能是之前长时间持续干旱的结果. Zhao *et al.* (2018) 对大九湖泥炭地水位的长期监测数据表明, 2016 年 7 月至 9 月底持续干旱导致期间研究区沼泽水位偏低, 验证了上述推测.

研究区 CH₄ 日平均排放量在国内外多种类型湿

表 4 大九湖泥炭湿地 CH₄排放强度与其他湿地的比较Table 4 Comparison of CH₄ emission intensity between Dajiuhu peatland and other wetlands

| 研究区域 | 湿地类型 | CH ₄ 平均排放速率 (nmol·m ⁻² ·s ⁻¹) | 参考文献 |
|---------|-----------|--|---------------------------------|
| 瑞典北部 | 湖泊 | 20.01 | Podgrajsek <i>et al.</i> , 2016 |
| 辽河口 | 蓬碱湿地 | 0.48 | 王慧等, 2012 |
| 鄱阳湖 | 湖泊 | 4.34 | 王佳佳等, 2015 |
| 扎龙湖 | 芦苇湿地 | 133.20 | 黄璞祎, 2010 |
| 胶州湾大沽河口 | 芦苇-盐地蓬碱盐沼 | 142.36 | 杜慧娜等, 2016 |
| | 芦苇盐沼 | 449.83 | |
| 闽江河口 | 芦苇湿地 | 43.41(2008年) | 廖稷, 2010 |
| | | 40.76(2009年) | |
| 若尔盖高原 | 泥炭湿地洼地 | 41.32 | 周文昌等, 2016 |
| 三江平原 | 毛果苔草沼泽 | 300.17 | 王德宣等, 2002 |
| 神农架大九湖 | 泥炭沼泽 | 10.96 | 本文 |

地中处于中间水平,表明不同类型湿地的CH₄排放通量不同(表4)。因为CH₄排放受多种因素共同影响,如地理位置、气候条件、土壤理化性质(包括土壤含水量、水位、土壤温度、pH值、土壤类型等等)。Ortiz-Llorente *et al.*(2012)对欧洲河口、湖泊、海洋、湿地、溪流等生态系统CH₄通量排放进行了研究,发现CH₄年平均排放通量在64 296~539 327 mg·m⁻²之间,湖泊的CH₄年排放量最低,河口最高。研究区CH₄年平均排放通量(6 645 mg·m⁻²)远远低于其最低值,表明研究区泥炭湿地CH₄年平均排放量较欧洲其他类型湿地偏低。在国内的研究中,辽河口蓬碱湿地、扎龙芦苇湿地日平均CH₄排放速率分别为0.48 nmol·m⁻²·s⁻¹(王慧等, 2012)、133.20 nmol·m⁻²·s⁻¹(黄璞祎, 2010),研究区CH₄通量排放强度为10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹;胶州湾大沽河口芦苇盐沼、芦苇-盐地蓬碱盐沼两种湿地的CH₄平均日通量排放速率分别为449.83 nmol·m⁻²·s⁻¹、142.36 nmol·m⁻²·s⁻¹(杜慧娜等, 2016),为研究区CH₄排放通量的26~40倍;表明即使湿地类型都为沼泽湿地,其排放CH₄的能力也存在差异。若尔盖高原泥炭沼泽湿地、三江平原毛果苔草沼泽湿地的CH₄日平均排放通量分别为41.32 nmol·m⁻²·s⁻¹(周文昌等, 2016)、300.17 nmol·m⁻²·s⁻¹(王德宣等, 2002),均大于研究区(10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹)。Chanton *et al.*(1992)研究发现,湿地中CH₄可通过维管植物和水体两种方式排放,在维管植物中通过通气组织排放,在水体中主要通过扩散作用或气泡排放,前者排放速率是后者的10 000倍。由于泥炭藓缺乏通气组织,因此CH₄不能通过泥炭藓排放、只能通过水体

