



# 第十九届中国生态学大会

2020.11.21-23 生态科学新使命：促进人与自然和谐



## 若尔盖退化泥炭地原核微生物群落结构对水位恢复的短期响应

作者：罗明没<sup>1</sup> 师睿<sup>2</sup> 李玮<sup>1</sup>

单位：<sup>1</sup>云南大学生态与环境学院；<sup>2</sup>国际河流与生态安全研究院



### 1. 目的

退化泥炭地的恢复是目前受关注的重要环境问题，若尔盖泥炭地面积为4605km<sup>2</sup>，是中国面积最大的泥炭分布区，其中退化泥炭地面积为1426km<sup>2</sup>目前大多数的研究集中在水位变化对温室气体通量的影响，很少关注短期水位恢复后土壤微生物群落结构变化。本文以若尔盖退化泥炭地为研究对象，分析水位恢复过程中的土壤环境因子和土壤原核微生物群落结构及多样性变化及其关系，若尔盖退化泥炭地原核微生物群落结构对水位恢复的响应可以为泥炭地的生态恢复提供理论依据。

### 2. 方法

- 退化泥炭试验样地位于红原县日干乔泥炭地(3471 m a.s.l.)，测得退化泥炭地的地下水位为-10cm,将其作为后续对照处理组的水位控制依据，通过1年的野外原位试验设置2个水位恢复梯度（10cm和30cm）。
- 采取不同水位处理下0-15cm的土壤样品，去除土样表面的凋落物，取好的土样用密封袋装好，做好标记然后低温运回实验室进行理化性质测定和采用16S rRNA高通量测序技术对微生物群落结构和多样性分析。

### 3. 结果

- 若尔盖退化泥炭地土壤优势原核微生物在门水平上为Acidobacteria、Proteobacteria、Verrucomicrobia，短期水位恢复对土壤原核微生物的Chao1 index、Observed species、Shannon's index、Simpson's diversity index均没有显著影响，只是显著改变优势门水平Verrucomicrobia以及其纲水平的Spartobacteria的相对丰度（ $p < 0.05$ ），促进了产甲烷菌种类。
- Verrucomicrobia和Spartobacteria的相对丰度与水位和土壤pH呈显著负相关。冗余分析和相关性分析表明，在退化泥炭地水位恢复过程中原核微生物群落结构对土壤C:P、N:P、SOC、TN和pH的变化响应较为敏感。

### 4. 结论

短期水位恢复（1年）对土壤原核微生物 $\alpha$ 多样性没有显著影响。短期水位恢复仅是显著降低了Verrucomicrobia门及其纲水平的Spartobacteria的相对丰度。水位和土壤pH对Verrucomicrobia有显著负相关关系。微生物群落分布与土壤理化性质关系密切，C:P、N:P、SOC、TN、土壤pH均与土壤原核微生物显著相关，研究结果为恢复和管理退化泥炭地提供参考，并且在往后研究中关注水位恢复对不同深度土壤原核微生物群落结构的影响。

表1 水位恢复处理对土壤理化性质的影响

	对照组Control group -10cm 水位-10cm water level		处理组Treatment group		p
	10cm水位	30cm水位	10cm水位	30cm水位	
pH	5.52±0.04b	5.95±0.03a	5.89±0.04a	5.89±0.04a	<0.05
土壤有机质 S0C (g kg <sup>-1</sup> )	130.90±23.20a	187.74±22.75a	187.20±25.62a	187.20±25.62a	>0.05
总氮 TN (g kg <sup>-1</sup> )	9.86±1.76a	14.94±1.55a	14.73±1.99a	14.73±1.99a	>0.05
总磷 TP (g kg <sup>-1</sup> )	1.41±0.13a	1.49±0.06a	1.58±0.06a	1.58±0.06a	>0.05
碳氮比 C:N	13.31±0.26a	12.52±0.24a	12.70±0.19a	12.70±0.19a	>0.05
碳磷比 C:P	91.3±2.59a	116.23±16.46a	119.85±20.62a	119.85±20.62a	>0.05
氮磷比 N:P	6.88±0.69a	10.04±1.15a	9.43±1.59a	9.43±1.59a	>0.05

表2 水位恢复处理对原核微生物群落多样性影响

	对照组Control group -10cm 水位-10cm water level		处理组Treatment group		p
	10cm水位	30cm水位	10cm水位	30cm水位	
Chao1指数 Chao1 index	4905.22±175.52	4509.04±1134.68	5825.92±237.11	5825.92±237.11	<0.05
测得物种数 Observed species	2911.87±84.81	2850.07±336.23	3508.07±84.90	3508.07±84.90	<0.05
香农-威纳指数 Shannon's index	9.41±0.12	9.57±0.79	10.52±0.13	10.52±0.13	<0.05
辛普森指数 Simpson's diversity index	0.99±0.00	0.99±0.01	1.00±0.00	1.00±0.00	<0.05

