

纳帕海高原湿地土壤微生物群落对土地利用方式改变的响应

吕晶花^{1,2}, 李 聪⁴, 杨志东², 刘 攀², 陆 梅^{2*},
任玉连⁵, 田 昆³, 赵旭燕⁶, 陈志明⁶

(1. 云南省高原湿地保护修复与生态服务重点实验室, 云南昆明 650224; 2. 西南林业大学生态与环境学院, 云南昆明 650224;
3. 国家高原湿地研究中心, 云南昆明 650224; 4. 中国林科院高原林业研究所, 云南昆明 650233; 5. 贵州大学生命科学学院,
贵州 贵阳 550025; 6. 纳帕海省级自然保护区管护局, 云南 香格里拉 674400)

摘要:【目的】探明高原湿地不同土地利用方式下土壤理化性质的改变对微生物群落结构及多样性的影响, 为纳帕海高原湿地土地利用管理提供理论依据。【方法】以人类活动干扰下形成的放牧草地和耕地为研究对象, 以自然沼泽湿地为对照, 运用 Illumina 高通量测序技术比较不同土地利用方式下土壤微生物群落结构和多样性特征, 并采用 Mantel test 分析土壤理化环境改变对土壤微生物群落的影响。【结果】①相较于自然沼泽湿地, 耕作与放牧显著降低了土壤含水量、有机质、全氮和速效氮, 却提高了全磷、碳氮比和容重 ($P < 0.05$)。②耕作和放牧显著增加土壤细菌与真菌 α 多样性 ($P < 0.05$), 三种利用方式间 β 多样性差异显著 ($P < 0.01$)。③耕作和放牧显著改变细菌和真菌群落结构, 其中耕作使变形菌门、厚壁菌门和绿弯菌门相对丰度显著增加 21.07%~123.61%, 酸杆菌门、放线菌门和芽单胞菌门显著减小 62.7%~75.29%; 耕作使子囊菌门、担子菌门、接合菌门相对丰度显著减小 71.33%~96.47%, 未分类真菌门相对丰度显著增加 722.97%; 放牧使细菌浮霉菌门和疣微菌门增加 57.46%、179.12%, 却使变形菌门、芽单胞菌门和拟杆菌门显著减少 16.23%~67.16% ($P < 0.05$)。放牧使担子菌门和子囊菌门相对丰度分别增加 34.57%、105.94%, 而使未分类的真菌门和接合菌门显著分别减少 45.66%、93.90%。④Mantel test 分析表明, 土壤含水量、有机质、全氮是影响细菌和真菌多样性的主要因子, 而土壤磷、钾和 pH 是影响土壤细菌和真菌群落结构的主控因子。【结论】耕作与放牧主要引起湿地旱化、土壤碳氮养分降低及全磷含量提高, 从而导致湿地土壤微生物代谢类型的组成改变及多样性增加。

关键词: 纳帕海; 高原湿地; 土地利用变化; 高通量测序; 微生物结构; 微生物多样性

中图分类号: S154.36 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2023)03-0682-13

DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2022040109

吕晶花, 李 聪, 杨志东, 刘 攀, 陆 梅, 任玉连, 田 昆, 赵旭燕, 陈志明. 纳帕海高原湿地土壤微生物群落对土地利用方式改变的响应[J]. 土壤通报, 2023, 54(3): 682-694

LV Jing-hua, LI Cong, YANG Zhi-dong, LIU Pan, LU Mei, REN Yu-lian, TIAN Kun, ZHAO Xu-yan, CHEN Zhi-ming. Responses of Soil Microbial Communities to Land Use Changes in the Napahai Plateau Wetlands[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2023, 54(3): 682-694

【研究意义】微生物作为土壤的重要生物组分, 能够调控土壤养分的固定、分解与矿化, 从而影响植物生长、群落结构、功能以及演替^[1-2]。土壤微生物群落对土壤环境变化极其敏感, 常作为表征土壤质量变化的重要生物学指标^[3]。因此, 开展土壤微生物群落结构及多样性的研究, 对于阐明植物-微生物-土壤养分循环之间的相互作用规律具有重要的科学意义。【前人研究进展】土地利用方式作为影

响土壤微生物群落特征的重要因素之一, 能够通过改变土壤理化性质而对土壤微生物群落结构和多样性产生显著影响^[4-6]。研究表明, 不同土地类型耕作方式及植物地上-地下凋落物输入的变化, 能够引起水热条件、土壤养分含量等土壤理化性质的显著改变, 进而导致土壤微生物群落在结构和功能上表现出显著的差异性^[7-9]。不同湿地土地利用类型能够引起一些以碳水化合物、芳香化合物为碳源的功能

