

基于微生物主导的最小数据集的湿地土壤质量精准评价——以深圳福田红树林为例

Precision Assessment of Wetland Soil Quality Using a Microbial-dominated Minimum Dataset: A Case Study of the Futian Mangrove in Shenzhen

陈启耿 徐周鑫楠 叶潇 杨琼 王敏*

CHEN Qigeng, XU Zhouxinan, YE Xiao, YANG Qiong, WANG Min*

基金项目: 面向生态管理优化的福田红树林国家重要湿地修复效果评估 (编号: 0832-SFCX23FSC070); 深圳市科技计划项目“红树林生态系统监测评估与修复技术研究与应用示范”(编号: KCXFZ20230731094059009)

摘要

为探究工程改造对红树林土壤质量的短期效应及生物机制, 以广东内伶仃福田国家级自然保护区内 7 块红树林湿地为研究对象, 通过主成分分析构建最小数据集 (MDS), 对比传统理化指标的土壤质量指数与整合微生物指标的土壤质量指数。结果表明: 未改造样地土壤质量显著优于改造样地; 基于最小数据集的土壤质量指数 (SQI-M) 与基于全数据集的土壤质量指数 (SQI-T) 呈显著正相关, 验证了 MDS 可用于该区域土壤质量评价; SQI-T 能有效识别土壤退化风险, 对 50% 的样点进行降级修正, 避免功能被高估; “涵管连通 + 生石灰清塘”措施恢复效果最佳, 能有效缓解碱性胁迫、补充碳源与种源。研究证实, 微生物群落特征是红树林湿地土壤质量评价不可或缺的生物指标, SQI-T 能精准评估生态修复效应, 提供了低成本高效益的监测框架。

Abstract

To investigate the short-term effects and biological mechanisms of engineering modifications on mangrove soil quality, this study examined seven mangrove wetland plots within the Guangdong Neilingding Futian National Nature Reserve. Principal component analysis was used to construct a minimum dataset (MDS) and the soil quality index based on traditional physicochemical indicators was compared with the soil quality index based on integrated microbial indicators. The results indicate that soil quality in unmodified plots was significantly superior to that in modified plots; the soil quality index based on the minimal dataset (SQI-M) showed a significant positive correlation with the soil quality index based on the full dataset (SQI-T), validating the applicability of MDS for soil quality assessment in this region; SQI-T effectively identified soil degradation risks, downgrading 50% of the sample sites to avoid overestimating their functionality; The 'culvert connectivity + slow-release lime' measure yielded the best restoration results, effectively alleviating alkaline stress and supplementing carbon and seed sources. The study confirmed that microbial community characteristics are indispensable biological indicators for evaluating mangrove wetland soil quality, and that SQI-T can accurately assess ecological restoration effects, providing a low-cost, high-benefit monitoring framework.

文章亮点

1) 构建了整合微生物特征的土壤评价体系, 系统且客观地量化了微生物权重, 在精简 50% 监测指标的同时保持了评价的高精度, 突破了传统仅依赖理化指标的局限。2) 采用 PLFA 技术与线性评分函数, 精准量化活体微生物生物量, 有效避免了指标评估过程中的权重失真问题。

关键词

红树林; 湿地; 土壤质量指数; 最小数据集; 微生物群落; 主成分分析法

Keywords

Mangrove; Wetland; Soil quality index; Minimum data set; Microbiological community; Principal Component Analysis

收稿日期: 2025-12-15

修回日期: 2026-01-31

红树林湿地是热带、亚热带河口海岸的关键生态系统, 因人为干扰而正面临着面积萎缩、生态稳定性下降等困境^[1-3]。作为红树林湿地重要组成部分的基围鱼塘, 近年来也出现生境退化现象, 部分鱼塘土壤严重酸化。这不仅抑制了红树植物的生长与幼苗发育, 还导致底栖动物群落结构改变和生物多样性下降, 削弱了湿地为候鸟提供高潮位栖息地的功能。为此, 广东内伶仃福田国家级自然保护区福田红树林区域 (以下简称“福田红树林自然保护区”) 于2021年开展了基围鱼塘生态工程改造活动。土壤是红树林湿地生态系统的重要组成部分, 为动植物生长提供所需的营养元素, 其质量直接影响生态功能。土壤质量评价是监测土壤健康状况的重要手段^[4], 国内外常采用多变量指标克立格法 (Multiple-Variable Indicator Kriging, MVIK)、土壤质量指数 (Soil Quality Index, SQI) 法等进行评价^[4-6]。其中, SQI法可通过单一数值定量化、综合化地表现复杂的土壤质量状况, 是较为实用、客观的核心评价方法^[7-8]。为平衡评价的全面性与监测成本, 研究常通过构建最小数据集 (Minimum Data Set, MDS) 来简化土壤质量评估流程^[9-11]。然而, 传统 MDS 构建多侧重于理化指标, 往往忽视了作为土壤生态系统活跃组分的微生物群落。尽管微生物群落对土壤环境变化具有高度敏感性^[12-14], 但现有 SQI 评价体系中微生物指标的权重分配多依赖专家经验打分, 缺乏基于数据变异特征的客观量化依据, 这可能导致评价结果存在系统性忽视生物过程对土壤功能的调控作用等局限。

基于此, 研究于2023年11月, 以福田红树林自然保护区内7块不同工程改造措施的样地为对象, 构建包含理化指标和微生物指标的全数据集 (Total Data Set, TDS) 与最小数据集 (MDS), 并将整合微生物群落特征的土壤质量指数 (SQI-T) 与基于传统理化指标的土壤质量指数 (SQI-P) 进行对比研究。研究旨在评估工程改造2年后微生物群落的响应强度及其对 SQI 评价结果的影响程度, 明确微生物指标在 MDS 中的客观权重及其提升评价敏感性的机制, 并比较不同工程措施下土壤质量评估结果的差异, 识别最优恢复模式, 为红树林湿地土壤质量恢复提供科学改造模式, 为湿地修复监测提供成本效益与生态敏感性兼顾的技术框架。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

研究区域位于深圳湾东北部的福田红树林自然保护区, 属于热带海洋性季风气候, 年均气温为 22.2℃, 年均降水量为 1 926 mm^[15]。根据福田红树林自然保护区的实际情况, 选取保护区内陆侧的 7 块红树林湿地为研究对象 (图 1)。各样地的工程改造方式不同, 其中, 1 号样地未进行改造; 2~7 号样地在改造前均进行植被清除、生石灰清塘和水位管理, 且 2~6 号样地在改造前均进行深耕、翻耕以去除芦苇 *Phragmites australis* 根部。水位管理指通过改造堤岸形成连续水面, 采用电控水闸替代人工闸门。生石灰清塘需根

据样地情况, 选用干法清塘 (75~112.5 g/m²) 或带水消毒 (187.5~225 g/m²) 方式。在具体改造措施上, 3 号和 4 号样地采取小区域覆膜、刈割和水淹等方式清除芦苇, 同时营造浅滩小岛; 5 号和 6 号样地进行滩岛、堤岸改造, 利用清淤底泥构筑坡度为 1:25~1:16 的浅滩, 并通过加宽、加固和缓坡处理将堤顶标高提升至 2.4~3.4 m; 7 号样地通过安装调控型水闸的涵管控制水流和水位, 促进海水与样地水体交换, 实现水系连通。

