

大兴安岭森林沼泽类型与火干扰对土壤微生物群落影响

林英华¹, 卢萍¹, 赵鲁安², 谭飞³, 徐演鹏¹, 贾旭东¹,
李慧仁⁴, 刘学爽⁴, 韦昌雷⁴, 王立中⁴

(1. 中国林业科学研究院湿地研究所, 北京 100091; 2. 黑龙江省林业监测规划院, 黑龙江 哈尔滨 150080;

3. 广西九万山国家级自然保护区, 广西 柳州 545300; 4. 大兴安岭林业集团公司农林科学研究院, 黑龙江 加格达奇 165000)

摘要: [目的] 研究森林沼泽演替与火干扰条件下土壤微生物结构与多样性变化, 为进一步揭示土壤微生物群落在森林沼泽保护与恢复中的作用提供依据。[方法] 采用磷脂脂肪酸法与 BIOLOG 方法, 研究大兴安岭南瓮河国家自然保护区内主要森林沼泽类型(兴安落叶松-狭叶杜香-藓类沼泽、兴安落叶松-兴安杜鹃-藓类沼泽、兴安落叶松+白桦-苔草沼泽)与 2006 年受不同火强度干扰沼泽(重度火烧的兴安落叶松-兴安杜鹃-藓类沼泽和中度火烧的兴安落叶松+白桦-苔草沼泽)土壤微生物群落特征, 探讨沼泽主要发育阶段与火干扰强度对土壤微生物群落的影响。[结果] 研究区域土壤微生物群落以 16:00(16.29 ± 5.62 nmol · g⁻¹)、甲烷氧化菌(18:1ω8t)(9.89 ± 8.61 nmol · g⁻¹)与 16:1ω7c(9.79 ± 3.24 nmol · g⁻¹)的微生物为优势种群。土壤微生物总 PLFAs 含量、革兰氏阳性菌(G⁺)中 a15:0、i16:0、i17:0、革兰氏阴性菌(G⁻)中的 cy19:0、真菌中的 18:2ω6c、甲烷氧化菌(18:1ω8t)与森林沼泽发育阶段、火干扰明显相关($p < 0.05$)。一般饱和和直链脂肪酸/单烯饱和和脂肪酸比(Sat/Mon)偏低, 其比值随沼泽发育呈现增加趋势, 受到火干扰后明显增加($p < 0.05$); 真菌/细菌比(F/B)与革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌(G⁺/G⁻)未随着沼泽发育呈现出规律性变化, 其比值受火干扰后明显发生改变($p < 0.05$)。土壤细菌与真菌对 6 类碳源的利用能力明显不同($p < 0.001$), 其中土壤细菌对 α -D-Lactose 与 L-Threonine 利用存在差异性($F_{\alpha\text{-D-Lactose}} = 2.87$, $p = 0.080$, $F_{\text{L-Threonine}} = 3.00$, $p = 0.078$), 土壤真菌对 D-Mannitol、D-glucosaminic Acid 利用存在差异性($F_{\text{Tween 80}} = 2.75$, $p = 0.088$, $F_{\text{D-Mannitol}} = 3.53$, $p = 0.047$, $F_{\text{D-glucosaminic Acid}} = 4.67$, $p = 0.022$), 但沼泽类型与火干扰未对土壤微生物功能多样性产生影响($p > 0.05$)。[结论] 土壤微生物量与沼泽发育阶段相关; 沼泽发育与火干扰改变土壤微生物群落结构。土壤细菌与真菌对碳源利用方面具有选择性。

关键词: 磷脂脂肪酸法(PLFAs); BIOLOG 生态板; 土壤微生物群落水平生理图谱; 土壤性质; 典型判别分析
中图分类号: S714.3 文献标识码: A

The Effect of Forest Marsh and Fire Disturbance on Soil Microbial in Greater Xing'an Mountain

LIN Yin-hua¹, LU Ping¹, ZHAO Lu-an², TAN Fei³, XU Yan-peng¹, JIA Xu-dong¹, LI Hui-ren⁴,
LIU Xue-shuang⁴, WEI Chang-lei⁴, WANG Li-zhong⁴

(1. Institute of Wetland Research, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091; 2. Institute of Heilongjiang Provincial Monitoring and Planning of Forestry, Harbin 154080, Heilongjiang; 3 The Administration Bureau of Jiawan Mountain National Natural Reserve,

Liuzhou 545300, Guangxi; 4. Research Institute of Agriculture and Forestry, Greater xing'an Forestry Group, Jiagedaqi 165000, Heilongjiang)

Abstract: [Objective] The aim of this paper was studied the characteristic of soil microbiological community and its diversity at forest marsh development and fire disturbance, to understand the role of soil microbial community in the

收稿日期: 2015-06-03

基金项目: 科技部(林业)公益性行业科研专项(编号:201004074), 国家自然科学基金项目(31372184)资助。

作者简介: 林英华(1966—), 副研究员, 主要从事土壤动物生态学及其相关研究。E-mail: linyinghua@263.net.

forest marsh conservation and restoration. [**Methods**] We used phospholipid fatty acids (PLFAs) to portrait the community composition and community level physiological profiles (CLPP) to describe the functional diversity of the microbial community. [**Results**] Total of 5 types of marsh were chosen in Natural reserve area of Nanwenhe in Greater xing'an Mountain, which included xing'an Larch-Ledum palustre-moss marsh, xing'an Larch-xing'an azalea-moss marsh, xing'an Larch-birch-carex marsh, and Larch-xing'an azalea-moss marsh by severe fire disturbance, xing'an Larch-birch-carex marsh by mild fire disturbance at 2006. It was found that the PLFAs of 16:00 ($16.29 \pm 5.62 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$), 18:1 ω 8t ($9.89 \pm 8.61 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$) and 16:1 ω 7c ($9.79 \pm 3.24 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$) were dominance in microbial community, and the dominant species contributed significantly to variations in soil microbial biomass, especially Gram positive bacteria (cy19:0), Fungi(18:2 ω 6c) and Methane oxidizing bacteria(18:1 ω 8t). The rate of normal saturated fatty acid and monounsaturated fatty acid increased, and significantly increased after the interference of fire ($p < 0.05$); however, the ratio of fungi to bacteria, the rate of Gram positive bacteria and Gram negative bacteria had not changed regularly, while obviously changed after the fire disturbance. In this study, the substrate utilization pattern was significantly different between soil bacteria and soil fungi ($p < 0.001$), of which both α -D-Lactose and L-Threonine was difference by utilization of soil bacteria ($F_{\alpha\text{-D-Lactose}} = 2.87$ $p = 0.080$, $F_{\text{L-Threonine}} = 3.00$ $p = 0.078$), and all of Tween 80, D-Mannitol, D-glucosaminic Acid were significantly difference by utilization of soil fungi ($F_{\text{Tween 80}} = 2.75$ $p = 0.088$, $F_{\text{D-Mannitol}} = 3.53$ $p = 0.047$, $F_{\text{D-glucosaminic Acid}} = 4.67$ $p = 0.022$), but the functional diversity of microbial community had not been effected by both the type of marsh and fire disturbance. [**Conclusion**] soil microbial biomass was correlated with the development stage of the marsh, and the soil microbial community structure was changed with the development stage of the marsh and fire disturbance. Soil bacteria and fungi were selective in the use of carbon resource.