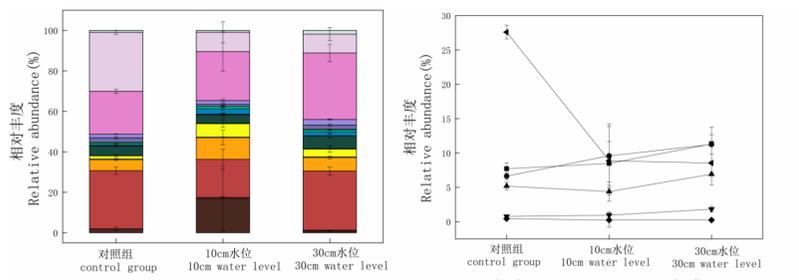


图1 门水平原核微生物群落相对丰度

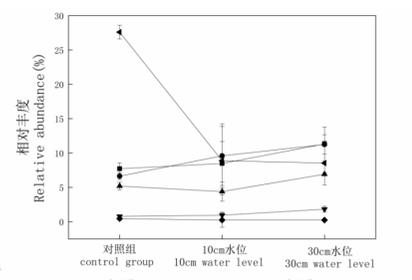


图2 纲水平原核微生物群落相对丰度

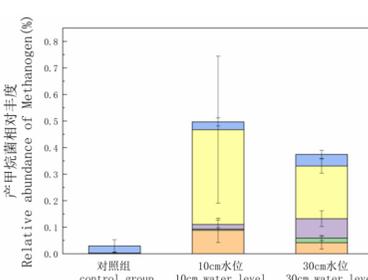


图3 目水平产甲烷菌相对丰度

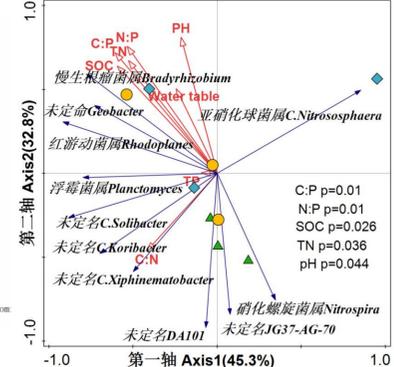


图4 土壤理化性质与属水平原核微生物群落结构的RDA分析。三角形，对照组；菱形，10cm水位；圆圈，30cm水位

门	pH	SOC	TN	TP	C:N	C:P	N:P	Water table
泉古菌 Crenarchaeota	0.16	-0.20	-0.13	-0.11	-0.56	-0.17	-0.09	-0.03
酸杆菌 Acidobacteria	-0.37	-0.26	-0.31	0.11	0.49	-0.35	-0.40	0.04
放线菌 Actinobacteria	0.39	0.01	0.08	-0.11	-0.67	0.07	0.14	0.13
拟杆菌 Bacteroidetes	0.89	0.74	0.76	-0.04	-0.33	0.85	0.88	0.51
绿弯菌 Chloroflexi	0.02	0.08	0.07	0.66	0.01	-0.14	-0.15	0.42
厚壁菌 Firmicutes	0.76	0.71	0.72	-0.13	-0.31	0.84	0.85	0.42
芽生菌 Gemmatimonadetes	0.04	-0.24	-0.17	0.13	-0.60	-0.28	-0.20	0.12
浮霉菌 Planctomycetes	0.42	0.59	0.55	0.23	0.24	0.56	0.51	0.55
变形菌 Proteobacteria	0.45	0.74	0.69	0.19	0.21	0.75	0.69	0.47
疣微菌 Verrucomicrobia	0.86	0.55	-0.62	-0.21	0.63	-0.55	-0.63	-0.76
α-变形菌 Alphaproteobacteria	0.40	0.80	0.75	0.12	0.21	0.84	0.79	0.40
β-变形菌 Betaproteobacteria	0.53	0.65	0.61	0.08	0.17	0.69	0.65	0.43
δ-变形菌 Deltaproteobacteria	0.11	0.54	0.49	0.48	0.24	0.42	0.37	0.44
γ-变形菌 Gammaproteobacteria	0.43	0.40	0.36	0.26	0.17	0.36	0.32	0.62
(未定名) Pedosphaerae	-0.67	-0.10	-0.15	0.02	0.47	-0.13	-0.19	-0.59
(未定名) Spartobacteria	-0.86	-0.57	-0.62	-0.21	0.62	-0.57	-0.63	-0.77

图5 土壤理化性质与原核微生物优势类群相对丰度间相关性