1.2 研究方法

为探究工程改造对红树林土壤质量的影响, 本文构建了基于微生物主导的最小数据集的湿地土壤质量评价体系 (图 2)。研究利用 Excel 2021 和 Origin 2018 整理土样的各项指标数据及采样点信息, 并绘制图表; 使用 SPSS 25.0 对各土壤指标进行主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA)、相关性分析、单因素方差分析及多重比较。

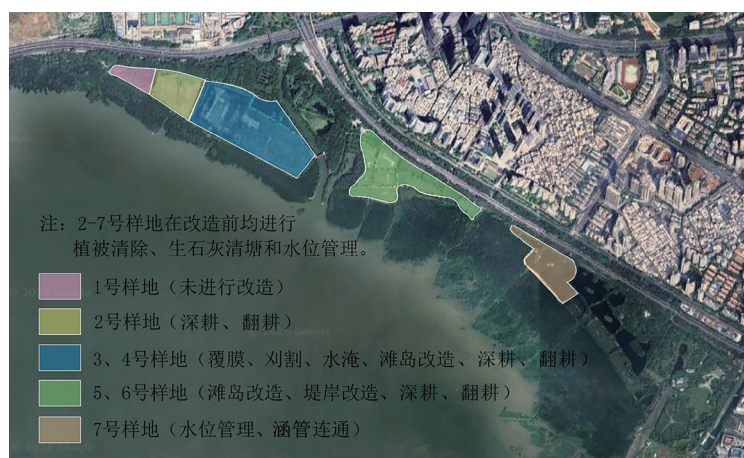


图 1 研究区域概况

Fig.1 Overview of the study area

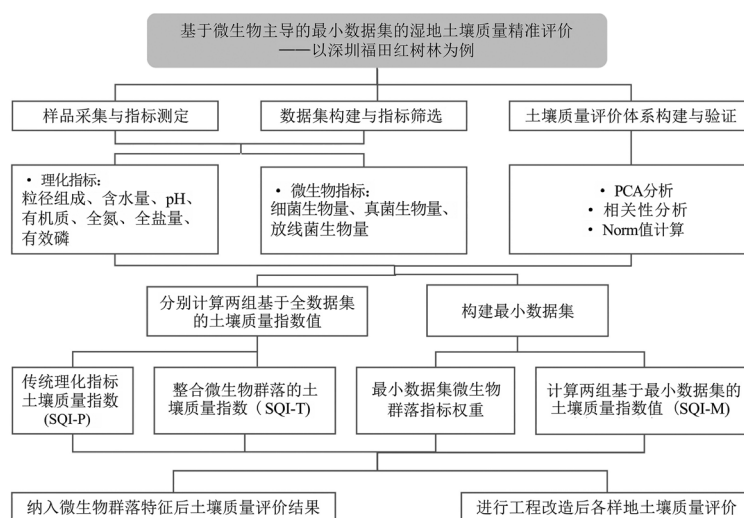


图 2 研究技术路线

Fig.2 Research technical roadmap

1.2.1 土样采集与测定

研究于 2023 年 11 月进行, 首先在实地考察红树林保护区与参考高分辨率 (0.5 m) 光学遥感卫星影像的基础上, 于每块样地内随机设置 3 个 10 m×10 m 的样方, 每个样方内按“S”形采样法选择 5 个土壤采样点, 去除表面枯枝落叶后, 用内径 3 cm 的土钻采集 0~20 cm 的土壤样品。接着将同一样方 5 个采样点的土样混合为 1 份样本, 7 块样地共获得 21 份土样。将土样置于 4℃ 下保存并带回实验室, 去除杂质后分为两部分: 一部分室温风干, 用于测定土壤理化性质; 另一部分作为鲜土, 用于测定土壤微生物群落结构。

土壤理化性质中, 土壤粒径采用比重计法测定, 按国际三级制分为黏粒 (小于 0.002 mm)、粉粒 (0.002~0.020 mm) 和砂粒 (0.020~2.000 mm)^[16]; 土壤含水量采用 105℃ 烘干法测定; pH 值采用电位法, 使用雷磁 PHS-3C pH 计测定^[17]; 土壤有机质 (Soil Organic Matter, SOM) 含量采用重铬酸钾氧化-分光光度法测定^[17]; 全氮采用凯氏定氮-消煮法测定^[18]; 全盐量采用电导法测定^[19]; 有效磷含量采用盐酸-硫酸浸提比色法, 使用紫外可见分光光度计 TU-1900 测定^[20]。

为评估工程改造后样地的生物量响应, 研究以磷脂脂肪酸 (PLFAs) 为指标, 识别土壤微生物群落组成^[21~27] (表 1)。本研究选用 PLFAs 技术而非高通量测序, 主要基于以下考量: 1) 研究区土壤全盐量高达 4.74~14.68 g/kg, 高盐环境会抑制 PCR 扩增效率, 并导致 DNA 提取过程中细胞裂解不完全; 而 PLFA 技术通过有机溶剂直接提取细胞膜脂质, 规避了 DNA 提取难题。2) 该技术仅分析活体微生物细胞膜的完整磷脂, 可避免死亡细胞 DNA 残留导致的微生物生物量高估, 更精准地反映工程改造急性响应期的活性群落动态^[28~29]。

1.2.2 土壤质量指数法

结合文献与研究区实际情况^[10~11,30], 研究首先选取理化性质指标和微生物群落指标构成全数据集 (TDS)。接着, 通过主成分分析提取特征值不小于 1 的主成分, 并将因子载荷系数绝对值不小于 0.5 的指标归为一组。若某指标在多个

主成分中的因子载荷系数绝对值均不小于 0.5, 则通过相关性分析将其划分到与其他指标相关性较低的主成分组中^[31]。随后, 选取各组中 Norm 最大值及其 10% 范围内的指标作为高因子载荷指标, 若范围内仅有 1 个高因子载荷指标, 则直接进入 MDS; 反之, 将各高因子载荷指标进行相关性分析。若相关系数均小于 0.7, 则所有指标都进入 MDS; 反之, 则只选取相关系数最大且 Norm 值最大的指标进入 MDS^[32]。Norm 值计算公式如下:

$$N_{ik} = \sqrt{\sum_i^k (U_{ik}^2 \times \lambda_k)} \quad (1)$$

式中 N_{ik} 表示 Norm 值, U_{ik} 表示第 i 个指标在第 k 个主成分上的载荷值; λ_k 是第 k 个主成分的特征值。

构建 MDS 后, 研究基于隶属度函数对各土壤指标进行归一化处理, 将其转换为 0~1 的无量纲分数^[18,33]。根据各指标在主成分上因子载荷的正负性, 结合《全国第二次土壤普查养分分级标准》及前人研究^[34~37], 确定指标的隶属度函数类型。土壤砂粒和粉粒含量在一定范围内与土壤质量呈负相关, 采用反 S 型隶属度函数 (越少越好型) 计算^[38]; 土壤养分、含水量和黏粒含量在一定范围内与土壤质量呈正相关, 采用正 S 型隶属度函数 (越多越好型) 计算^[39]; 土壤 pH 值具有最佳适宜范围, 偏离程度越大则对土壤功能影响越小^[14], 故采用抛物线型函数。