Key words: PLFA profiles, BIOLOG Eco-Plate; community level physiological profiling; soil property; discriminant function analysis

土壤微生物是地下生态系统的重要组成部分,在地上生物生长和土壤中有有效养分的转换过程中发挥着重要作用^[1]。土壤微生物群落变化主要受包括地上植物与土壤因子在内的生物因子与非生物因子影响^[2-3];部分土壤微生物群落的结构和功能主要和土壤有机质的质量有关,土壤中的可利用养分,如土壤 C/N、土壤有效氮通常被认为土壤微生物结构的主要决定因素^[4-5],但其潜在的机理尚未十分清楚^[6]。近年研究发现,土壤微生物多样性是判断当前陆地生态系统环境变化和未来生态系统演变的关键^[7],但其群落变化与地上植被及土壤主要性质的变化并不一致。Tschierko 等认为,土壤微生物群落结构仅与植被演替末期相关,土壤微生物群落组成随着植被盖度、生活型以及土壤有机质含量而改变^[8];Andersen 等则认为,土壤微生物群落结构仅与植被演替初期相关,pH 值与某些特定的植物,如苔藓、灌木是土壤微生物群落结构变化的驱动力^[9];外界人为干扰,如火干扰短期可引起土壤微生物急剧增加,但不同群落对火的干扰响应不一致^[10],也有研究显示对土壤微生物群落的影响较小^[11],这显示

地上植被演替与火干扰过程中,土壤微生物群落结构变化的决定因素等没有一致性的结论。

大兴安岭是我国最大的森林沼泽分布区,也是我国寒温带沼泽发育较为典型、类型较为齐全的地区。自然与人为因素干扰导致的土壤生物多样性下降,对大兴安岭生态系统的功能直接影响,已引起了学者的关注。但受各种因素限制,大兴安岭土壤微生物研究多集中在火干扰后土壤微生物群落特征与微生物功能多样性研究^[12-13]。

本研究以大兴安岭东部-黑龙江南瓮河国家自然保护区为研究区域,选择其未受到干扰的典型森林沼泽发育类型,即贫营养沼泽(兴安落叶松-狭叶杜香)、中营养沼泽(兴安落叶松-兴安杜鹃)和富营养沼泽(兴安落叶松+白桦),以及研究区内 2006 年受不同程度火干扰的森林沼泽,即重度火干扰的中营养沼泽和中度火干扰的富营养沼泽类型,分析典型森林沼泽演替与不同强度火干扰后土壤表层土壤微生物群落结构与微生物生理功能群变化,探讨地表土壤微生物群落结构与功能对植被演替过程和火干扰的响应,为进一步揭示认识森林沼泽土壤微

生物群落生态学功能提供依据。

1 研究区域与研究方法

1.1 研究区域概况与样品采集

试验地点位于黑龙江南瓮河国家级自然保护区内,125°07'55"~125°50'05" E,51°05'07"~51°39'24" N。南瓮河位于大兴安岭支脉伊勒呼里山的南麓,为嫩江源头,属低山丘陵地貌,海拔500~800 m。气候属寒温带大陆性季风气候,夏季温暖而短暂,冬季严寒且时期长。年平均气温-3.0℃。年平均温度 $\geq 10^\circ\text{C}$ 积温1400~1600℃,年降水量在500 mm左右,80%以上集中在7—8月份。积雪时间200 d以上,积雪深达30~40 cm。全年无霜期90~100 d。地带性土壤为棕色针叶林土。地带性植被是寒温带针叶林,树种组成以兴安落叶松(*Larix gmelinii*)为单种优势种。

研究选取保护区内未受到干扰的典型森林沼泽发育类型,即广泛分布于大兴安岭的兴安落叶松沼

泽中的兴安落叶松-狭叶杜香-藓类沼泽(A,简称落叶松-杜香)、兴安落叶松-兴安杜鹃-藓类沼泽(B,简称落叶松-杜鹃)、兴安落叶松+白桦-苔草沼泽(C,简称落叶松+白桦),同时选取研究区域内2006年经过重度火烧落叶松-兴安杜鹃(D)和中度火烧后落叶松+白桦(E)两种典型干扰类型^[14],共计5种类型(表1)。

2012年8月下旬,每种类型选择地形条件基本一致、林龄基本一致的样地3块,即设置3块重复样地,大小为30×30 m。每个样地均匀布设4个点,将地表凋落物层与泥炭层移出后,土钻法采集0~20 cm土壤样品3个,混合均匀后装入自封袋,带回实验室;将土壤样品经20目土壤筛将植物残体剔除后分3部分,分别放置4℃保存用以测定土壤微生物代谢多样性、-80℃冰箱保存用以土壤微生物群落结构分析以及室内进行风干用以常规方法测定土壤主要性质(表2)。

表1 样地基本情况

项目	A	B	C	D	E
位置	125°08'44" E 51°7'18" N	125°8'11" E 51°7'16" N	125°8'6" E 51°7'16" N	125°12'10" E 51°9'27" N	125°12'11" E 51°9'58" N
坡度/坡向	北坡2°	东坡5°	东南坡8°	东北坡5°	东坡1°
森林沼泽类型	兴安落叶松-狭叶 杜香-藓类沼泽	兴安落叶松-兴安 杜鹃-藓类沼泽	兴安落叶松-白桦- 苔草沼泽	兴安落叶松-兴安 杜鹃-藓类沼泽	兴安落叶松- 白桦-苔草沼泽
营养类型	贫营养(高位)	中营养(中位)	富营养(低位)	中营养(中位) 重度火干扰	富营养(低位) 中度火干扰
海拔/m	463.0	478.0	497.0	465.0	451.0
郁闭度/%	0.50	0.10	0.70	0.80	0.70
泥炭层平均厚度/cm	3.8±2.4	3.1±0.9	3.5±1.6	3.5±2.5	3.4±1.4
凋落层平均厚度/cm	3.4±0.7	3.4±1.0	3.1±0.6	2.1±0.5	2.7±0.7

表2 研究区域土壤主要性质

项目	A	B	C	D	E	ANOVA	
						F	P
土壤有机碳/(g·kg ⁻¹)	24.43±10.76 ^a	24.50±5.60 ^a	65.80±44.50 ^b	67.33±10.76 ^b	24.33±0.76 ^a	3.56	0.05
土壤全氮/(g·kg ⁻¹)	1.60±0.62 ^a	1.47±0.21 ^a	3.97±2.80 ^{ab}	6.40±1.25 ^b	1.50±0.10 ^a	7.25	0.01
土壤全磷/(g·kg ⁻¹)	0.70±0.30 ^a	0.63±0.15 ^a	1.00±0.76 ^a	2.00±0.56 ^b	1.50±0.10 ^{ab}	4.99	0.02
电导率/(S·cm ⁻¹)	18.74±3.29 ^a	20.40±2.54 ^a	28.63±6.93 ^{bd}	33.09±1.16 ^b	20.65±1.14 ^{ad}	5.72	0.01
pH(1:2.5H ₂ O)	4.34±0.47 ^a	4.51±0.44 ^a	3.86±0.34 ^{ab}	4.19±0.34 ^a	4.84±0.22 ^{ad}	2.90	0.08
土壤含水量/%	53.42±12.61	51.95±9.04	43.05±12.83	44.46±14.19	58.97±12.11	0.854	0.52

注:同一行不同字母代表植被类型间差异显著,相同字母代表差异不显著。

1.2 土壤微生物群落结构

土壤微生物群落结构采用磷脂脂肪酸法(PL-FAs)进行测定与分析^[15],单种磷脂脂肪酸的丰度采用nmol·g⁻¹干土进行描述,其中真菌用18:2 ω 6c、18:1 ω 9c表征;革兰氏阳性细菌采用i14:0、i15:0、

a15:0、i16:0、i17:0表征、革兰氏阴性菌采用cy17:0、cy19:0、18:1 ω 5c、16:1 ω 7c表征,其他磷脂脂肪酸14:00、15:00、16:00、18:00、i15:1G、16:1 ω 9c也可用于表征细菌;甲烷氧化菌用18:1 ω 8t表征,菌根菌(AMF)用16:1 ω 5c表征。一般饱和脂肪酸(normal

saturated fatty acid, SAT) 以 14:0、15:0、16:0 表征; 单烯不饱和脂肪酸 (monounsaturated fatty acid, MONO) 以 16:1 ω 9、18:1 ω 12、cy17:0、i17:1 ω 11 表征; 此外, 其他磷脂脂肪酸百分比浓度在 1.0% 以上的 i16:1 G、i17:1G、a17:0、16:12OH、a18:1 ω 9t、a19:1 (w8?)、Cy 19:0 2OH 也用于分析土壤微生物结构^[16]。土壤微生物量以各 PLFA 含量之和表征^[17]。