收稿日期: 2022-04-06; 修订日期: 2022-07-29

基金项目: 国家自然科学基金地区科学基金项目(42067011), 云南省高原湿地保护修复与生态服务重点实验室开放基金项目(202105AG070002), 云南省中青年学术技术带头人后备人才项目(202205AC160047)和云南省应用基础研究面上项目(202001AT070113)资助

作者简介: 吕晶花(1997-), 女(汉族), 新疆奎屯, 硕士研究生, 主要从事土壤养分及土壤微生物相关研究。E-mail: 1873759814@qq.com

*通讯作者: E-mail: lumeizx@126.com

微生物数量的改变, 而导致微生物功能多样性发生变化^[10]。一些学者认为, 在自然湿地土壤微生物群落向耕作土壤微生物群落演替的过程中, 微生物多样性会随着演替过程中碳输入的增加, 最终呈现减小的趋势^[11]。也有研究发现, 垦后湿地土壤干湿交替引起土壤结构、养分供给发生变化, 进而造成较高的微生物群落多样性^[12], 在藏东南高寒地区中也得到了一致的研究结果^[13]。而另一些研究者发现, 不同湿地利用方式会显著改变微生物群落结构组成及丰度, 但微生物多样性未发生显著变化^[14]。【本研究切入点】目前, 土地利用方式对土壤细菌和真菌群落的影响尚未得到统一的结论, 这可能由于不同地理区域“湿地利用方式—土壤理化环境—土壤微生物群落之间”的作用关系存在显著差异, 因此, 探明土地利用变化对土壤微生物结构及多样性的影响机制是全球变化的一个热点科学问题。

青藏高原是我国乃至全世界生态系统最脆弱的地区, 其湿地分布主要位于青海、西藏、若尔盖以及滇西北横断山区。近年来, 该地区研究主要集中在湿地退化过程中植被演变特征^[15-16]、湿地土壤养分^[17-18]和微生物分布^[19-20]等研究, 关于湿地土地利用方式对土壤微生物影响的程度、过程及机制的研究, 却相对缺乏。而位于青藏高原东南缘横断山区香格里拉县境内的纳帕海高原湿地, 是湿地生物多样性重点保护区^[21]。目前, 对于纳帕海土地利用的相关研究仅有少数, 且主要集中在土地利用变化特征^[22]以及土地利用方式改变下土壤碳、氮、磷等土壤养分的分布特征^[23-24], 但关于湿地利用方式引起土壤理化环境的改变如何影响土壤微生物群落结构及多样性, 仍然是一个亟待探究的重要科学问题。

【拟解决的问题】基于“土壤微生物类群对湿地土地

利用方式驱动的土壤理化环境变化具有不同的响应”这一假设, 本研究以纳帕海人类活动干扰下形成的放牧草地和耕地两种土地利用类型为研究对象, 以自然沼泽湿地为对照, 明确纳帕海湿地土地利用方式改变后土壤理化性质的变化特征, 基于高通量测序揭示不同土地利用方式下土壤细菌与真菌群落结构及多样性特征, 并剖析土地利用变化引起土壤理化性质改变与土壤微生物群落特征之间的耦联特征, 研究结果有助于阐明“土地利用方式—土壤理化环境—土壤微生物多样性”之间的关联, 能够为准确理解全球变化背景下高原湿地不同土地利用下土壤微生物演变过程及机制提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样地概况与样点布设

纳帕海高原湿地位于青藏高原东南缘横断山区香格里拉县境内, 为高海拔 (3260 m)、低纬度 (27°49' ~ 27°55' N, 99°37' ~ 99°43' E) 的季节性喀斯特型高原湖泊湿地。具有低温、高寒、霜期长、干湿季节分明及冬春季干旱突出等气候特点, 年均温 5.4 °C, 最冷月平均温度 -3.8 °C, 最热月平均温度 13.2 °C^[25]; 其水量补给主要来源于降雨, 其中雨季 (5 ~ 10 月) 贡献最大, 达 495.9 mm (占全年的 80%), 干季 (12 月至次年 4 月) 则低至 123.9 mm (占全年的 20%), 年均降水量为 619.9 mm。土壤类型主要为沼泽土、沼泽化草甸土和草甸土^[26]。随着人口不断增加和经济的快速发展, 大面积自然沼泽湿地 (Reference wetland, RW) 转变为放牧草地 (Grazing meadow, GM) 和耕地 (Agricultural wetlands, AW)。样地主要特征见表 1。