正 S 型隶属度函数计算公式如下:

$$S_i = \begin{cases} 0.1, x \leq x_{\min} \\ 0.1 + \frac{0.9(x-x_{\min})}{x_{\max}-x_{\min}}, x_{\min} < x < x_{\max} \\ 1.0, x \geq x_{\max} \end{cases} \quad (2)$$

反 S 型隶属度函数计算公式如下:

$$S_i = \begin{cases} 1.0, x \leq x_{\min} \\ 1 - \frac{0.9(x-x_{\min})}{x_{\max}-x_{\min}}, x_{\min} < x < x_{\max} \\ 0.1, x \geq x_{\max} \end{cases} \quad (3)$$

式中 S_i 表示隶属度值; x 表示土壤实测指标值, $x_{\min}$ 和 $x_{\max}$ 分别表示指标的最小值和最大值。

抛物线型函数计算公式如下:

$$S_i = \begin{cases} 0.1, x \leq x_1, x \geq x_4 \\ 0.1 + \frac{0.9(x-x_1)}{x_2-x_1}, x_1 < x < x_2 \\ 1.0, x_2 \leq x < x_3 \\ 1 - \frac{0.9(x-x_3)}{x_4-x_3}, x_3 \leq x < x_4 \end{cases} \quad (4)$$

式中 x 为评价指标实测值, x_1 、 x_2 、 x_3 、 x_4 为该隶属函数曲线转折点, 分别为 4.5、6.5、7.5、8.5^[40]。

鉴于土壤微生物指标存在生态功能阈值和潜在过载风险, 其与土壤健康关系呈非单调特征, 研究采用线性评分函数, 可避免 S 型函数导致的权重失真。这是因为 S 型函数会过度加权中等生物量区间, 线性函数可以确保权重分配与红树林湿地微生物群落演替早期阶段的实际生态贡献相匹配^[41~42]。土壤生物学指标的隶属度值使用线性评分函

表 1 土壤微生物群落的 PLFAs 指标

Tab.1 PLFAs indicators of soil microbial communities

生物组分	磷脂脂肪酸
革兰氏阳性菌 ^[22~23]	i14:0, i15:0, i16:0, a15:0, i17:0, a17:0
革兰氏阴性菌 ^[22~23]	15:0 3OH, 16:1 2OH, 16:1ω5c, 16:1ω9c, 18:1ω5c, 18:1ω7c, 18:1ω9c, cy17:0, cy19:0
普通细菌 ^[23~24]	14:0, 15:0, 17:0, 18:0
总细菌 ^[25~27]	i14:0, i15:0, i16:0, a15:0, i17:0, a17:0, 15:0 3OH, 16:1 2OH, 16:1ω5c, 16:1ω9c, 18:1ω5c, 18:1ω7c, 18:1ω9c, cy17:0, cy19:0, 14:0, 15:0, 17:0, 18:0
真菌 ^[22]	18:3ω6,9,12c, 18:2ω6,9c
放线菌 ^[23]	10Me16:0, 10Me17:0, 10Me18:0

数计算，将所测定的土壤指标的最高值隶属度函数设定为“1”，其他指标测定值与最高值之间的比值即为各指标的隶属度值，公式如下：

$$S_i = \frac{x}{x_{\max}} \tag{5}$$

研究对 MDS 中各指标进行隶属度或线性评分标准化后得到无量纲分数 S_i ，再对各指标的得分进行加权平均处理，将其整合为 1 个综合指数 SQI ，公式如下：

$$SQI = \sum_{i=1}^n (W_i \times S_i) \tag{6}$$

式中 S_i 是第 i 个土壤指标得分； n 是 MDS 中的土壤指标个数； W_i 是土壤指标的权重，即主成分分析中第 i 个指标的公因子方差占总方差的比值； SQI 代表土壤质量指数，数值范围为 0~1，值越大表明土壤质量越好。

2 结果与分析

2.1 土壤指标特征

2.1.1 土壤理化性质

土壤理化性质分析结果表明(表 2)，以 1 号样地为对照，7 个样地的土壤均以砂粒为主，1 号样地的砂粒比例显著低于 3 号、4 号、6 号和 7 号 ($F=7.14, P < 0.01$)，而黏粒比例显著高于 3 号、4 号、6 号和 7 号 ($F=9.25, P < 0.01$)。1 号样地粉粒比例显著高于 7 号 ($P < 0.05$)，含水量显著高于 3 号和 4 号 ($P < 0.05$)，分别为后者的 3.37 和 3.08 倍。1 号样地 pH 值显著低于 2~7 号样地 ($F=2.57, P < 0.05$)，2~7 号样地的土壤均呈中性 (pH 值为 6.74~7.00)。1 号样地的全盐量与 2~7 号样地均无显著差异，7 号样地的全盐量为 4.74 g/kg，为中度盐渍化土；2 号、4 号和 6 号的全盐量分别为 7.10 g/kg、7.12 g/kg、5.49 g/kg，均为重度盐渍化土；1 号、3 号和 5 号全盐量均大于 10.00 g/kg，均为盐土^[43]。

在土壤养分方面，参考《全国第二次土壤普查养分分级标准》^[36]，土壤理化性质分析结果表明(表 2)，1 号样地有效磷含量显著高于 6 号和 7 号 ($F=3.44, P < 0.01$)，达三级水平，而 6、7 号样地降至四级水平。1 号样地土壤全氮含量显著高于 2~7 号样地 ($F=3.99, P < 0.05$)。1 号样地土壤有机质含量显著高于 2~6 号样地 ($F=3.56, P < 0.05$)，其中，1 号、2 号、3 号、5 号和 7 号样地为一级水平，4 号和 6 号样地为二级水平。各土壤养分指标说明保护区内 1 号样地的土壤养分维持在较高水平，而 2~7 号样地的土壤养分质量整体处于中等水平。

2.1.2 土壤微生物群落

土壤微生物群落分析结果表明(表 3)，各样地的土壤微生物群落以细菌为主，且 1 号样地的各微生物数量及总量最高。1 号样地的细菌数量和微生物总量显著高于 3 号、4 号和 6 号样地 ($F_{\text{细菌}}=3.87, F_{\text{微生物总量}}=3.90, P < 0.01$)；1 号样地的放线菌数量显著高于 2~6 号样地 ($F=5.40, P < 0.05$)；1~7 号样地的土壤真菌数量无显著差异 ($P > 0.05$)。

2.2 最小数据集建立及验证

首先，研究通过 PCA 分析提取 3 个主成分，累计贡献率为 83.68%。将各主成分中因子载荷系数绝对值不小于 0.5 的指标分组，第 1 组包括黏粒、粉粒、含水量、pH、全氮、有机质、放线菌、细菌和真菌；第 2 组包括砂粒和有效磷；第 3 组仅有全盐量，直接纳入 MDS。经 Norm 值筛选及组内相关性分析 ($r \geq 0.7$) (图 3)，研究选择第 1 组和第 2 组内相关系数最大且 Norm 值最大的有机质与砂粒进入 MDS。尽管第 1 组中放线菌、细菌、真菌的载荷值均大于 0.5，Norm 值均达到组内最大 Norm 值的 10%，且三者与有机质存在较高相关性 ($r>0.85$)，但鉴于土壤微生物群落对土壤质量的重要贡献和敏感性^[12-14]，且微生物群落通常