1.3 土壤微生物群落水平生理图谱

BIOLOG ECO Plate 测定土壤微生物群落水平生理图谱 (community level physiological profiling, CLPP)。称取 10 g 鲜土壤样品, 加入 90 mL 无菌的 0.145 mol · L⁻¹ NaCl 溶液, 摇床上震荡 30 min; 将土壤样品稀释 10⁻³, 并接种到 BIOLOG ECO Plate, 每孔 150 μ L。将接种好的 BIOLOG ECO Plate 在 25 $^{\circ}$ C 的恒温培养箱内培养 240 h, 第一次 4 h 后用 BIOLOG 读数仪 (BIOLOG, Inc., Hayward, CA) 读数作为设为初始值, 之后每隔 24 h 在 590 nm 和 750 nm 下读取吸光值。平均每孔颜色变化率 (average well color development, AWCD) 依据 $AWCD_{(590-750)} = \frac{\sum C_{(590-750)}}{31}$ 计算, 式中 C_i 为 BIOLOG ECO 板各反应孔在相应波长下的 OD 值 (OD); 31 为 BIOLOG ECO 板上供试碳源的种类数。

采用培养 48 h 和 168 h OD 值表征 BIOLOG ECO Plate 中细菌与真菌代谢功能多样性特征, 并利用丰富度指数 (Richness), 即被利用碳源的总数目, 以及 Shannon-Wiener 指数 (H') 计算其多样性, 其公式 $H' = -\sum_{i=1}^n p_i \times \ln(p_i)$, 其中 p_i 为有培养基的孔与对照孔的光密度值差与整板总差的比值; n_i 是第 i 孔的相对吸光值, N 是相对吸光值总和^[18]。

1.4 数据分析

为减少浓度过低的 PLFAs 对土壤微生物群落的影响, 研究将土壤中含量小于 1.0%、且出现在单一沼泽类型中的 PLFAs 剔除。单因素分析方法 (ANOVA) 确定不同沼泽类型间土壤微生物群落差异显著, LSD 检验法对不同植被类型土壤微生物群落多样性间显著性进行多重比较。典型判别分析方法分析沼泽不同发育阶段与火干扰后土壤微生物群落间的差异, 标准化统计量 Wilk's λ 检验判别分析函数的显著性; 标准化判别函数得分确定土壤微生物群落的作用; Bayes 判别函数验证典型判别分析结果的正确率。以上分析通过 SPSS 13.0 统计软件

完成。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物群落特征

研究时段, 共获得丰度大于 1.0%、且出现在两种沼泽类型及以上的土壤微生物共 24 类, 其生物量相对较高的土壤微生物是 16:00 (16.29 \pm 5.62 nmol · g⁻¹)、18:1 ω 8t (9.89 \pm 8.61 nmol · g⁻¹) 与 16:1 ω 7c (9.79 \pm 3.24 nmol · g⁻¹), 生物量相对较低土壤微生物的是 Cy 19:0 2OH (1.35 \pm 0.49 nmol · g⁻¹)、14:00 (1.31 \pm 0.46 nmol · g⁻¹)、16:1w9c (1.27 \pm 0.66 nmol · g⁻¹); 这些土壤微生物中, a15:0、i16:0、i17:0、cy19:0、18:2 ω 6c、18:1 ω 8t、18:00、a17:0、16:12OH、a18:1w9t 与 a19:1 (w8?) 的生物量均受沼泽类型、火干扰强度影响显著 ($p < 0.05$) (表 3)。

整体而言, 土壤微生物量随沼泽发育呈现规律性变化, 火干扰导致同一沼泽类型土壤微生物量发生改变, 其变化趋势为 C > B > A > D > E。处于不同发育阶段沼泽类型, 即类型 A 与类型 B、C 之间土壤微生物量存在显著差异性 ($p < 0.05$); 火干扰虽然改变了土壤微生物量, 但火强度对土壤微生物量影响不明显 ($p > 0.05$); 受中度火干扰的沼泽类型 E 土壤微生物量明显区别于其他类型沼泽 ($p < 0.05$)。分析发现, 革兰氏阳性菌生物量 (G^+)、革兰氏阴性菌生物量 (G^-)、真菌生物量 (F)、菌根菌生物量 (AMF) 以及其他细菌生物量受沼泽类型、火干扰影响不显著 ($p > 0.05$) (表 3)。

本研究中, 一般饱和直链脂肪酸/单烯饱和脂肪酸比 (Sat/Mon) 偏低, 其比值虽随着沼泽发育呈现出明显的增加趋势, 并受到火干扰后也呈明显增加 ($p < 0.05$); 真菌/细菌比 (F/B) 与革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 (G^+/G^-) 未随着沼泽的发育呈现出规律性变化, 受火干扰后同一沼泽类型中的 G^+/G^- 比值降低, F/B 比值升高, 但沼泽类型 C 中的 Sat/Mon 与 G^+/G^- 明显不同于其他沼泽类型, 沼泽类型 E 中 F/B 则明显与其它沼泽类型不同, 显示沼泽演替与火干扰导致土壤微生物结构组分的不同影响。

典型判别分析法对 5 种沼泽类型土壤微生物群落的分析显示, 土壤微生物群落出现明显的分离 (图 1a, Wilk's $\lambda = 0.0000$, $p = 0.0000$)。判别函数第一轴和第二轴分别解释了所有变量的 90.3% 和 7.9%, 作为表征土壤微生物结构总体变化中 9 类 PLFAs 被筛选出来 (图 1b)。判别函数第一轴主要

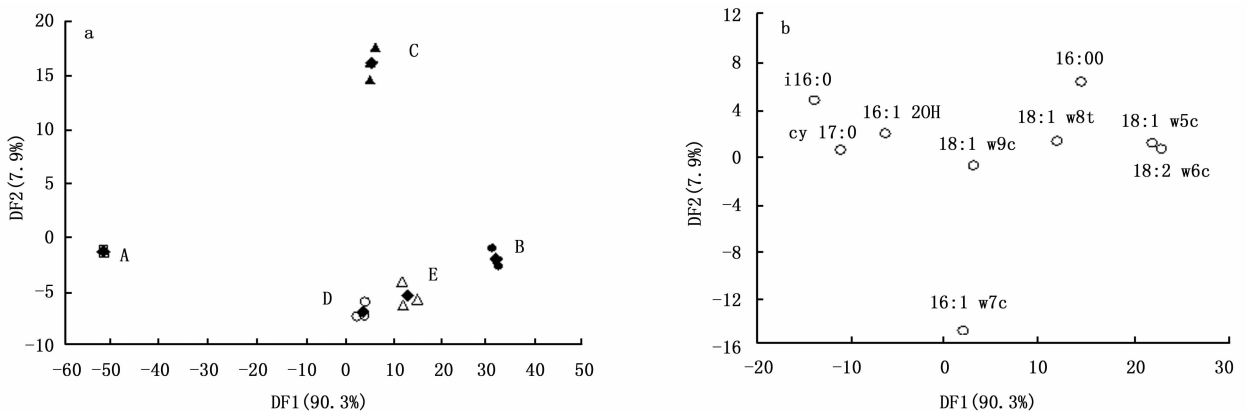
是把土壤微生物群落分开,尤其是沼泽类型 A 与沼泽类型 B 分开,并且沼泽类型 A 沿判别函数第一轴负方向转移,因而与第一判别函数轴 DF1 正向密切相关的沼泽 A 革兰氏阴性菌 18:1 ω 5c、真菌 18:2 ω 6c 生物量下降,但增加与第一判别函数轴 DF1 反向密切相关的沼泽类型 B 中的革兰氏阴性菌 cy17:0 生物量,其他土壤微生物类群,如 i16:0 生物量也

沿着第一轴出现分离,其生物量也出现下降(图 1b)。判别函数第二轴主要是把沼泽类型 C 与其他沼泽类型中土壤微生物群落分开,主要是沼泽类型 C 中土壤细菌 16:00 生物量偏高(表 3)。虽然判别分析并没有做出判断,但干扰导致土壤真菌(18:2 ω 6c、18:1 ω 9c)的生物量增加(表 3)。