或极少量的苔草等维管植物扩散;研究区植被泥炭藓覆盖度达到95%以上,通过维管植物排放的CH₄通量可能相对较少,植物种类较为单一可能是导致大九湖泥炭湿地CH₄排放通量偏低的重要因素之一。Larmola *et al.*(2010)研究发现,泥炭藓植株甲烷氧化菌含量较高,氧化CH₄的能力较强,从而降低了向大气排放的甲烷量;此外,Chasar *et al.*(2000)研究发现有机碳含量较高的苔藓泥炭沼泽的有机酸主要来源于木质素分解,导致其抗分解能力强、难以转化为产甲烷底物,造成其甲烷排放量往往低于其他类型泥炭沼泽湿地。上述均可能是导致本研究中泥炭沼泽CH₄排放能力低于其他类型沼泽的原因。

3.1.2 甲烷通量变化规律 与2015年8月~2016年5月神农架大九湖泥炭地的CH₄通量数据(李艳元等, 2017)对比,未发现甲烷排放的日变化规律,但本文CH₄通量月平均变化趋势与其相似,月通量变化均呈明显的倒“U”型;不同的是CH₄排放通量在2016年从7月开始下降,最大值出现在5月29日,而2015年从9月开始下降,最大值出现在8月3日。王佳佳等(2015)研究认为CH₄通量白天高于晚上,与温度呈正相关关系;由此推测这种差异的出现可能与2016年7~8月暴雨天气较多、温度与2015年同时期相比偏低有关。

2016年CH₄通量夏季最高、冬季最低,季节性十分明显,这与2015年的甲烷排放季节特征相同(李艳元等, 2017)。可能是因为夏季温度较高,相关微生物活性增强,土壤有机质分解作用增强;同时夏季为泥炭藓生长期,光合作用较为旺盛,可能为

土壤提供更多有机质,既增加了 CH_4 的产生,也有利于 CH_4 的排放. Whalen *et al.* (1992)研究发现,青藏高原泥炭沼泽 CH_4 排放放在5~6月最高,热带海南红树林的 CH_4 排放放在春季最高,与本文的研究结果不同. 2016年 CH_4 排放量最低值在冬季,并且2016年11月出现了 CH_4 吸收现象. 研究表明湿地在冬季会出现 CH_4 的吸收现象,且土壤含水量与 CH_4 排放通量呈正相关关系(Rask *et al.*, 2002; 周文昌等, 2016);因此 CH_4 在冬季排放量最低很可能与此有关,冬季土壤中水分结冰同时冰雪层较厚,限制了植物对土壤养分的输入以及 CH_4 的排放.

3.2 土壤微生物群落差异分析

3.2.1 湿地土壤主要微生物类群差异 湿地被认为是微生物多样性极高的生态系统. 笔者发现泉古菌门、广古菌门、酸杆菌门为研究区优势菌群,其中泉古菌为主要优势类群,这与长白山苔草湿地土壤微生物(徐惠风等, 2004)及盘锦芦苇湿地微生物(赵先丽等, 2008)的研究结果不一致,后两者均是细菌所占比率最大. 表明湿地类型和湿地植物种类不同,微生物群落组成会存在差异.