表 2 红树林湿地土壤理化性质
Tab.2 Soil physicochemical properties of mangrove wetlands

土壤指标	1 号样地	2 号样地	3 号样地	4 号样地	5 号样地	6 号样地	7 号样地
黏粒 /%	15.84±1.09a	18.57±6.15a	9.27±1.85b	8.97±2.70b	16.61±3.36a	6.08±0.61b	5.24±2.19b
粉粒 /%	32.85±4.07ab	38.52±12.81a	19.47±0.42bc	21.21±8.76bc	33.44±5.62ab	20.23±2.06bc	15.61±10.21c
砂粒 /%	51.31±4.81b	42.91±13.82b	71.27±2.24a	69.81±11.45a	49.95±8.97b	73.69±1.83a	79.15±12.40a
含水量 /%	128.21±54.03a	80.38±37.53ab	38.07±1.64b	41.67±2.01b	76.04±35.96ab	78.67±71.08ab	52.25±7.67ab
有效磷 / (mg/kg)	15.78±0.75a	13.95±4.40ab	9.08±0.50bc	12.18±3.24ab	13.49±6.71ab	6.97±2.99c	5.98±1.05c
pH	5.98±0.49b	6.83±0.06a	6.74±0.35a	6.89±0.31a	6.85±0.10a	7.00±0.55a	6.78±0.40a
全氮 / (g/kg)	2.61±0.85a	1.33±0.56b	1.08±0.02b	1.21±0.31b	1.49±0.38b	0.95±0.24b	1.73±0.56b
全盐量 / (g/kg)	13.53±3.40ab	7.10±2.10ab	14.68±12.51a	7.12±0.84ab	10.35±2.96ab	5.49±0.12b	4.74±0.85b
有机质 / (g/kg)	77.67±18.19a	49.70±19.93b	41.07±2.75b	36.13±7.32b	51.90±7.54b	30.70±14.07b	54.20±18.80ab

注：表中数据均为“平均值±标准差”，小写字母表示不同样地的同一指标的差异显著，下同。

独立解释 15~25% 的变异^[44]，研究采用层次分割法对 PCA 结果进行方差分解^[45]。结果表明（表 4），在 83.68% 的累计解释变异中，微生物指标独立贡献 19.47% 的变异，这一结果与既往研究一致^[44]。根据 Susan S. Andrews 提出的“高载荷指标可保留生态功能独立性”原则^[34]，以及 John J. Brejda 与 Fayez Raiesi 在高度相关指标中保留具有不可替代生态功能的生物指标^[46~47]的灵活标准，本研究将放线菌、细菌和真菌纳入 MDS。最终建立的 MDS 由砂粒、全盐量、有机质、放线菌、细菌和真菌 6 项指标组成。

接着，根据主成分分析计算各指标公因子方差权重（表 5），砂粒、全盐量、有机质、放线菌、细菌和真菌的权重分别为 12.81%、12.67%、18.24%、18.34%、19.58% 和 18.35%，微生物群落权重达 56.27%。

表 3 红树林湿地土壤微生物 PLFAs 含量
Tab.3 Microbial PLFA content in mangrove wetland soils
单位：数量 / (nmol·g⁻¹)

样地	放线菌 PLFAs	细菌 PLFAs	真菌 PLFAs	微生物总量
1 号样地	1.01±0.30a	15.18±3.34a	0.99±0.25a	17.18±3.75a
2 号样地	0.50±0.18bc	9.21±2.89abc	0.67±0.33a	10.38±3.34abc
3 号样地	0.26±0.04c	4.95±1.16c	0.33±0.10a	5.54±1.26c
4 号样地	0.35±0.17c	5.85±2.70c	0.35±0.12a	6.55±2.94c
5 号样地	0.51±0.23bc	9.83±4.68abc	0.54±0.30a	10.88±5.20abc
6 号样地	0.37±0.14bc	7.17±2.47bc	0.41±0.16a	7.95±2.69bc
7 号样地	0.74±0.20ab	12.45±4.04ab	0.81±0.58a	14.00±4.77ab

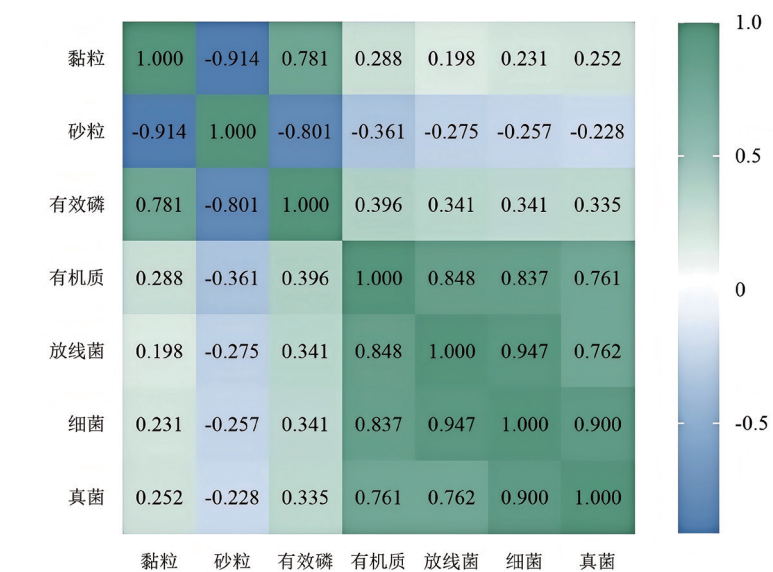


图 3 土壤指标间相关性分析
Fig.3 Correlation analysis among soil indicators

最后根据公式计算土壤质量指数值，结果表明 SQI-T 值在 0.41~0.72 变化，基于最小数据集的土壤质量指数（SQI-M）值在 0.20~0.81 变化（图 4）。除采样点 1、3、4 外，SQI-T 值均高于 SQI-M 值，且两者变化趋势高度一致。线性拟合分析显示（图 5），SQI-T 值与 SQI-M 值呈显著正相关（ $R^2=0.884\ 2$ ， $P < 0.01$ ），这说明 MDS 可有效代替 TDS 反映土壤质量。

2.3 微生物修正的 SQI 评价
土壤质量指数结果表明（图 6），1 号样地 SQI-M 值显

表 4 土壤指标分组贡献率
Tab.4 Group contribution rates of soil indicators

指标类型	独立解释 变异 /%	共同解释 变异 /%	总贡献率 /%
微生物指标（细菌 + 放线菌 + 真菌）	19.47	41.90	61.37
理化指标（有机质 + 砂粒 + 全盐量）	22.31	41.90	64.21
累计解释变异	41.78	41.90	83.68