表 3 沼泽地发育与火干扰类型土壤微生物群落组成

PLFA biomarkers		nmol · g ⁻¹				
		A	B	C	D	E
G ⁺ bacteriai	15:0	9.42 ± 6.37	10.36 ± 2.69	11.51 ± 2.03	8.77 ± 1.42	5.52 ± 1.51
	a15:0	7.54 ± 3.08 ^a	8.54 ± 1.91 ^a	15.28 ± 2.91 ^b	7.21 ± 2.71 ^b	5.68 ± 1.42 ^b
	i16:0	5.24 ± 2.58 ^a	4.35 ± 1.23 ^b	7.37 ± 1.37 ^a	3.82 ± 0.84 ^b	2.77 ± 0.97 ^b
	i17:0	2.05 ± 0.79 ^a	1.97 ± 0.49 ^a	2.99 ± 0.44 ^b	1.81 ± 0.39 ^a	1.32 ± 0.20 ^a
G ⁻ bacteria	16:1 ω 7c	10.62 ± 5.40	11.67 ± 3.45	10.35 ± 1.92	9.82 ± 2.07	6.49 ± 1.20
	cy17:0	4.03 ± 2.04	4.84 ± 1.25	5.53 ± 1.10	4.45 ± 1.13	2.94 ± 0.55
	18:1 ω 5c	1.52 ± 0.76	2.51 ± 0.87	2.15 ± 0.28	1.92 ± 0.75	0.91 ± 0.25
	cy19:0	5.32 ± 0.99 ^a	8.69 ± 0.74 ^b	8.50 ± 2.24 ^b	8.43 ± 1.62 ^b	5.02 ± 0.74 ^a
Other bacteria	14:00	1.59 ± 0.67	1.41 ± 0.33	1.57 ± 0.30	1.09 ± 0.32	0.90 ± 0.43
	16:00	17.85 ± 8.20	20.61 ± 6.07	18.00 ± 2.50	15.11 ± 3.14	9.86 ± 0.90
	18:00	2.93 ± 0.97 ^a	2.95 ± 0.82 ^a	3.49 ± 0.51 ^a	2.73 ± 0.40 ^a	1.51 ± 0.15 ^b
	i15:1G	2.27 ± 1.35	1.70 ± 0.83	1.94 ± 0.54	1.35 ± 1.11	1.04 ± 0.48
	16:1 ω 9c	1.45 ± 0.30	1.59 ± 1.14	1.72 ± 0.33	0.79 ± 0.53	0.83 ± 0.29
Fungi	18:2 ω 6c	1.19 ± 2.06 ^{ad}	2.04 ± 1.96 ^{ac}	4.77 ± 1.05 ^{bc}	2.42 ± 2.20 ^{ac}	6.44 ± 0.51 ^{bc}
	18:1 ω 9c	5.49 ± 4.78	1.75 ± 1.86	4.76 ± 2.73	5.11 ± 2.00	6.50 ± 0.47
菌根菌(AMF)	16:1 ω 5c	3.95 ± 2.56	4.93 ± 1.28	4.61 ± 0.62	5.15 ± 2.29	2.99 ± 0.29
甲烷氧化菌(MOB)	18:1 ω 8t	4.50 ± 7.80 ^a	15.95 ± 4.40 ^b	19.21 ± 4.77 ^b	9.55 ± 6.87 ^a	0.25 ± 0.22 ^a
Other PLFAs	i16:1G	2.59 ± 1.17	2.18 ± 0.66	3.22 ± 0.63	1.79 ± 0.28	1.42 ± 0.47
	i17:1G	10.15 ± 4.54	10.06 ± 2.82	13.81 ± 2.66	8.14 ± 2.92	5.90 ± 0.88
	a17:0	2.27 ± 1.01 ^{ac}	2.63 ± 0.67 ^{bc}	3.72 ± 0.59 ^{bc}	1.98 ± 0.79 ^{bc}	1.42 ± 0.22 ^{bc}
	16:12OH	2.52 ± 1.11 ^{ac}	1.77 ± 0.73 ^{ba}	3.62 ± 0.30 ^{ac}	1.22 ± 0.28 ^{bc}	0.93 ± 0.06 ^{bc}
	a18:1 ω 9t	2.23 ± 0.96 ^{ac}	1.43 ± 0.54 ^{ab}	2.27 ± 0.41 ^{ac}	1.12 ± 0.23 ^{bc}	0.65 ± 0.06 ^{bc}
	a19:1(ω 8?)	3.62 ± 1.55 ^{ac}	3.74 ± 1.00 ^{ab}	5.58 ± 0.85 ^{bc}	3.25 ± 0.81 ^{ac}	2.43 ± 0.65 ^{ac}
	Cy 19:0 2OH	1.19 ± 0.80	1.51 ± 0.73	1.33 ± 0.07	1.35 ± 0.26	1.37 ± 0.57
生物量(μ gg - 1 鲜土)		177.18 ± 60.74 ^{ab}	191.97 ± 34.82 ^{ad}	204.93 ± 23.84 ^{ad}	156.74 ± 22.19 ^{ab}	121.87 ± 18.7 ^{bc}
F/B		0.12 ± 0.11 ^b	0.06 ± 0.06 ^b	0.11 ± 0.04 ^b	0.12 ± 0.06 ^b	0.30 ± 0.04 ^a
G + /G -		1.11 ± 0.39 ^{bc}	0.91 ± 0.07 ^{ac}	1.39 ± 0.20 ^{bc}	0.88 ± 0.08 ^{ac}	0.99 ± 0.10 ^{ac}
Sat/Mon		0.49 ± 0.06 ^b	0.45 ± 0.02 ^b	0.31 ± 0.01 ^a	0.44 ± 0.05 ^b	0.45 ± 0.02 ^b

注:同一行不同字母代表植被类型间差异显著($p < 0.05$),相同字母代表差异不显著($p > 0.05$)。



图中字母代表沼泽类型

图 1(a)地表主要土壤微生物群落组成变化判别分析 (b)主要土壤微生物群落判别分析得分图

采用 Bayes 判别函数对土壤微生物群落各组分丰度分类进行预测的数据显示,5 种沼泽类型土壤微生物群落各组分丰度内验证错判率均为 0.0%,综合判别率 100.0%;经交叉验证后,五组沼泽类型地表土壤微生物群落的交互验证错判率分别为 33.3%、0.0%、33.3%、66.7% 和 33.3%,综合判别率是 73.3%,说明典型分析判别相对较高且稳定,但其中沼泽类型 D 判断准确率较低,因此判别分析对沼泽类型 D 不理想。

2.2 土壤微生物群落代谢功能多样性特征

按化学基团的性质将 BIOLOG ECO Plate 上的 31 种碳源划分为 6 类,即聚合物、胺类(胺/氨基化合物类)、氨基酸类、多糖类(醣类)、有机酸类(羧酸类)和其他类(双亲化合物类)(表 4)。虽然土壤细菌、真菌对这六类碳源利用受沼泽类型与干扰影响显著($F_{\text{细菌}} = 128.03, p = 0.000, F_{\text{真菌}} = 429.90, p = 0.000$),但在 31 中碳源中,土壤细菌仅对多糖类中的 α -D-Lactose 与氨基酸类中的 L-Threonine 的利用存在差异($F_{\alpha\text{-D-Lactose}} = 2.87, p = 0.080, F_{\text{L-Threonine}} = 3.00, p = 0.078$),土壤真菌则仅对聚合物类中的 Tween 80、多糖类的 D-Mannitol、有机酸类的 D-glucosaminic Acid 的利用存在差异($F_{\text{Tween 80}} = 2.75, p = 0.088, F_{\text{D-Mannitol}} = 3.53, p = 0.047, F_{\text{D-glucosaminic Acid}} = 4.67, p = 0.022$),显示出土壤微生物对沼泽类型与干扰的碳源具有选择性。

数据显示,土壤细菌代谢功能多样性与丰富性以沼泽类型 D 最高,沼泽类型 E 最低;土壤真菌代谢功能多样性与丰富性以沼泽类型 B 高,沼泽类型 A 最低,但不同沼泽类型之间,土壤细菌与真菌代谢功能多样性与丰富性均没有显著的差异性($p > 0.05$)(表 4)。