笔者并未发现MCG和奇古菌,变形菌门虽有发现但不足0.1%. 丛静(2013)在研究神农架土壤微生物多样性时发现,变形菌门(37.1%)、酸杆菌门(18.1%)、放线菌门(9.71%)、浮霉菌门(7.28%)、统微菌门(6.95%)为主要优势微生物类群,仅检测到泉古菌一种古菌,丰度极低;向兴等(2014)在研究大九湖泥炭藓和泥炭地的细菌和古菌多样性时发现,细菌的优势群落为酸杆菌门(42.3%)和变形菌门(34.1%),古菌的优势菌群为MCG(33.9%)和奇古菌(33.2%). 他们的研究结果较为相似,但均与本文差异较大,尤其体现在MCG、泉古菌门和变形菌门的相对含量上,推测原因可能与样地选取、采样时间及土壤理化性质等条件不同有关:丛静(2013)采集的不同植物类型及不同生态系统类型的土壤;向兴等(2014)的样品为地表以下0 cm、5 cm、25 cm处土壤,且采样时水位较低;本文样品为10 cm处土壤,采样时间为4个季节中旬,水位有差异. 地下水位的高低不同,微生物组成也不相同,而且Tian *et al.* (2019)研究发现较高的地下水位形成的厌氧条件会导致氮的快速固定化,降低微生物活性;同时土壤中碳氮比也与微生物群落组成相关,碳氮比随着采样深度变化而变化(Xu *et al.*, 2019); Xiang *et al.* (2017)的研究表明,温度对

MCG的分布及丰度有显著影响. 此外,对细菌进行高通量测序时采用的平台、引物等的不同也会对微生物测序结果产生影响. 上述差异同时也表明,神农架大九湖的微生物群落组成存在空间差异.

3.2.2 湿地土壤微生物组成差异 本研究发现细菌在门水平和属水平组成上存在明显的季节变化,夏季微生物多样性最高,与纳帕海高原湿地微生物的多样性研究结果一致(陈伟等, 2015). 季节不同,土壤的温度、pH值、湿度、有机和无机养分、含氧量等均存在一定差异,从而对微生物群落组成结构产生影响(Thoms and Gleixner, 2013). 温度、湿度等环境因子随着季节变化,通过影响微生物的生存条件影响微生物群落的组成. Christensen *et al.* (2004)研究发现30~40℃是产甲烷菌最适温度,笔者也发现夏季的甲烷排放通量最高,因此温度可能是研究区夏季甲烷通量排放达到峰值的原因.

此外,笔者在研究微生物群落组成季节差异的过程中发现每个季节的4个样品之间可能存在一定差异, DJH.N2样品与夏季其他3个样品差异较大. 研究表明植物多样性是影响微生物群落组成的关键因子(Carney and Matson, 2005),推测此现象出现的原因可能是DJH.N2的采样地点植被不均一:DJH.N2取样点附近有一条小溪流,溪流附近生长有睡菜等植物,植物种类较其他取样点多,金发藓较多. 也可能是因为夏季正处于泥炭藓生长季,泥炭藓植物较其他季节多,而泥炭藓生物量越多,微生物群落的多样性越高(Tian *et al.*, 2019). 其他季节组内差异主要存在于E、N、W三个方位的样品,丁新华(2011)研究认为人为干扰对微生物群落组成的影响显著. 在采样过程中,泥炭地的主要出入路径位于W方位,并且W、E和N方位的样品邻近马路,人类活动可能性较大,故推测造成组内差异的原因是人为干扰较多.

3.3 土壤微生物群落组成与甲烷通量的相关性

如前所述,夏季微生物的群落组成与 CH_4 排放通量为正相关关系,冬季微生物组成与 CH_4 通量排放呈显著负相关,这与 CH_4 通量排放的研究结果一致,2016年 CH_4 排放通量按季节排序为:夏季>春季>秋季>冬季. 有研究表明产甲烷菌的最适温度为30~40℃(Christensen *et al.*, 2004),由此推测夏季温度适宜产甲烷菌生存,因此夏季的 CH_4 通量最高且呈正相关关系. 俭总菌门在夏季样品中的丰度明显高于其他3个季节,俭总菌

门与CH₄通量呈极显著正相关关系的结果验证了上述推测. 李大明等(2013)研究发现稻田CH₄的排放受微生物群落结构的影响较小,与本文结果不一致,推测与湿地类型不同有关.