表 1 样地基本情况

Table 1 Basic information of the sampled plots in the Napahai plateau wetlands

利用方式 Land use type	样地编号 Sample plot	经度 Longitude	纬度 Latitude	海拔/m Elevation	优势植物 Dominant plant	土壤类型 Soil type	人为活动干扰 Human interference
沼泽湿地 (RW)	RW1	99°38'2.63"	27°53'38.78"	3260	杉叶藻 (<i>Hippuris vulgaris</i>)、 狐尾藻 (<i>Myriophyllum spicatum</i>)、 蓖齿眼子菜 (<i>P. pectinatus</i>)	沼泽土	无干扰
	RW2	99°38'19.68"	27°53'21.84"				
	RW3	99°38'25.80"	27°53'6.36"				
放牧草地 (GM)	GM1	99°38'16.60"	27°53'43.56"	3262	大狼毒 (<i>Euphorbia jolkinii</i>)、 剪股颖 (<i>Agrostis matsumurae</i> Hack. ex Honda)	草甸土	放牧
	GM2	99°38'36.83"	27°53'35.08"				
	GM3	99°38'58.64"	27°53'10.91"				
耕地 (AW)	AW1	99°38'29.40"	27°53'47.80"	3279	青稞 (<i>Hordeum vulgare</i> Linn. var. <i>nudum</i> Hook. f)	耕作土	耕作、施肥
	AW2	99°38'41.30"	27°53'39.20"				
	AW3	99°38'21.84"	27°53'16.11"				

1.2 样品采集

运用 5 点混合取样法, 即样地中以对角线的中点作为中心抽样点, 再在对角线上选择四个与中心样点距离相等的点作为样点, 并于 2015 年 1 月采集土壤样品。分别在自然沼泽湿地、放牧草地和耕地 (农业耕作时间为 40 年以上, 常年种植青稞, 施用有机肥) 样带中随机选取 3 个采样方 (10 m × 10 m, 相距 > 50 m, 采样点见图 1), 样方内利用对角线法选取 5 个取样点 (四个角 + 中心点) 采集 0~20 cm 土层土壤, 剔除石砾和植物残根等杂物后取大约 1 kg 土样于布袋中。另取约 1.5 kg 土壤装入无菌自封袋中, 其中沼泽湿地因常年淹水, 采用特制底泥采样器采集 0~20 cm 层样品^[26], 一共采集 30 个土壤样品, 所有样品置于冰盒中尽快带回实验室。自封袋中的土样约 100 g 用于测定土壤自然含水量; 布袋中土样约 1000 g 于室内自然风干、磨细并通过 100 目和 10 目土壤筛, 用于基本理化性质测定^[27]。土壤微生物分析样品置于 -70 °C 下冷冻保存, 于最短时间内进行土壤 DNA 提取和高通量测序。

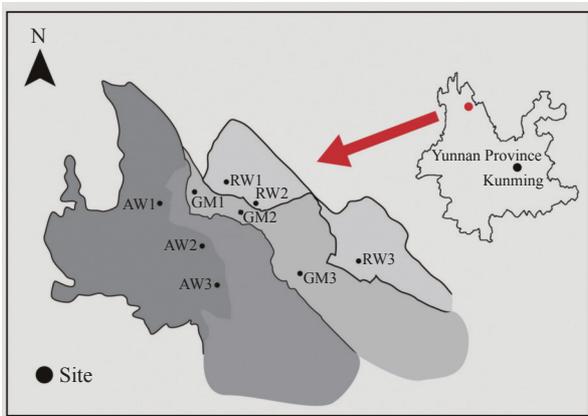


图 1 研究区样地示意图

Fig.1 Schematic diagram of sample plots in the Napahai plateau wetlands

1.3 指标测定

土壤理化指标参照鲍士旦《土壤农化分析》^[27]。pH 值采用电位法按土:水 = 1:2.5 水浸提, 使用 Starter 3100 pH 计测定; 含水量采用烘干称量法 (105 ± 2 °C, 24 h); 容重采用环刀法测定; 有机质采用重铬酸钾氧化-外加加热法测定; 全氮采用硫酸-高氯酸消化开氏定氮法测定; 有效磷采用 0.5 mol L⁻¹ NaHCO₃ 浸提紫外分光光度法测定; 速效钾采用 1 mol L⁻¹ 醋酸铵浸提, 火焰光度法测定; 水解性氮采用碱解扩散法测定; 全磷采用 H₂SO₄-HClO₄