在典型判别分析中,土壤细菌对 31 种碳源利用水平出现明显分离(图 2a, Wilk's $\lambda = 0.000, p = 0.000$)。判别函数第一轴和第二轴分别解释了总变量的 85.4% 和 12.7%,作为表征土壤细菌代谢功能群总体变化中 9 种碳源被筛选出来(图 2b)。判别函数第一轴主要是把土壤细菌对不同类型沼泽中碳源利用能力分开,尤其是沼泽类型 B 与沼泽类型 E 对碳源的利用能力分开,并且沼泽类型 E 沿判别函数第一轴负方向转移,因而与第一判别函数轴 DF1 正向密切相关的沼泽 E 中土壤细菌对 Glucose-1-

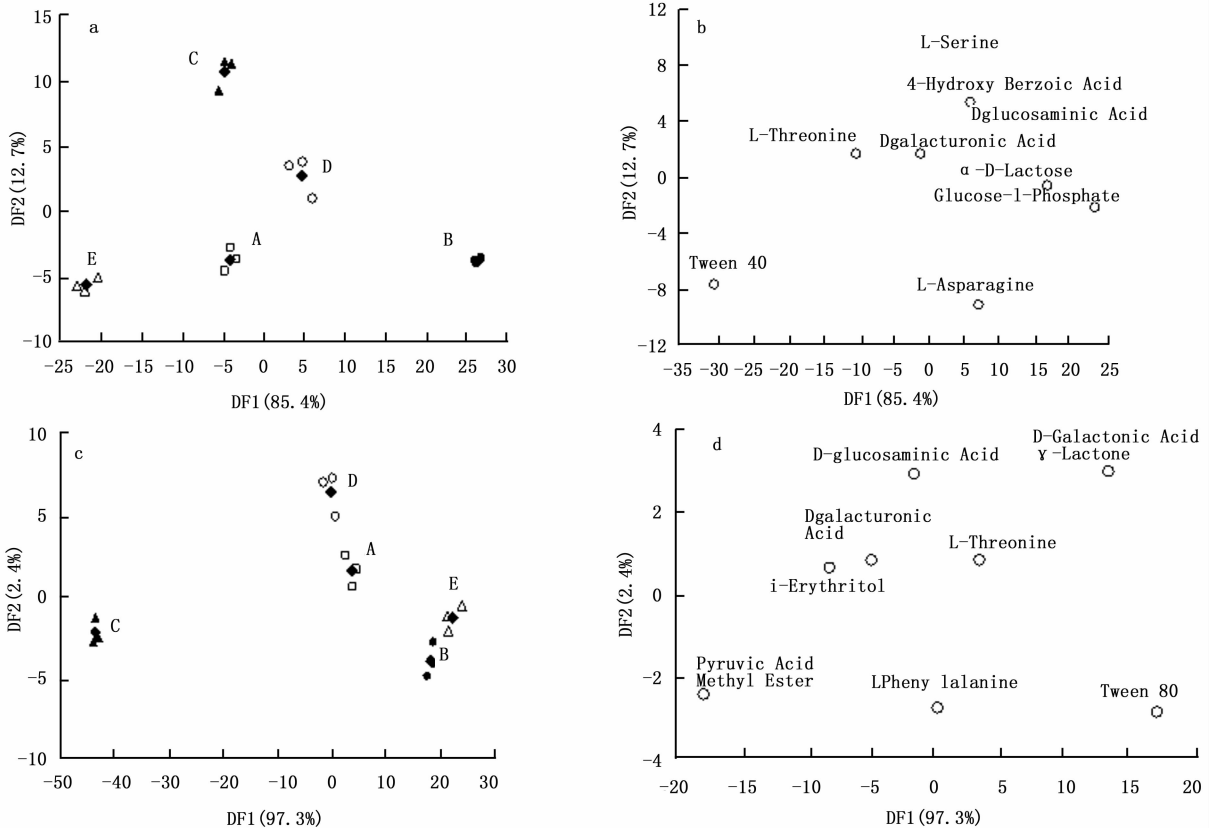
Phosphate 利用能力下降,但增加与第一判别函数轴 DF1 反向密切相关的沼泽类型 E 中的土壤细菌对 D-Malic Acid 利用能力(图 2b)。判别函数第二轴主要是把植被类型 C 与其他植被类型中土壤细菌代谢功能群分开,主要是沼泽类型 C 土壤细菌对 L-Asparagine、Tween 40 利用偏高(表 4)。虽然判别分析并没有做出判断,但土壤细菌利用碳源受到干扰后也出现增加(表 4)。Bayes 判别函数显示,5 种沼泽类型土壤微生物群落各组成生物量内验证错判率均为 0.0%,综合判别率 100.0%;经交叉验证后,五种沼泽类型地表土壤微生物群落的交互验证错判率分别为 33.3%、0.0%、33.3%、66.7% 和 33.3%,综合判别率是 86.7%,说明典型分析判断相对较高且稳定,但其中沼泽类型 D 判断准确率较低,因此判别分析对沼泽类型 D 不理想。

与土壤细菌对碳源利用相似的是,在典型判别分析中,土壤真菌对 31 种碳源利用也明显出现分离(图 2c, Wilk's $\lambda = 0.000, p = 0.000$)。判别函数第一轴和第二轴分别解释了总变量的 97.3% 和 2.4%,作为表征土壤真菌代谢功能群总体变化中 8 类碳源被筛选出来(图 2d)。判别函数第一轴主要是把土壤真菌代谢功能群分开,尤其是沼泽类型 C 与沼泽类型 E 分开,并且沼泽类型 C 沿判别函数第一轴负方向转移,因而与第一判别函数轴 DF1 正向密切相关的沼泽 C 中土壤真菌对 D-Galactonic Acid γ -Lactone 和 Tween 80 利用能力下降,但增加与第一判别函数轴 DF1 反向密切相关的沼泽类型 C 中的 Pyruvic Acid Methyl Ester 利用能力(图 2c)。判别函数第二轴主要是把沼泽类型 D 与其他沼泽类型中土壤真菌代谢功能群分开,主要是沼泽类型 D 中碳源 D-Galactonic Acid γ -Lactone 和 Tween 80 利用偏高(表 4)。虽然判别分析并没有做出判断,但土壤真菌利用碳源受到干扰后也出现增加(表 4)。Bayes 判别函数显示,5 种沼泽类型土壤微生物群落各组成生物量内验证错判率均为 0.0%,综合判别率 100.0%;经交叉验证后,五种沼泽类型地表土壤微生物群落的交互验证错判率分别为 33.3%、33.3%、0.0%、66.7% 和 66.7%,综合判别率是 73.3%,说明典型分析判断相对较高且稳定,但其中沼泽类型 D、E 判断准确率较低,因此判别分析对沼泽类型 D、E 不理想。