注：层次分割法基于 PCA 载荷矩阵计算，独立解释变异为排除其他变量影响后的净贡献，共同解释变异为指标组间的交互效应。

表 5 土壤指标载荷与权重
Tab.5 Loadings and weights of soil indicators

土壤 指标	载荷系数			Norm 值	组 别	TDS		MDS	
	PC1	PC2	PC3			公因子 方差	权重	公因子 方差	权重 W_i
黏粒	0.581	-0.72	-0.103	1.88	1	0.867	8.61%	-	-
粉粒	0.633	-0.697	-0.109	1.96	1	0.899	8.92%	-	-
砂粒	-0.645	0.74	0.112	2.03	2	0.975	9.24%	0.461	12.81%
含水量	0.765	0.031	-0.01	1.92	1	0.586	6.21%	-	-
有效磷	0.667	-0.586	0.029	1.93	2	0.79	8.36%	-	-
pH	-0.608	-0.271	-0.201	1.60	1	0.484	6.82%	-	-
全氮	0.876	0.379	0.115	2.29	1	0.924	9.21%	-	-
全盐量	0.319	-0.152	0.91	1.25	3	0.953	6.20%	0.766	12.67%
有机质	0.895	0.287	0.132	2.30	1	0.9	8.94%	0.890	18.24%
放线菌	0.864	0.403	-0.112	2.27	1	0.921	9.22%	0.898	18.34%
细菌	0.857	0.419	-0.207	2.27	1	0.952	9.56%	0.976	19.58%
真菌	0.774	0.378	-0.218	2.05	1	0.789	8.73%	0.845	18.35%

注：第 1 个主成分特征值为 6.303，贡献率为 52.52%；第 2 个主成分特征值为 2.701，贡献率为 22.51%；第 3 个主成分特征值为 1.038，贡献率为 8.65%，累计贡献率为 83.68%。公因子方差权重用于计算 SQI 值，反映指标在构建综合指数时的客观贡献率，总和为 100%。

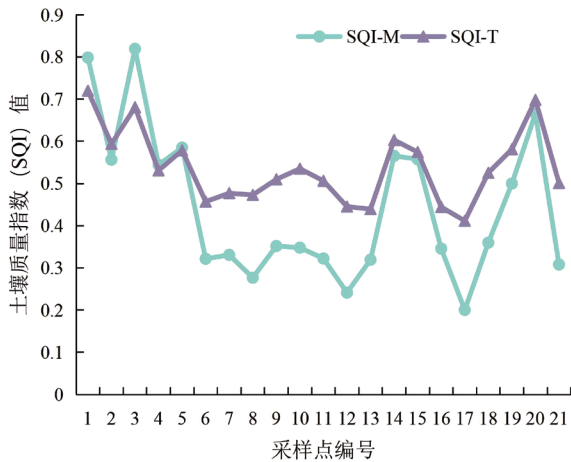


图 4 基于最小数据集的 SQI 值变化趋势

Fig.4 Trend of SQI values based on the minimum dataset

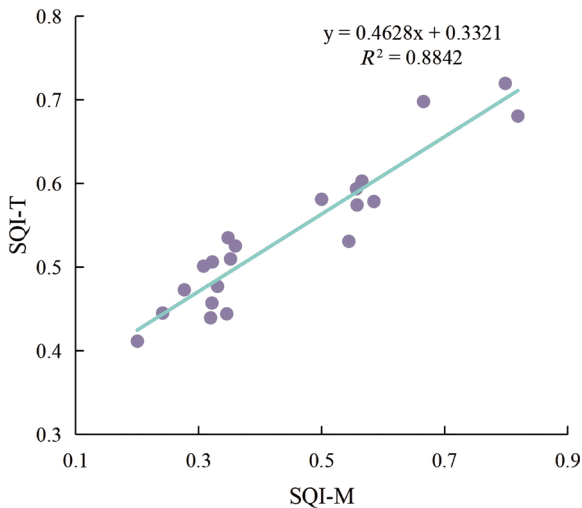
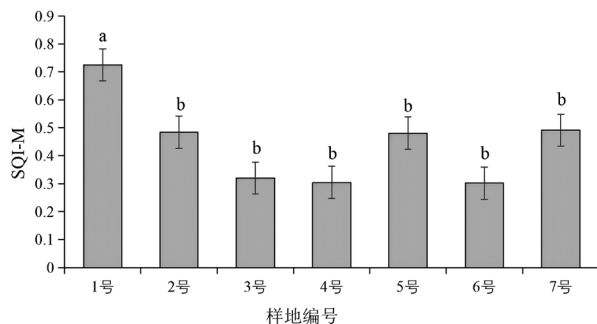


图 5 SQI-M 值与 SQI-T 值的线性回归分析

Fig.5 Linear regression analysis of SQI-M and SQI-T values



注：小写字母表示 SQI 在 7 个样地的显著性关系。

图 6 7 个样地的土壤质量指数结果

Fig.6 Results of soil quality index for 7 plots

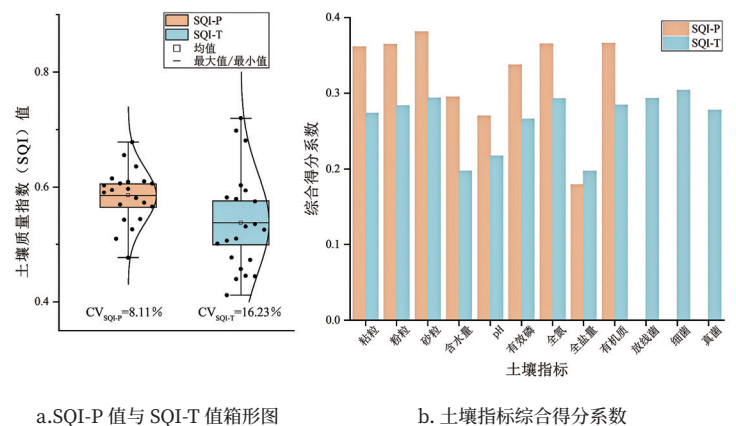
著高于 2~7 号样地 ($F=4.62$, $P<0.05$)，按数值排序从大到小依次为 1 号、7 号、2 号、5 号、3 号、4 号、6 号。

研究基于主成分分析优化权重并计算公因子方差，计算得出 SQI-P 值和 SQI-T 值。SQI-T 值为中等变异 ($CV=16.23\%$)，呈左偏分布且低峰态 (峰度为 0.68)，对低值异常点敏感。SQI-P 值为弱变异 ($CV=8.11\%$)，呈右偏分布且尖峰态，表明样本值大量集中分布于高值端，削弱了其对于潜在土壤退化风险的识别能力 (图 7-a)。此外，独立样本 t 检验显示两者差异显著 ($t=-2.20$, $P<0.05$)，表明微生物指标显著修正了评价结果。研究基于 PCA 提取的综合得分系数^①，结合质量等级划分阈值^[47]，将排名前 25% 的指标划定为优质指标，排名 26%~75% 划定为中等指标，排名后 25% 划定为低劣指标。结果表明，SQI-T 对 50% 的样点进行了降级修正，并评定细菌、放线菌和砂粒为优质指标 (图 7-b)。