同时本研究表明未识别出的菌群与CH₄排放通量之间存在较强的相关性,推测未识别出的菌群中产甲烷菌含量可能较高,需要进一步研究验证. 在微生物群落门水平丰度前10的类群中,仅NC10与甲烷氧化有关,其与秋季的微生物群落组成存在较强的相关性,这可能是秋季CH₄排放通量偏低的原因之一. 同类湿地中与甲烷氧化相关的变形菌门均为优势微生物群落(丛静, 2013; 向兴等, 2014),然而本研究中变形菌门丰度却不足0.1%,出现这种差异的原因暂不明确,可能与采样深度、采样点位、引物序列及微生物测序平台等方面有关. 湿地CH₄的产生与排放是一个十分复杂的过程,微生物群落组成中产甲烷菌和甲烷氧化菌只是影响CH₄排放通量的原因之一,土壤结构、放牧等人类活动、生物碳含量等均为影响因素,仍需进一步的研究以明确CH₄排放的本质.

4 结论

(1) 神农架大九湖泥炭地2016年日平均CH₄排放量为15.25 mg·m⁻²,日平均排放速率为10.96 nmol·m⁻²·s⁻¹,全年总排放量为5 566.27 mg·m⁻²,总体表现为CH₄排放源. 月际变化和季节变化规律较为明显:2016年春季、夏季CH₄排放量随月份递增而增加,秋季、冬季排放量随月份递增而减小,CH₄月排放通量变化呈明显的倒“U”型;夏季CH₄排放通量最高,冬季最低.

(2) 大九湖泥炭地土壤微生物群落丰富度和多样性均为夏季最高,土壤中主要微生物类群为泉古菌门、广古菌门、酸杆菌门、俭菌总门、放线菌门、厚壁菌门、迷踪菌门、BRC1、绿弯菌门、NC10,泉古菌、广古菌和酸杆菌为优势菌群. 不同季节土壤微生物组成存在显著差异.

(3) 夏季微生物的群落组成与CH₄排放通量呈显著正相关关系,冬季微生物组成与CH₄通量排放呈显著负相关;未鉴别出的菌群和俭菌总门与CH₄通量呈极显著正相关,泉古菌门与CH₄通量呈极显著负相关.

References

- Bridgman, S. D., Megonigal, J. P., Keller, J. K., et al., 2006. The Carbon Balance of North American Wetlands. *Wetlands*, 26(4): 889–916. [https://doi.org/10.1672/0277-5212\(2006\)26\[889:tcbona\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1672/0277-5212(2006)26[889:tcbona]2.0.co;2)
- Carney, K. M., Matson, P. A., 2005. Plant Communities, Soil Microorganisms, and Soil Carbon Cycling: Does Altering the World Belowground Matter to Ecosystem Functioning? *Ecosystems*, 8(8): 928–940. <https://doi.org/10.1007/s10021-005-0047-0>
- Chanton, J. P., Martens, C. S., Kelley, C. A., et al., 1992. Methane Transport Mechanisms and Isotopic Fractionation in Emergent Macrophytes of an Alaskan Tundra Lake. *Journal of Geophysical Research Atmospheres*, 97(D15): 16681–16688. <https://doi.org/10.1029/90jd01542>
- Chasar, L.S., Chanton, J.P., Glaser, P.H., et al., 2000. Radiocarbon and Stable Carbon Isotopic Evidence for Transport and Transformation of Dissolved Organic Carbon, Dissolved Inorganic Carbon, and CH₄ in a Northern Minnesota Peatland. *Global Biogeochemical Cycles*, 14(4): 1095–1108. <https://doi.org/10.1029/1999gb001221>
- Chavaillaz, Y., Joussaume, S., Dehecq, A., et al., 2016. Investigating the Pace of Temperature Change and Its Implications over the Twenty - First Century. *Climatic Change*, 137(1–2): 187–200. <https://doi.org/10.1007/s10584-016-1659-4>
- Chen, W., Ji, X.L., Sun, C., et al., 2015. Preliminary Study on Diversity of Bacteria Community in Napahai Plateau Wetland. *Chinese Journal of Microecology*, 27(10): 1117–1120 (in Chinese with English abstract).
- Christensen, T. R., Johansson, T.R., Akerman, H.J., et al., 2004. Thawing Sub-Arctic Permafrost: Effects on Vegetation and Methane Emissions. *Geophysical Research Letters*, 31(4): L04501. <https://doi.org/10.1029/2003gl018680>
- Cong, J., 2013. The Research of Soil Microbial Diversity in the Shennongjia Natural Reserve (Dissertation). Central South University, Changsha (in Chinese with English abstract).
- Ding, X. H., 2011. Soil Microbial Characteristics in Wet Meadows of Zhalong Wetlands (Dissertation). Northeast Forestry University, Harbin (in Chinese with English abstract).
- Du, H.N., Xie, W.X., Zhao, Q.S., et al., 2016. Characteristics of Methane Emission Fluxes in Wetlands of Dagou River Estuary in Jiaozhou Bay. *Wetland Science*, 14(1): 44–49 (in Chinese with English abstract).