消煮-钼锑抗比色法测定; 全钾采用 NaOH 熔融-火焰光度法。所有指标每份土样至少测定 3 个平行, 取其平均值。

使用美国 OMEGA 公司 Soil DNA KIT 试剂盒提取土壤总 DNA, 详细步骤参考试剂盒说明书, 之后将 DNA 样品送往上海生工生物科技有限公司进行高通量测序。土壤细菌以 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 为引物, 对 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增, 反应体系为 20 μL, 4 μL 5 × FastPfu 缓冲液, 2 μL 2.5 mM dNTPs, 0.8 μL 引物 (5 μM), 0.4 μL FastPfu 聚合酶; 10 ng DNA 模板, 扩增程序为: 95 °C 预变性 3 min, 27 个循环 (95 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s), 最后 72 °C 延伸 10 min。土壤真菌以 R_ITS1 (CCTACACGACGCTCTTCCGA TCTCG (Barcode) CTTGGTCATTTAGAGGAAGT AA) 和 F_5.8S (CTGGAGTTCCTTGGCACCCGAG AATTCCAAGCGCTGCGTTCTTCATCG) 为引物, 对真菌 ITS 区进行 PCR 扩增, 具体扩增程序与反应体系参照陆梅所述方法^[28], 最后利用 Miseq 高通量测序仪进行 2 × 300 bp 双端测序 (paired-end)。

1.4 数据分析

土壤理化数据使用 SPSS 软件和 Excel 软件进行处理分析, 且显著性水平设为 $P < 0.05$, 变量之间的显著性差异均采用单因素方差分析 (One-way Analysis), 并利用 Duncan 多重比较进行检验。计算微生物 α 多样性采用 Chao1 指数和 ACE 指数表征微生物群落丰富度; 采用 Shannon 指数和 Simpson 指数表征群落多样性。同时利用 Mothur 软件分析, 将相似性大于 97% 的序列归为同一种可操作分类单元 (OTU), 并计算不同土地利用方式下 Bray-Crutis 距离, 绘制 PCoA 图及相似性分析 (ANOSIM) 样地间微生物 β 多样性差异。采用 Mantel 分析理化性质对微生物群落结构及多样性的影响, 其中土壤理化数据作为环境变量, 微生物群落相对丰度作为物种数据。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用方式下湿地土壤理化性质的变化特征

由表 2 可知, 与自然沼泽湿地相比, 耕作和放牧均显著改变了土壤理化性质。耕地和放牧显著降

表 2 纳帕海高原湿地土地利用方式下土壤理化特征
Table 2 Soil physical and chemical characteristics under different land use types in Napahai plateau wetland

项目 Item	沼泽湿地 RW	放牧草地 GM	耕地 AW	F值 F Value	P值 P Value
含水量 (%)	106.15 ± 0.47 a	20.24 ± 1.52 b	19.99 ± 0.25 b	3079.59	< 0.001
pH值 (水土比1:2.5)	7.92 ± 0.01 a	5.92 ± 0.12 b	7.99 ± 0.05 a	2567.74	< 0.001
有机质 (g kg ⁻¹)	138.20 ± 4.29 a	48.63 ± 6.60 b	50.80 ± 3.24 b	13179.58	< 0.001
全氮 (g kg ⁻¹)	9.22 ± 0.20 a	1.17 ± 0.04 c	1.74 ± 0.03 b	3103.75	< 0.001
全磷 (g kg ⁻¹)	0.64 ± 0.01 c	0.73 ± 0.01 b	1.33 ± 0.09 a	1734.58	< 0.001
全钾 (g kg ⁻¹)	10.76 ± 0.36 b	7.38 ± 0.18 c	15.13 ± 1.28 a	322.00	< 0.001
速效氮 (mg kg ⁻¹)	627.75 ± 2.29 a	308.92 ± 1.36 b	253.99 ± 1.43 c	39100.35	< 0.001
速效磷 (mg kg ⁻¹)	6.78 ± 0.16 b	3.87 ± 0.14 c	38.63 ± 0.51 a	370154.97	< 0.001
速效钾 (mg kg ⁻¹)	176.76 ± 0.90 b	104.35 ± 1.44 c	432.45 ± 4.57 a	2491.24	< 0.001
C/N	8.75 ± 0.37 c	24.22 ± 3.29 a	16.88 ± 0.93 b	67.39	< 0.001
容重 (g cm ⁻³)	0.45 ± 0.01 c	1.46 ± 0.01 a	1.17 ± 0.01 b	3424.56	< 0.001