3 讨论

3.1 工程改造对土壤质量的短期效应机制

研究结果显示，未改造的 1 号样地 SQI-M 值 (0.72) 显著高于所有改造样地 ($P<0.05$)，说明工程改造在短期内对土壤质量具有负效应，但其因果链需长期观测与对照实验进一步验证。该结果与土壤指标变化一致：1 号样地土壤的有效磷、有机质、全氮和细菌 PLFAs 含量均显著高于其他样地 ($P<0.05$)。生石灰清塘引发的碱性胁迫与离子失衡是抑制微生物活性的核心因素。相关性分析显示，土壤 pH 与细菌 ($r=-0.535$, $P<0.05$)、放线菌 ($r=-0.628$, $P<0.01$) 均呈显著负相关。据此推测，工程改造可能通过以下途径影响土壤生态系统：一是离子拮抗效应，以高浓度



a. SQI-P 值与 SQI-T 值箱形图

b. 土壤指标综合得分系数

图 7 土壤质量指数统计特征及指标重要性评价

Fig.7 Statistical characteristics of soil quality index and evaluation of indicator importance

① 综合得分系数的计算公式为：累积 (线性组合系数*方差解释率) / 累积方差解释率。其中，线性组合系数矩阵公式为：loading 矩阵/Sqrt(eigen)，即载荷系数除以对应特征根的平方根。综合得分系数用于指标重要性排序和等级划分，系数越高表示该指标对 SQI 边际贡献越大^[45]。

Ca²⁺ 拮抗 K⁺、Mg²⁺、Fe²⁺ 等微量元素的有效性, 限制酶辅因子的合成; 二是细胞膜损伤, 持续的碱性胁迫会破坏细菌和放线菌的细胞膜稳定性, 改变其渗透压平衡, 这与李雪萍等^[48] 在高寒草甸退化研究中发现 pH 与微生物生物量负相关的结果一致。相比之下, 真菌因其细胞壁含几丁质和葡聚糖等厚壁结构, 具备更强的抗逆性而得以存活^[49~50], 故 1~7 号样地真菌数量无明显差异。

其次, 深耕措施通过物理-生物化学耦合过程导致碳氮流失。2~6 号样地土壤有机质含量显著低于 1 号样地 ($F=3.56$, $P<0.05$), 其机制不仅限于表层有机质的稀释。深耕破坏了由黏粒、有机-矿物复合体和多糖胶粘物形成的稳定大团聚体, 使暴露的颗粒有机碳被快速矿化^[51~54], 且微团聚体对微生物衍生物的封闭作用减弱, 减少了持久性有机质的形成。与此同时, 土壤结构被破坏可能削弱了其持水能力, 加速可溶性有机碳和硝态氮的淋溶损失。研究中 1 号样地的土壤黏粒比例显著高于 3 号、4 号、6 号和 7 号 ($F=9.25$, $P<0.01$), 而黏粒含量与有机质呈正相关, 这与以往研究^[54~55] 一致。这可能是因为黏粒通过表面吸附和化学键合形成有机-矿物复合体, 构成长期固碳的关键基质。此外, 植被清除直接减少了植物源碳、氮的输入, 根际沉积物和菌根网络的丧失可能削弱了微生物与植物的协同作用, 降低了碳利用效率^[56~57]。

3.2 水文连通措施的协同修复机制

7 号样地采用了“涵管连通+生石灰清塘”模式, 其 SQI-M 值 (0.56) 高于 2~6 号样地, 展现出相对最优恢复潜力。尽管 7 号样地同样经历了生石灰清塘与 pH 升高, 但其细菌和放线菌生物量高于其他改造模式, 且土壤有机质含量与未改造的 1 号样地无显著差异。基于现有数据, 推测该模式的协同机制可能为外源碳源补偿与微生物种源补充: 涵管连通措施通过水体交换引入的悬浮物和生物残体在流速减缓后沉降^[58~59], 可能为微生物提供了额外碳源; 外部水源输入可能引入新的微生物种源, 部分缓解了生石灰对本地微生物群落的抑制效应。跟踪监测显示, 在 4 种改造措施下, 2~7 号样地的 SQI-M 值低于 1 号样地, 而“涵管连通+缓释石灰”模式的 SQI-M 值最高。该模式在缓解碱性胁迫、补偿碳源与补充种源方面可能具有相对协同优势, 使其成为改造样地中土壤质量恢复的最佳模式。

3.3 纳入微生物群落后土壤质量评价

研究表明, 基于全数据集与基于最小数据集的土壤质量指数呈线性相关 ($R^2=0.884$, $P<0.01$), 且两者曲线趋势高度一致, 与田英等^[10] 研究结论一致, 证实 MDS 可有效替代 TDS。在保障评价准确性的前提下, 研究将 12 项全指标简化为 6 项核心指标, 可降低土壤质量监测成本, 提高监测评价效率。

纳入微生物群落后, 土壤质量评价体系的敏感性和生态相关性有所提升。微生物群落是土壤生态系统的功能执行者, 其生物量与群落结构直接受 pH、盐度及碳源可利用性的调控, 且世代周期短、繁殖速率高, 能在环境扰动

后快速发生群落演替, 因而对土壤功能状态的指示具有即时性^[60]。研究发现, SQI-T 能有效识别土壤退化风险; 而 SQI-P 削弱了对潜在退化风险的识别能力。独立样本 t 检验显示两者差异显著 ($t=-2.20$, $P<0.05$), 表明微生物指标显著修正了评价结果。其次, 微生物群落在 MDS 中权重占比达 56.27%, 直接反映其在有机质分解、养分循环等关键生态功能的调控作用。受微生物功能影响, SQI-T 对 50% 的样点进行了降级修正, 证实 SQI-P 因忽略微生物介导的生物过程而系统性高估实际土壤功能^[61]。本研究计算的微生物群落权重高于黄土高原旱地研究^[12], 反映了红树林湿地微生物驱动碳氮循环的核心调控作用。

4 结论

研究以红树林湿地 7 块不同工程改造措施的样地为对象, 结合主成分分析法构建包含理化指标与微生物指标的全数据集及最小数据集, 并采用隶属度函数与线性评分函数分别对理化指标和微生物指标进行标准化, 进而计算土壤质量指数。结果表明, 纳入微生物群落特征的 SQI-M 兼具高效性与生态敏感性, 与 SQI-T 值呈显著正相关, 在精简监测指标的同时保证了评价精度。SQI-T 对空间异质性的敏感度较 SQI-P 提升, 有效修正了 50% 样点的功能高估偏差, 证实微生物群落是湿地土壤质量评价不可或缺的组分, 为红树林湿地长期监测提供了经济可行且生态敏感的技术方案。工程改造对红树林湿地土壤质量产生显著的负面效应, 4 种措施中“涵管连通+缓释石灰”模式 (7 号样地) 具有相对最优的恢复效果, 其协同机制有效降低了土壤盐渍化水平, 并通过引入外源有机质和微生物种源, 使有机质含量维持在对照样地水平; 同时缓解了碱性胁迫, 使得细菌生物量较其他改造样地有所提升, 为红树林湿地土壤质量恢复提供了可借鉴的改造模式。

研究系统量化了微生物指标在红树林湿地土壤质量评价体系中的客观权重, 突破了传统 SQI 体系仅依赖理化指标、微生物权重依赖主观经验的局限。通过构建整合微生物群落特征的 SQI-T 评价体系, 研究证实了微生物作为土壤功能关键调控者的地位。研究构建的 SQI-T 体系及 MDS, 可为红树林湿地修复工程的成效监测提供一种快速、敏感的评估工具, 具有实践应用价值。