表 4 土壤微生物群落生理代谢特性

项目	48 h					168 h					
	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	
胺类 Amines/amides											
Phenylethylamine	0.03 ± 0.04	0.06 ± 0.05	0.04 ± 0.04	0.08 ± 0.01	0.08 ± 0.11	1.37 ± 0.36	1.26 ± 0.23	1.07 ± 0.63	1.49 ± 0.10	1.28 ± 0.37	
Putrescine	0.29 ± 0.14	0.33 ± 0.14	0.24 ± 0.04	0.37 ± 0.06	0.27 ± 0.08	0.86 ± 0.75	0.77 ± 0.68	0.65 ± 0.76	0.85 ± 0.50	0.61 ± 0.60	
氨基酸 Amino acids											
L-Arginine	0.27 ± 0.19	0.31 ± 0.01	0.34 ± 0.11	0.50 ± 0.09	0.37 ± 0.05	0.97 ± 0.72	0.79 ± 0.42	0.26 ± 0.17	1.07 ± 0.65	1.38 ± 0.23	
L-Asparagine	0.66 ± 0.39	0.82 ± 0.21	0.72 ± 0.21	0.88 ± 0.09	0.83 ± 0.12	1.92 ± 0.40	1.92 ± 0.22	1.64 ± 0.45	2.08 ± 0.05	2.13 ± 0.03	
L-Phenylalanine	0.09 ± 0.08	0.02 ± 0.01	0.03 ± 0.01	0.03 ± 0.01	0.07 ± 0.07	2.24 ± 0.22	2.17 ± 0.13	1.83 ± 0.54	2.36 ± 0.11	2.37 ± 0.10	
L-Serine	0.60 ± 0.49	0.64 ± 0.13	0.38 ± 0.24	0.63 ± 0.11	0.49 ± 0.09	0.65 ± 0.42	0.67 ± 0.14	0.36 ± 0.17	0.58 ± 0.39	0.56 ± 0.05	
L-Threonine	0.02 ± 0.02 ^{bd}	0.02 ± 0.02 ^{ac}	0.04 ± 0.02 ^{bd}	0.01 ± 0.00 ^{ac}	0.00 ± 0.01 ^{ac}	1.67 ± 0.38	1.54 ± 0.26	1.32 ± 0.31	1.70 ± 0.03	1.67 ± 0.16	
Glycyl-L-glutamic Acid	0.09 ± 0.03	0.06 ± 0.01	0.10 ± 0.03	0.10 ± 0.02	0.08 ± 0.04	0.52 ± 0.05	0.6 ± 0.18	0.33 ± 0.14	0.57 ± 0.16	0.42 ± 0.18	
多糖 Carbohydrates											
D-Cellobiose	0.07 ± 0.11	0.06 ± 0.07	0.05 ± 0.04	0.15 ± 0.12	0.21 ± 0.37	1.13 ± 0.63	0.98 ± 0.40	0.89 ± 0.55	1.11 ± 0.38	1.16 ± 0.35	
α-D-Lactose	0.03 ± 0.01 ^b	0.10 ± 0.09 ^a	0.03 ± 0.02 ^b	0.02 ± 0.01 ^b	0.03 ± 0.01 ^b	0.59 ± 0.12	0.72 ± 0.28	0.72 ± 0.37	0.64 ± 0.65	0.27 ± 0.12	
β-Methyl-D-Glucoside	0.39 ± 0.37	0.27 ± 0.24	0.46 ± 0.45	0.23 ± 0.31	0.37 ± 0.32	0.81 ± 0.42	0.73 ± 0.35	0.97 ± 0.43	0.68 ± 0.46	0.75 ± 0.34	
D-Xylose	0.02 ± 0.03	0.12 ± 0.09	0.04 ± 0.05	0.02 ± 0.02	0.05 ± 0.08	1.01 ± 0.42	0.87 ± 0.28	0.82 ± 0.41	0.75 ± 0.23	0.66 ± 0.33	
i-Erythritol	0.03 ± 0.03	0.03 ± 0.03	0.02 ± 0.02	0.07 ± 0.05	0.03 ± 0.04	0.52 ± 0.37	0.80 ± 0.60	0.78 ± 0.64	1.08 ± 0.17	0.40 ± 0.20	
D-Mannitol	0.63 ± 0.51	0.60 ± 0.23	0.41 ± 0.20	0.71 ± 0.19	0.61 ± 0.13	2.40 ± 0.41 ^a	2.26 ± 0.21 ^b	1.83 ± 0.49 ^b	2.46 ± 0.09 ^b	2.46 ± 0.10 ^b	
N-Acetyl-D-glucosamine Acid	0.46 ± 0.52	0.22 ± 0.11	0.37 ± 0.23	0.38 ± 0.17	0.29 ± 0.03	1.54 ± 0.43	1.45 ± 0.22	1.19 ± 0.46	1.66 ± 0.27	1.45 ± 0.44	
有机酸 carboxylic acids											
Pyruvic Acid Methyl Ester	0.57 ± 0.27	0.52 ± 0.11	0.73 ± 0.10	0.74 ± 0.10	0.69 ± 0.18	1.39 ± 0.27	1.36 ± 0.32	1.51 ± 0.38	1.51 ± 0.33	1.56 ± 0.10	
D-glucosaminic Acid	0.25 ± 0.12	0.29 ± 0.15	0.23 ± 0.12	0.39 ± 0.08	0.21 ± 0.04	1.25 ± 0.23 ^b	1.25 ± 0.13 ^a	1.15 ± 0.31 ^a	1.42 ± 0.21 ^a	1.80 ± 0.25 ^{ab}	
D-Galactonic Acid γ-Lactone	0.52 ± 0.36	0.68 ± 0.16	0.41 ± 0.20	0.89 ± 0.22	0.79 ± 0.15	0.93 ± 0.23	0.96 ± 0.14	0.80 ± 0.17	1.06 ± 0.26	1.12 ± 0.10	
D-galacturonic Acid	0.66 ± 0.34	0.65 ± 0.12	0.38 ± 0.26	0.90 ± 0.13	0.66 ± 0.22	1.68 ± 0.16	1.41 ± 0.16	1.27 ± 0.60	1.65 ± 0.24	1.74 ± 0.07	
γ-Hydroxybutyric Acid	0.11 ± 0.09	0.12 ± 0.05	0.12 ± 0.08	0.15 ± 0.08	0.22 ± 0.12	0.28 ± 0.14	0.26 ± 0.07	0.18 ± 0.08	0.35 ± 0.17	0.37 ± 0.06	
Itaconic Acid	0.19 ± 0.07	0.21 ± 0.15	0.23 ± 0.16	0.27 ± 0.06	0.27 ± 0.33	1.21 ± 0.25	1.01 ± 0.47	0.85 ± 0.67	1.14 ± 0.25	0.59 ± 0.16	
D-Malic Acid	0.04 ± 0.04	0.06 ± 0.04	0.03 ± 0.00	0.11 ± 0.08	0.09 ± 0.05	0.10 ± 0.08	0.08 ± 0.09	0.11 ± 0.09	0.21 ± 0.19	0.00 ± 0.00	
其他 Miscellaneous compounds											
Glucose-1-Phosphate	0.33 ± 0.36	0.30 ± 0.17	0.37 ± 0.21	0.56 ± 0.51	0.02 ± 0.02	0.44 ± 0.46	0.46 ± 0.10	0.58 ± 0.38	0.55 ± 0.16	0.30 ± 0.21	
D, L-α-Glycerol Phosphate	0.20 ± 0.20	0.20 ± 0.05	0.17 ± 0.06	0.16 ± 0.04	0.14 ± 0.04	0.19 ± 0.12	0.18 ± 0.02	0.20 ± 0.03	0.17 ± 0.07	0.19 ± 0.01	
4-Hydroxy Benzoic Acid	0.14 ± 0.14	0.17 ± 0.05	0.06 ± 0.03	0.25 ± 0.09	0.09 ± 0.10	1.20 ± 0.40	1.16 ± 0.24	0.84 ± 0.50	1.46 ± 0.30	1.12 ± 0.20	
聚合物 Polymers											
Tween 40	0.44 ± 0.32	0.61 ± 0.16	0.40 ± 0.13	0.62 ± 0.21	0.44 ± 0.02	1.71 ± 0.38	1.76 ± 0.04	1.32 ± 0.39	1.96 ± 0.08	1.66 ± 0.06	
Tween 80	0.46 ± 0.27	0.67 ± 0.17	0.39 ± 0.16	0.60 ± 0.10	0.49 ± 0.07	2.04 ± 0.31 ^{abcd}	1.97 ± 0.13 ^{abcd}	1.25 ± 0.54 ^{ad}	1.95 ± 0.07 ^{bcd}	1.73 ± 0.08 ^{abc}	
α-Cyclodextrin	0.01 ± 0.02	0.04 ± 0.05	0.01 ± 0.01	0.02 ± 0.03	0.01 ± 0.02	1.13 ± 0.72	1.09 ± 0.76	0.23 ± 0.18	1.02 ± 0.97	1.11 ± 1.09	
Glycogen	0.04 ± 0.01	0.05 ± 0.02	0.05 ± 0.01	0.06 ± 0.01	0.04 ± 0.01	0.78 ± 0.50	0.56 ± 0.05	0.52 ± 0.28	0.36 ± 0.28	0.88 ± 0.05	
Diversity	2.57 ± 0.15	2.57 ± 0.09	2.59 ± 0.09	2.70 ± 0.07	2.55 ± 0.05	2.83 ± 0.24	3.03 ± 0.08	3.00 ± 0.14	3.01 ± 0.12	2.89 ± 0.10	
Richness	13.67 ± 1.34	14.19 ± 1.01	14.00 ± 1.04	14.94 ± 0.77	13.06 ± 0.46	13.94 ± 2.21	15.67 ± 1.09	15.00 ± 1.28	15.44 ± 0.92	15.00 ± 1.12	