注: 表中数据为平均值 ± 标准误, 同行不同小写字母表示不同土地利用类型差异显著 ($P < 0.05$)。

低了全氮、有机质、土壤含水量和速效氮的含量 ($P < 0.05$): 全氮 ($9.22 \sim 1.17 \text{ g kg}^{-1}$) 和有机质 ($138.20 \sim 48.63 \text{ g kg}^{-1}$) 表现为 $RW > AW > GM$, 土壤含水量 ($106.15 \sim 19.99\%$) 和速效氮 ($627.75 \sim 253.99 \text{ mg kg}^{-1}$) 表现为 $RW > GM > AW$; 耕地和放牧显著提高了土壤容重、全磷、碳氮比 ($P < 0.05$): 其中容重 ($0.45 \sim 1.46 \text{ g cm}^{-3}$) 和碳氮比 ($8.75 \sim 24.22$) 表现为 $GM > AW > RW$, 全磷表现为 $AW > GM > RW$ 。此外, 速效磷 ($3.87 \sim 38.63 \text{ mg kg}^{-1}$)、速效钾 ($104.35 \sim 432.45 \text{ mg kg}^{-1}$) 和全钾 ($7.38 \sim 15.13 \text{ g kg}^{-1}$) 均表现为 $AW > RW > GM$ 。综上表明, 耕作和放牧均减少了土壤碳氮的含量, 加速了土壤碳氮储量的转化; 耕作能够显著提高土壤磷钾的含量, 有利于土壤磷钾的积累; 放牧则显著减少速效养分的含量, 增加湿地土壤速效养分的消耗 ($P <$

0.05)。

2.2 不同土地利用方式下土壤微生物多样性的变化特征

2.2.1 土壤微生物 α 多样性

与自然沼泽湿地相比, 耕作和放牧显著改变了土壤细菌、真菌群落 OTU 丰富度和 α 多样性指数 (表 3)。土壤微生物 α 多样性反映组内物种分度及多样性, 包括香农指数 (Shannon)、辛普森指数 (Simpson)、艾斯指数 (ACE) 和赵氏指数 (Chao1)。其中 Shannon 指数和 Simpson 指数用于估算样品中微生物多样性的高低。Shannon 指数越大, 微生物群落多样性越高; Simpson 指数为样品中随机两个个体属于同种的概率, 因此, Simpson 指数越大, 微生物群落多样性越低。ACE 指数和 Chao1 指数用于计算群落中的物种数, 其数值越高, 物种丰富度越高。

表 3 土地利用方式变化对纳帕海高原湿地土壤微生物群落 α 多样性的影响
Table 3 Effect of soil land use change on alpha diversity of soil microbial communities in the Napahai plateau wetlands

土壤微生物 Soil microorganism	利用方式 Land use type	OTU	Shannon指数 Shannon index	Simpson指数 Simpson index	ACE指数 ACE index	Chao1指数 Chao1 index
细菌	RW	4056 ± 8.00 c	6.18 ± 0.01 c	0.0137 ± 0.00019 a	5658.01 ± 4.88 c	5374.08 ± 13.62 c
	GM	5452 ± 16.84 b	6.99 ± 0.05 b	0.0043 ± 0.00014 b	7077.42 ± 13.99 b	6707.21 ± 22.33 b
	AW	5642 ± 13.67 a	7.14 ± 0.02 a	0.0020 ± 0.00015 b	7317.42 ± 33.37 a	6965.22 ± 31.67 a
	F值	1403.90	89.19	872.47	535.10	378.06
	P值	0.000**	0.000**	0.000**	0.000**	0.000**
真菌	RW	364 ± 1.01 c	3.12 ± 0.03 c	0.092 ± 0.0037 a	380.56 ± 0.84 c	379.17 ± 0.68 c
	GM	513 ± 18.39 b	3.58 ± 0.01 b	0.081 ± 0.00013 b	534.22 ± 0.48 b	522.25 ± 0.23 b
	AW	653 ± 3.21 a	3.93 ± 0.04 a	0.079 ± 0.0021 b	685.84 ± 1.98 a	671.43 ± 2.02 a
	F值	62.10	71.13	20.88	18563.15	22548.60
	P值	0.000**	0.000**	0.002**	0.000**	0.000**

注: **表示显著性水平为0.01, 表中数据为平均值 ± 标准误, 同列不同小写字母表示不同土地利用类型差异显著 ($P < 0.05$)。

由表 3 可知, 耕作和放牧显著增加土壤细菌群落 Shannon 指数 ($6.18 \sim 7.14$)、ACE 指数 ($5658.01 \sim 7317.42$) 和 Chao1 指数 ($5374.08 \sim$

6965.22) ($P < 0.01$), 表现为 $AW > GM > RW$; 显著减少 Simpson 指数 ($0.0020 \sim 0.0137$) ($P < 0.01$), 表现为 $AW < GM < RW$ 。耕作和放牧显著

增加土壤真菌群落 Shannon 指数 (3.12 ~ 3.93) 、 ACE 指数 (380.56 ~ 685.84) 和 Chao1 指数 (379.17 ~ 671.43) , 表现为 AW > GM > RW ; 显著降低了 Simpson 指数 (0.079 ~ 0.092) ($P < 0.01$) , 表现为 AW < GM < RW 。 综上表明, 耕作和放牧均显著增加自然湿地土壤微生物多样性, 且耕地土壤微生物多样性最高, 更有利于大多微生物的生长繁殖。