- Du, Y., Cai, S.M., Wang, X.L., et al., 2008. Environmental Background and Ecological Restoration of the Dajihu Subalpine Wetland in Mt. Shennongjia. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 17(6): 915—919 (in Chinese with English abstract).
- Huang, P.Y., 2010. Studies on CO₂ and CH₄ Fluxes from Zhalong Wetlands (Dissertation). Northeast Forestry University, Harbin (in Chinese with English abstract).
- Kutzbach, L., Wagner, D., Pfeiffer, E. M., 2004. Effect of Microrelief and Vegetation on Methane Emission from Wet Polygonal Tundra, Lena Delta, Northern Siberia. *Biogeochemistry*, 69(3): 341—362. <https://doi.org/10.1023/b:biog.0000031053.81520.db>
- Larmola, T., Tuittila, E. S., Tiirola, M., et al., 2010. The Role of Sphagnummosses in the Methane Cycling of a Boreal Mire. *Ecology*, 91(8): 2356—2365. <https://doi.org/10.1890/09-1343.1>
- Li, D.M., Cheng, Y.H., Liu, M.Q., et al., 2013. Relationship between Methane Emission and the Community Structure and Abundance of Methanogens under Double Rice Cropping System. *Journal of Agro-Environment Science*, 32(4): 866—873 (in Chinese with English abstract).
- Li, Y.Y., Ge, J.W., Peng, F.J., et al., 2017. Characteristics of Methane Flux and Their Effect Factors on Dajihu Peatland of Shennongjia. *Earth Science*, 42(5): 832—842 (in Chinese with English abstract).
- Liao, J., 2010. Study on CH₄ and CO₂ Emissions of Phragmites Australis Marsh in Minjiang Estuary Area (Dissertation). Fujian Normal University, Fuzhou (in Chinese with English abstract).
- Lysák, M., Bugge-Henriksen, C., 2016. Current Status of Climate Change Adaptation Plans across the United States. *Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change*, 21(3): 323—342. <https://doi.org/10.1007/s11027-014-9601-4>
- McKnight, D. M., Boyer, E. W., Westerhoff, P. K., et al., 2001. Spectrofluorometric Characterization of Dissolved Organic Matter for Indication of Precursor Organic Material and Aromaticity. *Limnology and Oceanography*, 46(1): 38—48. <https://doi.org/10.4319/lo.2001.46.1.0038>
- Ortiz-Llorente, M. J., Alvarez-Cobelas, M., 2012. Comparison of Biogenic Methane Emissions from Unmanaged Estuaries, Lakes, Oceans, Rivers and Wetlands. *Atmospheric Environment*, 59: 328—337. <https://doi.org/10.1016/j.atmosenv.2012.05.031>
- Pei, X.C., Xu, Y.L., Wei, W., 2009. A Review on Soil Microorganisms in Wetland Ecosystem. *Wetland Science*, 7(2): 181—186 (in Chinese with English abstract).