注:同一行不同字母代表植被类型间差异显著,相同字母代表差异不显著。



细菌对 31 碳源利用别分析(a),细菌对 31 碳源利用别分析得分图(b),

真菌对 31 碳源利用别分析(c),真菌对 31 碳源利用别分析得分图(d)(图中字母代表沼泽类型)

图2 土壤微生物生理代谢特性分析

3 讨论

土壤微生物群落组成与功能主要受环境因子,如植被种类、土壤主要理化性质、采样时段等影响,而呈现出群落组成与功能差异性较大的现象^[9]。

在本研究中,研究区域土壤主要性质与沼泽发育阶段存在一定的关系,沼泽发育初期,其中土壤有机碳、土壤全氮、土壤全磷、电导率与土壤含水量增加趋势,而 pH 有所减少。沼泽发育末期,即富营养位沼泽除了土壤 pH 值有所降低外,土壤有机碳、土壤全氮、土壤全磷、电导率和含水量均增加,显示研究区域土壤性质随地上植被演替过程的一致性,即随着森林沼泽退化,土壤碳与氮呈减少趋势(表 2),这与该区域植被退化将导致土壤碳氮含量减少相一致^[19]。土壤表层养分的变化还与火干扰相关,火烧不仅导致土壤温度、土壤含水量增加,而且土壤有机物被火烧后,土壤有灰分元素释放导致土壤 pH 升高;火强度对土壤性质影响不一致,其中轻度火干扰促进土壤中 C、N、P 等的含量增加,而重度火干扰导致土壤 C、N、P 等营养元素的含量降低,显示出森林沼泽土壤 C、N、P 等营养元素含量的变化与火干

扰强度有关^[20]。

一般饱和直链脂肪酸/单烯饱和脂肪酸比(Sat/Mon)、真菌/细菌比(F/B)与革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌(G^+/G^-)是描述环境胁迫下土壤微生物群落结构状况的主要指标。土壤中 PLFAs 总含量提供了土壤中的微生物量信息,一般饱和直链脂肪酸(Sat)与单烯饱和脂肪酸(Mon)是 PLFAs 的重要组成部分^[15];真菌和细菌是土壤中两大主要的功能性微生物组分^[21]。本研究中,Sat/Mon 值虽均随沼泽发育与火干扰后出现明显增长,但其数值仍相对较低;较低的 Sat/Mon 值可能与研究区域土壤有机质的含量偏高有关,虽然火干扰强度影响土壤有机质的含量,但其比值仍偏低,这与 Carrasco 等认为的 Sat/Mon 值小于 1,则显示研究区域有较高的有机质含量和有机碳输入相一致^[22]。F/B 值变化与 Sat/Mon 值相一致,即随沼泽发育与火干扰后出现明显增长,但其数值均介于 $0.06 \pm 0.06 \sim 0.30 \pm 0.04$ 之间,其中度火干扰后的沼泽 F/B 值最高为 0.30,这可能与本研究选择表征真菌特征脂肪酸 18:1 ω 9c 有关,虽然 18:1 ω 9c 目前被认为是森林土壤中较好的真菌特征脂肪酸标记物,如果将近年来被列为真

菌特征脂肪酸标记物的 $a18:1\omega9t$ ^[17] 计算在内,其比值仍介于 $0.07 \pm 0.05 \sim 0.31 \pm 0.06$ 之间(表3),中度火干扰后的 F/B 值仍最大,接近森林土壤中 F/B 值 $0.3 \sim 0.5$ 之间^[23],显示相对其他沼泽类型,受中度火干扰的沼泽的土壤微生物群落与土壤生态系统稳定性较高^[24-25],但其土壤性质已经发生了改变,沼泽出现退化。未受火干扰条件下,革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌(G^+/G^-)除了沼泽类型 B 外,其他两种类型比值均大于 1,表明 G^+ 比 G^- 活跃,并以 G^+ 为主导,但受到火干扰后, G^+/G^- 值则出现减少,反映出在不同沼泽发育阶段与火干扰后,土壤中可利用养分减少(表2),这是由于火导致地表凋落物与泥炭层中可利用的有机物(糖类、蛋白质等)减少,难分解的有机物质增加,但利用难分解有机物质能力较强的革兰氏阳性菌含量并未增加^[26],显示出沼泽发育与火干扰导致生态系统稳定性已经发生变化,土壤微生物结构发生改变^[27]。另外,本研究中的 G^+/G^- 与 F/B 值与研究区土壤主要养分没有显著的相关性,这与这种变化与有机质组成与可利用性有关不一致^[28],其原因有待进一步研究。

研究显示,土壤细菌群落与地表苔藓类^[29]、泥炭层厚度^[30]等密切相关。本研究中,虽然样地选择中未考虑样地内苔藓分布与土壤细菌采样点一致性,但在研究区域中特征磷脂脂肪酸,如一般性、非特异性细菌 $16:00$ 、因存在大多数微生物中而生物量偏高, $16:1\omega7$ 生物量因受到环境胁迫也会增加^[31]。本文中的 $18:1\omega8t$ 属于甲烷氧化菌 Type II,其生存能力较强,能在营养缺乏的环境中生长,但局部土壤水分、pH 值增加的情况下,甲烷氧化菌含量并未出现增加,这与丁维新等(2003)认为的明显受土壤含水量影响不一致^[32]。此外,含 OH 的特征脂肪酸,如 $16:12OH$ 、 $Cy 19:0 2OH$ 等是甲烷氧化菌潜在的环境敏感指示物,其变化趋势与表征甲烷氧化菌的 $18:1\omega8t$ 变化趋势基本相同,显示甲烷氧化菌变化与环境变量、温度变化直接相关^[33]。一般饱和脂肪酸 $14:00$ 和单烯不饱和脂肪酸 $16:1\omega9c$ 虽均属于常见细菌的特征脂肪酸,但受沼泽类型改变和火干扰的影响,其可利用碳源的减少导致其丰度下降^[34]。

AWCD 值土壤微生物群落利用碳源的能力的反映。本研究中,5 种沼泽土壤微生物代谢功能多样性指数与丰富度指数与生物量变化趋势明显不同,且土壤细菌功能多样性指数与丰富度指数与生物量彼此间差异较小,土壤细菌仅对氨基酸类中的 L-Threonine 和碳水化合物中的 α -D-Lactose 的利用能力方面存在明显的差别,而真菌则差异较大,土壤真

菌仅对糖类中的 D-Mannitol、carboxylic acids 中的 D-glucosaminic Acid 以及聚合物中的 Tween 40、Tween 80 的利用能力方面存在明显的差别,这可能与未受到火干扰大多数细菌利用碳源的时间相对较短有关^[13]。此外,土壤细菌与真菌代谢功能丰富度指数虽均在未受干扰中营养(中位)沼泽(B)最高,但在未受干扰中营养(中位)中细菌生物量最高,真菌生物量最低,两者多样性与生物量变化并不一致,这反映出细菌代谢相对集中,但并非所有的真菌会同时出现在一个分解阶段^[35]。

在典型判别分析中,革兰氏阴性菌 $cy17:0$ 、甲烷氧化细菌 $18:1\omega8t$ 明显与森林沼泽演替阶段相关,部分革兰氏阳性菌,如 $a15:0$ 、 $i15:0$ 与 $cy17:0$ 以及其他细菌,如 $16:1\omega9c$ 、 $18:00$ 的变化趋势相同。与细菌相类似的是,真菌 $18:2\omega6c$ 、 $18:1\omega9c$ 变化也明显与沼泽类型性相关($p = 0.020$)。土壤微生物群落组成变化还与火干扰强度有关,相比较而言,重度火干扰后,真菌($18:2\omega6c$ 、 $18:1\omega9c$)与革兰氏阴性菌($16:1\omega7c$ 、 $cy17:0$ 、 $18:1\omega5c$ 、 $cy19:0$)明显的降低。除了沼泽类型 D 外,研究区域可以通过 6 类 9 种土壤微生物群落,即革兰氏阳性菌($i16:0$ 、 $18:1\omega5c$)、革兰氏阴性菌($16:1\omega7c$ 、 $cy17:0$)、其他细菌($16:00$)、真菌($18:2\omega6c$ 、 $18:1\omega9c$)、甲烷氧化菌($18:1\omega8t$)、其他磷脂脂肪酸($16:12OH$),尤其是革兰氏阴性菌与真菌的变化反映沼泽发育与火干扰对研究区域土壤微生物群落影响。而 BIOLOG Eco Plate 的 31 中碳源中,氨基酸类的 L-Threonine 和有机酸类的 D-glucosaminic Acid、D-galacturonic Acid 是共同参与土壤细菌与真菌代谢过程,这可能是由于 BIOLOG Eco Plate 中碳源是为鉴定已分离纯化的微生物物种有关。