2.2.2 土壤微生物 β 多样性 β 多样性能够反映样地间微生物群落差异。因此, 利用微生物 OUT 数目计算不同土地利用方式下 Bray - Crutis 距离, 绘制 PCoA (图 2) 和 ANOSIM 相似性 (图 3) 图, 分析样地间微生物 β 多样性差异。如 PCoA 图所示, 细

菌真菌的轴 1 和轴 2 之和均大于 50%, 因而能够很好地解释样地间的差异。图中不同利用方式下土壤样点间距离较远, 说明三种利用方式间细菌和真菌群落结构差异均显著 ($P < 0.05$) 。如 ANOSIM 图所示, 横坐标表示所有样品 (Between) 以及各分组 (AW、GM、RW), 纵坐标表示 Bray-Crutis 距离的秩。图中细菌和真菌的 Between 组显然高于样地分组, 说明组间差异大于组内差异; 且不同利用方式细菌 ($R = 0.89, P = 0.003$) 和真菌 ($R = 0.86, P = 0.004$) 显著性较高, 说明湿地利用方式改变会显著改变微生物群落结构。

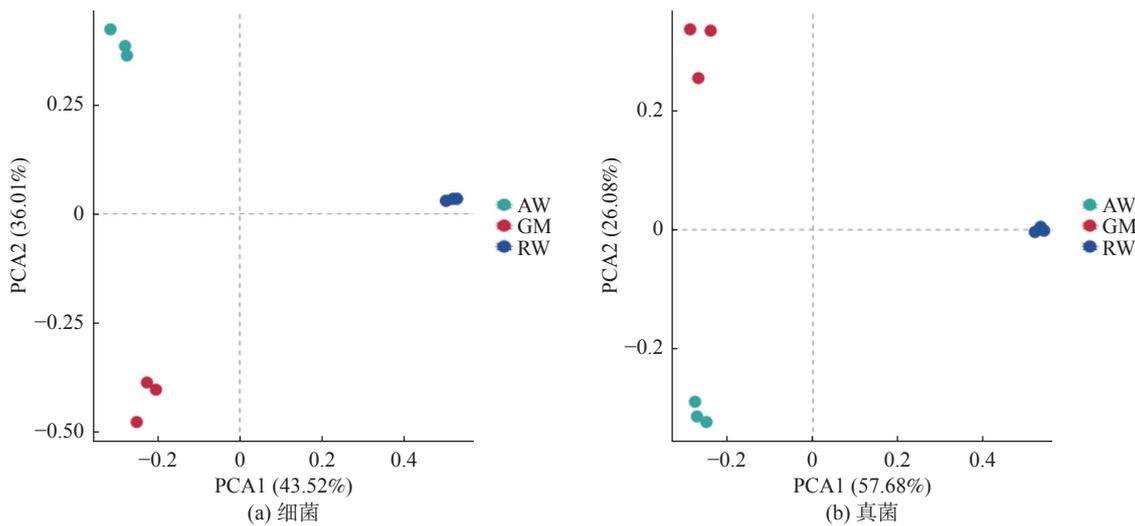


图 2 不同土地利用方式土壤细菌(a)和真菌(b) β 多样性的 PCoA 分析
Fig.2 PCoA analysis for the β -diversities of soil bacteria (a) and fungi (b) in different land use modes

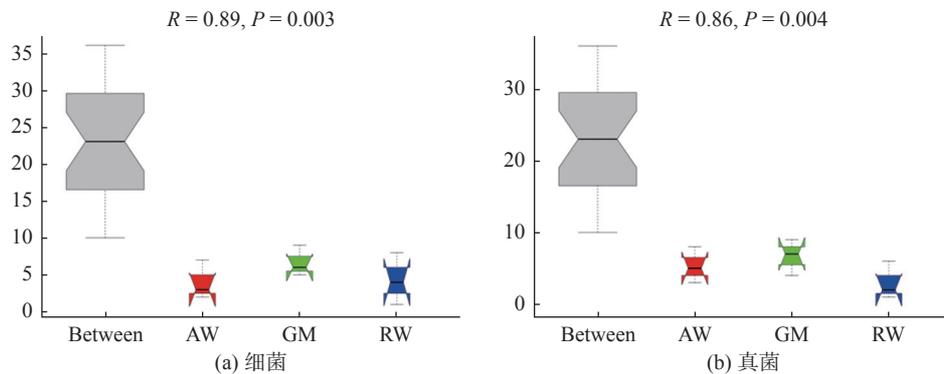
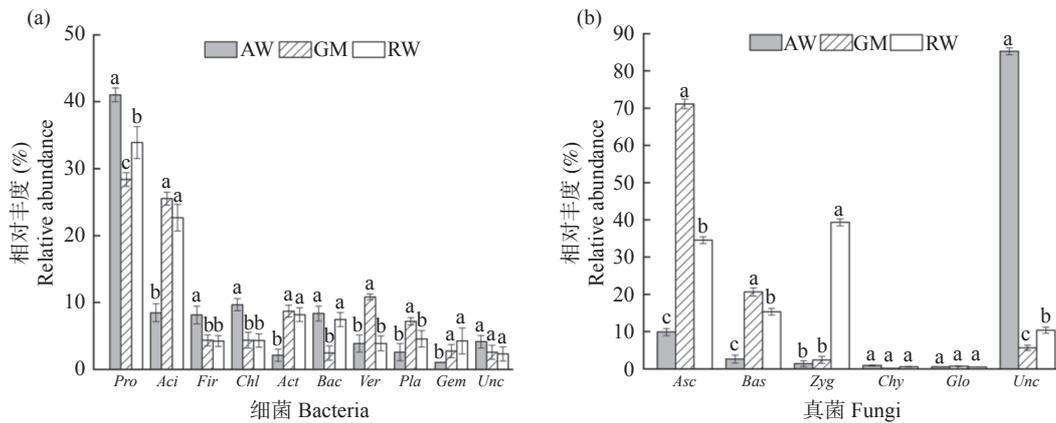