- Podgrajsek, E., Sahlée, E., Bastviken, D., et al., 2016. Methane Fluxes from a Small Boreal Lake Measured with the Eddy Covariance Method. *Limnology and Oceanography*, 61(S1): S41—S50. <https://doi.org/10.1002/lno.10245>
- Qin, Y.M., Gong, J., Gu, Y.S., et al., 2018. Ecological Monitoring and Environmental Significance of Testate Amoebae in Subalpine Peatlands in West Hubei Province, China. *Earth Science*, 43(11): 4036—4045 (in Chinese with English abstract).
- Thoms, C., Gleixner, G., 2013. Seasonal Differences in Tree Species' Influence on Soil Microbial Communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 66: 239—248. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.05.018>
- Tian, W., Wang, H. M., Xiang, X., et al., 2019. Structural Variations of Bacterial Community Driven by Sphagnum Microhabitat Differentiation in a Subalpine Peatland. *Frontiers in Microbiology*, 10: 1661. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01661>
- Valenzuela, E. I., Prieto-Davó, A., López-Lozano, N. E., et al., 2017. Anaerobic Methane Oxidation Driven by Microbial Reduction of Natural Organic Matter in a Tropical Wetland. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(11): e00645—17. <https://doi.org/10.1128/aem.00645-17>
- Wang, D.X., Lu, X.G., Ding, W.X., et al., 2002. Comparison of Methane Emission from Marsh and Paddy Field in Sanjiang Plain. *Scientia Geographica Sinica*, 22(4): 500—503 (in Chinese with English abstract).
- Wang, H., Zhao, H.D., Zhang, S.Y., et al., 2012. Research on Methane Fluxes and Effect Factors in the Wetland of Sunada Glauca. *Marine Environmental Science*, 31(2): 173—175 (in Chinese with English abstract).
- Wang, J.J., Gong, X.F., Li, Z.L., et al., 2015. Selenium Deposition Regularity with Different Forms of Selenium in Rat Tissues. *Journal of Nanchang University (Natural Science)*, 39(3): 286—291 (in Chinese with English abstract).
- Whalen, S.C., Reeburgh, W.S., Barber, V.A., 1992. Oxidation of Methane in Boreal Forest Soils: A Comparison of Seven Measures. *Biogeochemistry*, 16(3): 181—211. <https://doi.org/10.1007/bf00002818>
- Xiang, X., Wang, H. M., Gong, L. F., et al., 2014. Vertical Variations and Associated Ecological Function of Bacterial Communities from Sphagnum to Underlying Sediments in Dajihu Peatland. *Scientia Sinica Terrae*, 44(6): 1244—1252 (in Chinese).