研究也存在局限性。首先, 研究仅追踪了改造后 2 年的短期效应, 未能捕捉土壤质量随植被演替和时间推移的动态恢复轨迹, 也缺乏对改造措施长期稳定性的评估。其次, 涵管连通措施的协同效应机制是基于现有数据的推测, 尚缺乏水-土界面通量监测、水体悬浮物有机碳含量及微生物溯源分析等直接证据支撑。最后, 在指标层面, 研究主要采用 PLFAs 生物量指标, 未能区分不同微生物类群的功能活性差异, 也未涉及功能基因表达或土壤酶活性等过程性指标。

针对上述局限, 未来研究可从以下方面深化: 一是开展长期监测, 建立多时间序列数据库, 明确土壤质量从工程扰动到生态恢复的完整演替轨迹。二是结合 ¹³C-PLFA 标记技

术、宏基因组学和宏转录组学，量化关键功能菌群对碳氮循环的实际贡献率，将评价指标从生物量向功能通量推进。三是通过控制实验单独评估水文连通与缓释石灰的贡献率，解析水-土界面微生物群落组装过程与土壤质量的耦合机制，深化微生物群落特征在湿地生态修复中的应用价值。

致谢：特别感谢广东内伶仃福田国家级自然保护区管理局对本次实验工作的支持，感谢仲恺农业工程学院2022级风景园林的卢金翎和黄良煥2位同学在样品采集和实验数据处理分析上的帮助。

注：图片均由作者自绘。

参考文献：

- [1] 吴海轮, 周琳, 徐华林, 等. 粤港澳大湾区红树林湿地鸟类承载力评估与提升对策——以深圳湾福田红树林为例[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2020, 56 (6): 1056-1064.
- [2] FRIESS D A, ROGERS K, LOVELOCK C E, et al. The state of the world's mangrove forests: past, present, and future[J]. Annual Review of Environment and Resources, 2019, 44 (1): 89-115.
- [3] 罗忻武, 郑卫国, 李文凤, 等. 深圳福田红树林水鸟栖息地生态修复实践[J]. 亚热带水土保持, 2022, 34 (1): 46-50.
- [4] JIMENEZ L C Z, QUEIROZ H M, CHERUBIN M R, et al. Applying the soil management assessment framework (SMAF) to assess mangrove soil quality[J]. Sustainability, 2022, 14 (5): 3085.
- [5] BÜNEMANN E K, BONGIORNO G, BAI Z, et al. Soil quality: a critical review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 120: 105-125.
- [6] 任秀子, 王龙, 徐学选, 等. 兰州市北山削山造地的土壤质量变化评价[J]. 水土保持通报, 2023, 43 (4): 61-67.
- [7] RINOT O, LEVY G J, STEINBERGER Y, et al. Soil health assessment: a critical review of current methodologies and a proposed new approach[J]. Science of the Total Environment, 2019, 648: 1484-1491.
- [8] 任庆水. 三峡库区消落带不同人工植被土壤微生物群落多样性[D]. 重庆: 西南大学, 2018.
- [9] 李少坤, 王少军, 张志, 等. 赣州市南部地区土壤有害元素空间分布及健康风险评价[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39 (4): 673-682.
- [10] 田英, 许茜, 王娅丽, 等. 宁夏银川平原沙化土地不同人工林土壤质量评价[J]. 生态学报, 2023, 43 (4): 1515-1525.
- [11] 金慧芳, 史东梅, 陈正发, 等. 基于聚类及PCA分析的红壤坡耕地耕作土壤质量评价指标[J]. 农业工程学报, 2018, 34 (12): 155-164.
- [12] 王淑琴, 罗珠珠, 牛伊宁, 等. 基于最小数据集的黄土高原半干旱区苜蓿地土壤质量评价[J]. 中国草地学报, 2023, 45 (7): 81-90.
- [13] JIAO S, CHEN W, WANG J, et al. Soil microbiomes with distinct assemblies through vertical soil profiles drive the cycling of multiple nutrients in reforested ecosystems[J]. Microbiome, 2018, 6 (1): 146.
- [14] 张杰, 白雪源, 郝胜磊, 等. 考虑微生物要素的土壤质量综合评价——以北京市平谷区为例[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41 (3): 645-655.
- [15] 毛子龙, 杨小毛, 赵振业, 等. 深圳福田秋茄红树林生态系统碳循环的初步研究[J]. 生态环境学报, 2012, 21 (7): 1189-1199.
- [16] 中华人民共和国农业部. 土壤检测 第3部分: 土壤机械组成的测定: NY/T 1121.3—2006[S]. 北京: 中国标准出版社, 2006.
- [17] 邓绍欢, 曾令涛, 关强, 等. 基于最小数据集的南方地区冷浸田土壤质量评价[J]. 土壤学报, 2016, 53 (5): 1326-1333.
- [18] 赵金满, 韩馨悦, 程瑞明, 等. 塞罕坝自然保护区华北落叶松和樟子松人工林土壤质量评价[J]. 东北林业大学学报, 2023, 51 (7): 123-127, 168.
- [19] 李晓龙, 马军, 褚燕南, 等. 宁夏引黄灌区果园生草处理对土壤理化性质的影响[J]. 江苏农业学报, 2024, 40 (7): 1227-1233.
- [20] 中华人民共和国林业局. 森林土壤磷的测定: LY/T 1232—2015[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
- [21] MALIK A A, PUISSANT J, BUCKERIDGE K M, et al. Land use driven change in soil pH affects microbial carbon cycling processes[J]. Nature Communications, 2018, 9 (1): 3591.
- [22] SAMPEDRO L, JEANNOTTE R, WHALEN J K. Trophic transfer of fatty acids from gut microbiota to the earthworm *Lumbricus terrestris* L[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38 (8): 2188-2198.
- [23] ZAK D R, RINGELBERG D B, PREGITZER K S, et al. Soil microbial communities beneath *Populus grandidentata* grown under elevated atmospheric CO₂[J]. Ecological Applications, 1996, 6 (1): 257-262.
- [24] ZELLES L, BAI Q Y, RACKWITZ R, et al. Determination of phospholipid- and lipopolysaccharide-derived fatty acids as an estimate of microbial biomass and community structures in soils[J]. Biology and Fertility of Soils, 1995, 19 (2-3): 115-123.
- [25] FROSTEGÅRD Å, BÅÅTH E, TUNLIO A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25 (6): 723-730.
- [26] MARHAN S, KANDELER E, SCHEU S. Phospholipid fatty acid profiles and xylanase activity in particle size fractions of forest soil and casts of *Lumbricus terrestris* L. (Oligochaeta, Lumbricidae)[J]. Applied Soil Ecology, 2007, 35 (2): 412-422.
- [27] SAMPEDRO L, WHALEN J K. Changes in the fatty acid profiles through the digestive tract of the earthworm *Lumbricus terrestris* L[J]. Applied Soil Ecology, 2007, 35 (1): 226-236.
- [28] MALAL H, GARCIA J A, MARRS A, et al. Organic and inorganic fertilizers modulate the response of the soil microbiome to salinity stress[J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1551586.
- [29] SILES J A, GÓMEZ-PÉREZ R, VERA A, et al. A comparison among EL-FAME, PLFA, and quantitative PCR methods to detect changes in the abundance of soil bacteria and fungi[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 198: 109557.
- [30] JANSSON J K, HOFMOCKEL K S. Soil microbiomes and climate change[J]. Nature Reviews Microbiology, 2020, 18 (1): 35-46.
- [31] 刘鑫, 王一博, 杨文静. 青藏高原植被退化背景下土壤质量评价方法研究[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2020, 56 (2): 143-153.
- [32] 赵瑾, 鲁瑞洁, 马罗. 青藏高原不同土地利用方式下的土壤质量评价[J]. 地球环境学报, 2023, 14 (3): 339-351.
- [33] 李鹏, 齐实, 张林, 等. 北京山区不同植被恢复类型土壤质量综合评价[J]. 水土保持学报, 2024, 38 (1): 337-346, 356.
- [34] ANDREWS S S, KARLEN D L, CAMBARDELLA C A. The soil management assessment framework: a quantitative soil quality evaluation method[J]. Soil Science Society of America Journal, 2004, 68 (6): 1945-1962.
- [35] 张子琦, 焦菊英, 陈同德, 等. 拉萨河流域中下游洪积扇土壤