图 3 不同土地利用方式土壤细菌(a)、真菌(b) ANOSIM 分析
Fig.3 Analysis of β -diversity similarities of soil bacteria (a) and fungi (b) in different land use patterns

2.3 不同土地利用下土壤微生物群落组成及结构的变化特征

2.3.1 土壤细菌和真菌门水平群落组成及结构 三种利用方式土壤中共检测出 9 个细菌门 (图 4a) 和

5 个真菌门 (图 4b) 。与自然沼泽湿地相比较, 耕作和放牧显著改变土壤细菌门水平的群落组成 (图 4a) , 且影响各不相同。湿地耕作显著增加绿弯菌门 (增加比例为 123.61%) 、厚壁菌门



注:AW: 耕地; GM: 放牧草地; RW: 自然湿地; Pro: 变形菌门 Proteobacteria; Aci: 酸杆菌门 Acidobacteria; Fir: 厚壁菌门 Firmicutes; Chl: 绿弯菌门 Chloroflexi; Act: 放线菌门 Actinobacteria; Bac: 拟杆菌门 Bacteroidetes; Ver: 疣微菌门 Verrucomicrobia; Pla: 浮霉菌门 Planctomycetes; Gem: 芽单胞菌门 Gemmatimonadetes; Asc: 子囊菌门 Ascomycota; Bas: 担子菌门 Basidiomycota; Zyg: 接合菌门 Zygomycota; Chy: 壶菌门 Chytridiomycota; Glo: 球囊菌门 Glomeromycota; Unc: 未分类 Unclassified

图 4 土地利用方式变化对纳帕海高原湿地土壤微生物群落组成的影响(门水平)

Fig.4 Effects of soil land-use types on soil microbial community composition at phyla level in the Napahai plateau wetlands

(91.98%)、变形菌门(21.07%),而显著减少和芽单胞菌门(减少比例为75.29%)、放线菌门(74.3%)、酸杆菌门(62.7%)、浮霉菌门(43.86%) ($P < 0.05$);放牧显著增加疣微菌门(179.12%)、浮霉菌门(57.46%),显著减少拟杆菌门(67.16%)、芽单胞菌门(36.47%)、变形菌门(16.23%) ($P < 0.05$)。

与自然沼泽湿地相比较,耕作和放牧显著改变土壤真菌门水平群落组成(图3b),且影响各不相同。湿地耕作显著增加未分类真菌门(722.97%),显著降低接合菌门(96.47%)、担子菌门(82.84%)、子囊菌门(71.33%) ($P < 0.05$);放牧使子囊菌门(105.94%)、担子菌门(34.57%)显著增加,使接合菌门显著减少了15倍 ($P < 0.05$)。

2.3.2 土壤细菌和真菌纲水平群落组成及结构 16S rRNA 基因测序结果(表4)显示:自然湿地、放牧草地、耕地土壤中共检19个优势纲(相对丰度 > 1%)。与自然沼泽湿地相比较,耕作和放牧显著改变了纲水平下土壤细菌群落的组成(表4)。耕作显著增加了5个细菌纲的相对丰度 ($P < 0.05$),分别是梭菌纲(增加比例398.55%)、 δ -变形菌纲(163.42%)、厌氧绳菌纲(162.45%)、未分类细菌(68.88%)以及r-变形菌纲(40.79%),且特有拟杆菌纲;显著减少 α -变形杆菌纲(64.93%)、Gp6(74.18%)、放线菌纲(72.99%)、Gp16(26.98%)、鞘脂杆菌纲(68.63%)以及浮霉菌纲(56.37%) ($P < 0.05$),且芽胞杆菌纲、Gp7、