虽然典型判别分析对土壤微生物群落组成与功能变化均解释总变量的 95% 以上,内验证与交互验证综合判断率均在 73% 以上,但沼泽类型 D 地表土壤微生物群落的交互验证错判率较高(66.7%),因而无法准确重度火干扰对土壤微生物群落的影响。本研究还发现,中度火干扰对细菌生物量、多样性指数、均匀性指数影响低于重度火干扰的影响,这与相关学者的研究不一致,其原因有待进一步研究^[13,34]。

4 结论

土壤微生物量与沼泽发育阶段相关,火干扰强度对土壤微生物量影响不显著($p > 0.05$)。沼泽发育阶段与火干扰均改变了 PLFAs 中一般饱和直链脂肪酸与单烯饱和脂肪酸比值(Sat/Mon)、真菌与细菌(F/B)比值以及革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌

(G^+/G^-) 比值, 一些典型土壤微生物, 如革兰氏阴性菌 cy17:0、甲烷氧化细菌 18:1 ω 8t 明显与森林沼泽演替阶段相关; 火干扰因降低革兰氏阴性菌与真菌生物量而改变土壤微生物结构。沼泽土壤细菌与真菌对碳源利用具有选择性。

参考文献:

- [1] Haase J, Brandl R, Scheu S, *et al.* Above and belowground interactions are mediated by nutrient availability[J]. *Ecology*, 2008, 89: 3072–3081.
- [2] Bartelt-Ryser J, Joshi J, Schmid B, *et al.* Soil feedbacks of plant diversity on soil microbial communities and subsequent plant growth [J]. *Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 2005, 7: 27–49.
- [3] Thoms C, Gattinge A, Jacob M, *et al.* Direct and indirect effects of tree diversity drive soil microbial diversity in temperate deciduous forest[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42: 1558–1565.
- [4] Fierer N, Strickland M S, Liptzin D, *et al.* Global patterns in belowground communities [J]. *Ecology Letters*, 2009, 12: 1238–1249.
- [5] Merila P, Malmivaara-Lamsa M, Spetz P, *et al.* Soil organic matter quality as a link between microbial community structure and vegetation composition along a successional gradient in a boreal forest[J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, 46: 259–267.
- [6] Cardinale BJ, Duffy JE, Gonzalez A, *et al.* Biodiversity loss and its impact on humanity[J]. *Nature*, 2012, 486: 59–67.
- [7] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. *Nature*, 2014, 515: 505–511.
- [8] Tscherko D, Hammesfahr U, Zeltner G, *et al.* Plant succession and rhizosphere microbial communities in recently deglaciated alpine terrain[J]. *Basic and Applied Ecology*, 2005, 6: 367–383.
- [9] Andersen R, Grasset L, Thormann M N, *et al.* Changes in microbial community structure and function following Sphagnum peatland restoration[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42: 291–301.
- [10] Vázquez F J, Acea M J, Carballas T. Soil microbial populations after wildfire[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1993, 13: 93–103.
- [11] Fontúrbel MT, Barreiro A, Vega J A, *et al.* Effects of an experimental fire and post-fire stabilization treatments on soil microbial communities[J]. *Geoderma*, 2012, 191: 51–66.
- [12] 白爱芹, 傅伯杰, 曲来叶, 等. 大兴安岭火烧迹地恢复初期土壤微生物群落特征[J]. *生态学报*, 2012, 32(15): 4762–4771.
- [13] 郑琼, 崔晓阳, 邸雪颖, 等. 不同林火强度对大兴安岭假松林土壤微生物功能多样性的影响[J]. *林业科学*, 2012, 48(5): 95–100.
- [14] 中国湿地植被编写委员会. 《中国湿地植被》[S]. 北京: 科学出版社 1999.
- [15] Frostegård A, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty-acid analysis[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1993, 25: 723–730.
- [16] Bååth E. The use of neutral lipid fatty acids to indicate the physiological conditions of soil fungi[J]. *Microbial Ecology*, 2003, 45: 373–383.
- [17] Frostegård Å, Tunlid A, Bååth E. Use and misuse of PLFA measurements in soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43: 1621–1625.
- [18] Balsler TC, Wixon D. Investigating biological control over soil carbon temperature sensitivity[J]. *Global Change Biology*, 2009, 15: 2935–2949.
- [19] 甘秋妹, 孙海龙, 郑红, 等. 大兴安岭不同退化阶段土壤和植物 C、N、P 浓度及其化学计量特征[J]. *森林工程*, 2013, 29(3): 1–5.
- [20] 刘银良, 闫敏华, 孟宪明, 等. 大兴安岭森林火灾对沼泽土壤的影响[J]. *地理科学*, 1995, 15(4): 378–384.
- [21] Joergensen R G, Wichem F. Quantitative assessment of the fungal contribution to microbial tissue in soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40: 2977–2991.
- [22] Carrasco L, Gattinger A, Fließbach A, *et al.* Estimation by PLFA of microbial community structure associated with the rhizosphere of *Lygeum spartum* and *Piptatherum miliaceum* growing in semiarid mine tailings[J]. *Microbial Ecology*, 2010, 60: 265–271.
- [23] Fang J, Barcelona M J, Alvarez P J. A direct comparison between fatty acid analysis and intact phospholipid profiling for microbial identification[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 31: 881–887.
- [24] Thiet R K, Frey S D, Six J. Do growth yield efficiencies differ between soil microbial community differing in fungal: bacterial ratios? Reality check and methodological issue[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38: 837–844.
- [25] Vries de F T, Hoffland E, Van Eekeren N, *et al.* Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38: 2092–2103.
- [26] Diedhiou S, Dossa E L, Badiane A N, *et al.* Decomposition and spatial microbial heterogeneity associated with native shrubs in soils of agroecosystems in semi-arid Senegal[J]. *Pedobiologia*, 2009, 52: 273–286.
- [27] 张莉, 党军, 刘伟, 等. 高寒草甸连续围封与施肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2012, 23(11): 3072–3078.
- [28] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35: 453–461.
- [29] Opelt K, Berg C, Schönmann S, Eberl L, Berg G. High specificity but contrasting biodiversity of Sphagnum-associated bacterial and plant communities in bog ecosystems independent of the geographical region[J]. *The ISME Journal*, 2007, 1, 502–516.
- [30] Preston M D, Smemo K A, McLaughlin J W, *et al.* Peatland microbial communities and decomposition processes in the James Bay Lowlands, Canada[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2012, 3, 1–15.
- [31] Pratt B, Riesen R, Johnston C G. PLFA Analyses of Microbial Communities Associated with PAH-Contaminated Riverbank Sediment[J]. *Microbial Ecology*, 2012, 64: 680–691.
- [32] 丁维新, 蔡祖聪. 土壤甲烷氧化菌及水分状况对其活性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2003, 11(1): 94–97.
- [33] 倪永清, 史学伟, 郑晓吉, 等. 冻土甲烷循环微生物群落及其对全球变化的响应[J]. *生态学报*, 2011, 31(13): 3846–3855.
- [34] Hebel C L, Smith J E, Jr Cromack K. Invasive plant species and soil microbial response to wildfire burn severity in the Cascade Range of Oregon[J]. *Applied Soil Ecology*, 2009, 42: 150–159.
- [35] Wang M, Qu L Y, Ma K M, *et al.* Soil microbial properties under different vegetation types on Mountain Han[J]. *Science China Life Sciences*, 2013, 56: 561–570.