养分评价[J]. 植物营养与肥料学报, 2022, 28 (11): 2082-2096.

[36] 陈正发, 史东梅, 何伟, 等. 基于“要素-需求-调控”的云南坡耕地质量评价[J]. 农业工程学报, 2020, 36 (12): 236-246.

[37] 赵瑞, 吴克宁, 刘亚男, 等. 基于生态系统服务功能视角的县域尺度土壤健康评价[J]. 土壤通报, 2020, 51 (2): 269-279.

[38] 董茜, 王根柱, 庞丹波, 等. 喀斯特区不同植被恢复措施土壤质量评价[J]. 林业科学研究, 2022, 35 (3): 169-178.

[39] 张文学, 王少先, 刘增兵, 等. 基于土壤肥力质量综合指数评价化肥与有机肥配施对红壤稻田肥力的提升作用[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27 (5): 777-790.

[40] 林圣玉, 李英, 张华明, 等. 鄱阳湖区坡耕地土壤肥力质量评价[J]. 中国水土保持, 2018 (11): 60-63, 67.

[41] ANDREWS S S, KARLEN D L, MITCHELL J P. A comparison of soil quality indexing methods for vegetable production systems in Northern California[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2002, 90 (1): 25-45.

[42] ROMANIUK R, GIUFFRÉ L, COSTANTINI A, et al. A comparison of indexing methods to evaluate quality of soils: the role of soil microbiological properties[J]. Soil Research, 2012, 49 (8): 733-741.

[43] 朱海燕. 《土壤学与生活(原书第14版)》评介[J]. 地理学报, 2020, 75 (3): 663.

[44] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究10年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, 28 (10): 1087-1105.

[45] MAC NALLY R. Regression and model-building in conservation biology, biogeography and ecology: the distinction between-and reconciliation of- 'predictive' and 'explanatory' models[J]. Biodiversity and Conservation, 2000, 9 (5): 655-671.

[46] BREJDA J J, MOORMAN T B, KARLEN D L, et al. Identification of regional soil quality factors and indicators: I. Central and Southern High Plains[J]. Soil Science Society of America Journal, 2000, 64 (6): 2115-2124.

[47] RAIESI F. A minimum data set and soil quality index to quantify the effect of land use conversion on soil quality and degradation in native rangelands of upland arid and semiarid regions[J]. Ecological Indicators, 2017, 75: 307-320.

[48] 李雪萍, 许世洋, 李敏权, 等. 甘南州不同退化程度高寒草甸植被及土壤特性的演化规律[J]. 生态学报, 2022, 42 (18): 7541-7552.

[49] 王晨宇, 周楚源, 何堤, 等. 多聚磷酸盐在微生物抗环境胁迫中的作用及机制[J]. 生物技术通报, 2023, 39 (11): 168-181.

[50] 王立夫, 赵淑雯, 李彬彬, 等. 不同阴离子钠盐对土壤Cd形态与微生物群落的影响[J]. 中国环境科学, 2021, 41 (9): 4221-4230.

[51] 秦娟, 唐心红, 杨雪梅. 马尾松不同林型对土壤理化性质的影响[J]. 生态环境学报, 2013, 22 (4): 598-604.

[52] 高瑞敏, 严君, 韩晓增, 等. 白浆土肥沃耕层构建效应 I: 不同有机物料深混对白浆土有机质在表层土壤中再分布的影响[J]. 应用生态学报, 2024, 35 (6): 1590-1598.

[53] 舒新兴. 土壤团粒结构形成机制及其稳定性影响因素研究[J]. 景德镇学院学报, 2022, 37 (6): 46-49.

[54] 武海鹏. 生态环境修复及江湖关系改变对洞庭湖湿地土壤微生物的影响[D]. 长沙: 湖南大学, 2016.

[55] 孙清凡, 钱海燕, 陈莎莎, 等. 鄱阳湖洲头湿地土壤粒度组成及其对有机碳的影响[J]. 华中农业大学学报, 2023, 42 (1): 197-204.

[56] 陈天, 程瑞梅, 沈雅飞, 等. 氮添加对三峡库区马尾松人工林土壤团聚体有机氮组分和氮矿化的影响[J]. 应用生态学报, 2023, 34 (10): 2601-2609.

[57] 余涵霞, 王家宜, 万方浩, 等. 植物凋落物影响土壤有机质分解的研究进展[J]. 生物安全学报, 2018, 27 (2): 88-94.

[58] CHE Y, HE Q, LIN W Q. The distributions of particulate heavy metals and its indication to the transfer of sediments in the Changjiang Estuary and Hangzhou Bay, China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2003, 46 (1): 123-131.

[59] 李洪波, 邵魁双, 李洪波, 等. 海洋聚合体的研究现状[J]. 海洋环境科学, 2011, 30 (6): 886-890.

[60] 贺纪正, 王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征[J]. 生态学报, 2015, 35 (20): 6575-6583.

[61] WAGG C, BENDER S F, WIDMER F, et al. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, 111 (14): 5266-5270.

作者简介:

陈启耿/1998年生/男/广东汕头人/仲恺农业工程学院园艺园林学院(广州510225)/在读硕士研究生/专业方向为森林土壤碳循环

徐周鑫楠/2000年生/女/贵州六盘水人/仲恺农业工程学院园艺园林学院(广州510225)/在读硕士研究生/专业方向为森林土壤碳循环

叶潇/1992年生/女/湖北十堰人/硕士/广东内伶仃福田国家级自然保护区(深圳518040)/工程师/专业方向为红树林湿地生态学

杨琼/1977年生/女/湖北宜昌人/博士/广东内伶仃福田国家级自然保护区(深圳518040)/教授级高级工程师/研究方向为红树林湿地生态学

王敏(*通信作者)/1989年生/女/湖北天门人/博士/仲恺农业工程学院园艺园林学院(广州510225)/讲师/研究方向为城市绿地及森林土壤碳循环/E-mail: wangmin89@126.com