- Xiang, X., Wang, R.C., Wang, H.M., et al., 2017. Distribution of Bathyarchaeota Communities across Different Terrestrial Settings and Their Potential Ecological Functions. *Scientific Reports*, 7:45028. <https://doi.org/10.1038/srep45028>
- Xu, H.F., Liu, X.T., Bai, J.H., 2004. Dynamic Change and Environmental Effects of Soil Microorganism in Marsh Soils from *Carex Meyeriana* Wetlands in Changbai Mountain. *Journal of Soil Water Conservation*, 18(3): 115–117 (in Chinese with English abstract).
- Xu, Y., Wang, H.M., Xiang, X., et al., 2019. Vertical Variation of Nitrogen Fixers and Ammonia Oxidizers along a Sediment Profile in the Dajihu Peatland, Central China. *Journal of Earth Science*, 30(2): 397–406. <https://doi.org/10.1007/s12583-018-0982-2>
- Zhao, B. Y., Zhang, Y. M., Huang, X. Y., et al., 2018. Comparison of *n*-Alkane Molecular, Carbon and Hydrogen Isotope Compositions of Different Types of Plants in the Dajihu Peatland, Central China. *Organic Geochemistry*, 124: 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.orggeochem.2018.07.008>
- Zhao, X.L., Zhou, G.S., Zhou, L., et al., 2008. Characteristics of Soil Microbial Community in Bulrush Wetlands of Panjin, Northeast China. *Chinese Journal of Soil Science*, 39(6): 1376–1379 (in Chinese with English abstract).
- Zhou, W.C., Cui, L.J., Wang, Y.F., et al., 2016. Characteristics of Methane Emission Fluxes in the Zoigê Plateau Wetland on Microtopography. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 40(9): 902–911 (in Chinese with English abstract).
- 附中文参考文献**
- 陈伟, 季秀玲, 孙策, 等, 2015. 纳帕海高原湿地土壤细菌群落多样性初步研究. *中国微生态学杂志*, 27(10): 1117–1120.
- 丛静, 2013. 神农架自然保护区土壤微生物多样性研究(硕士学位论文). 长沙: 中南大学.
- 丁新华, 2011. 扎龙湿地湿草甸土壤微生物特性研究(硕士学位论文). 哈尔滨: 东北林业大学.
- 杜慧娜, 谢文霞, 赵全升, 等, 2016. 胶州湾大沽河口湿地 CH₄ 排放通量特征. *湿地科学*, 14(1): 44–49.
- 杜耘, 蔡述明, 王学雷, 等, 2008. 神农架大九湖亚高山湿地环境背景与生态恢复. *长江流域资源与环境*, 17(6): 915–919.
- 黄璞祎, 2010. 扎龙湿地 CO₂ 和 CH₄ 通量研究(博士学位论文). 哈尔滨: 东北林业大学.
- 李大明, 成艳红, 刘满强, 等, 2013. 双季稻田甲烷排放与土壤产甲烷菌群落结构和数量关系研究. *农业环境科学学报*, 32(4): 866–873.
- 李艳元, 葛继稳, 彭凤姣, 等, 2017. 神农架大九湖泥炭湿地 CH₄ 通量特征及其影响因子. *地球科学*, 42(5): 832–842.
- 廖稷, 2010. 闽江河口芦苇湿地甲烷和二氧化碳排放通量分析(硕士学位论文). 福州: 福建师范大学.
- 裴希超, 许艳丽, 魏巍, 2009. 湿地生态系统土壤微生物研究进展. *湿地科学*, 7(2): 181–186.
- 秦养民, 巩静, 顾延生, 等, 2018. 鄂西亚高山泥炭地有壳变形虫生态监测及对水位的指示意义. *地球科学*, 43(11): 4036–4045.
- 王德宣, 吕宪国, 丁维新, 等, 2002. 三江平原沼泽湿地与稻田 CH₄ 排放对比研究. *地理科学*, 22(4): 500–503.
- 王慧, 赵化德, 张世宇, 等, 2012. 碱蓬湿地 CH₄ 排放通量及影响因素研究. *海洋环境科学*, 31(2): 173–175.
- 王佳佳, 弓晓峰, 李志龙, 等, 2015. 不同季节鄱阳湖湿地的甲烷排放通量. *南昌大学学报(理科版)*, 39(3): 286–291.
- 向兴, 王红梅, 龚林锋, 等, 2014. 细菌群落在神农架大九湖泥炭藓与表层沉积物的垂向变化及其生态意义. *中国科学:地球科学*, 44(6): 1244–1252.
- 徐惠风, 刘兴土, 白军红, 2004. 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. *水土保持学报*, 18(3): 115–117.
- 赵先丽, 周广胜, 周莉, 等, 2008. 盘锦芦苇湿地土壤微生物数量研究. *土壤通报*, 39(6): 1376–1379.
- 周文昌, 崔丽娟, 王义飞, 等, 2016. 若尔盖高原湿地不同微地貌区甲烷排放通量特征. *植物生态学报*, 40(9): 902–911.