Gp4和芽单胞菌纲消失。放牧显著增加浮霉菌纲(83.47%)、 δ -变形菌纲(45.62%)、Gp7(45%)和Gp4(26.91%) ($P < 0.05$),同时新出现斯巴杆菌纲和Gp1菌纲;显著降低Gp6(54.91%)、芽单胞菌纲(35.76%)和r-变形菌纲(14.63%) ($P < 0.05$), β -变形菌和Gp16消失。

土壤真菌群落结构下,自然湿地、放牧草地、耕地土壤中共检测出9个优势纲(相对丰度 > 1%)。与自然沼泽湿地相比较,耕作和放牧显著改变了纲水平下土壤真菌的群落组成(表5)。耕作显著降低了粪壳菌纲(90.56%)、座囊菌纲(53.47%)、锤舌菌纲(50.25%) ($P < 0.05$);放牧使散囊菌纲(694.90%)、子囊菌纲(102.50%)和座囊菌纲(37.62%)显著增加,但使伞菌纲(75.91%)和粪壳菌纲(70.57%)显著降低 ($P < 0.05$),且出现了古菌根菌纲(相对丰度28.47%)、担子菌纲(相对丰度16.65%)。

2.3.3 微生物群落组间差异 LEfSe 分析 图5为细菌(a)、真菌(b)差异物种进化分支图。图中差异不显著的物种标记为黄色节点,红色节点表示在AW中起到重要作用的微生物类群,绿色节点表示GM,蓝色节点则表示RW,节点的大小表示物种丰度。如图所示,主要差异细菌包括 Acidobacteria 门、Deltaproteobacteria 纲、Betaproteobacteria 纲、Alphaproteobacteria 纲、Acidobacteria 纲、Clostridia 纲和 Bacilli 纲等;主要差异真菌是 Basidiomycota 门(担子菌门)、Sordariomycetes 纲、

表 4 土地利用方式改变对纳帕海高原湿地土壤细菌群落组成的影响(纲水平, 相对丰度 > 1%)

Table 4 Effects of soil land-use types on soil bacterial community compositions at class level (> 1%) in the Napahai plateau wetlands

门 Phyla	纲 Class	相对丰度 (%) Relative abundance		
		AW	GM	RW
变形菌门 (Proteobacteria)	δ-变形菌纲 (Deltaproteobacteria)	18.94 ± 0.02 a	10.47 ± 0.03 b	7.19 ± 0.01 c
	β-变形菌纲 (Betaproteobacteria)	8.59 ± 0.03 a	—	7.62 ± 0.04 a
	α-变形菌纲 (Alphaproteobacteria)	4.58 ± 0.09 c	7.79 ± 0.01 b	13.06 ± 0.13 a
	γ-变形菌纲 (Gammaproteobacteria)	8.18 ± 0.05 a	4.96 ± 0.25 c	5.81 ± 0.10 b
	r-变形菌纲 (Rhodospirillales)	7.27 ± 0.12 a	2.73 ± 0.06 b	2.77 ± 0.02 b
绿弯菌门 (Chloroflexi)	厌氧绳菌纲 (Anaerolineae)	7.27 ± 0.12 a	2.73 ± 0.06 b	2.77 ± 0.02 b
厚壁菌门 (Firmicutes)	梭菌纲 (Clostridia)	6.88 ± 0.05 a	1.57 ± 0.02 b	1.38 ± 0.04 b
	芽胞杆菌纲 (Bacilli)	—	2.42 ± 0.03 a	2.29 ± 0.01 a
疣微菌门 (Verrucomicrobia)	斯巴杆菌纲 (Spartobacteria)	—	7.61 ± 0.06 a	—
酸杆菌门 (Acidobacteria)	Acidobacteria_Gp7	—	2.32 ± 0.03 a	1.60 ± 0.05 b
	Acidobacteria_Gp6	2.56 ± 0.09 c	4.73 ± 0.05 b	10.49 ± 0.12 a
	Acidobacteria_Gp16	1.38 ± 0.02 b	—	1.89 ± 0.02 a
	Acidobacteria_Gp3	—	1.45 ± 0.02 a	—
	Acidobacteria_Gp4	—	6.32 ± 0.04 a	4.98 ± 0.05 b
	Acidobacteria_Gp1	—	5.32 ± 0.03 a	—
拟杆菌门 (Bacteroidetes)	拟杆菌纲 (Bacteroidia)	5.64 ± 0.05 a	—	—
	鞘脂杆菌纲 (Sphingobacteriia)	1.44 ± 0.03 b	1.92 ± 0.01 b	4.59 ± 0.12 a
放线菌门 (Actinobacteria)	放线菌纲 (Actinobacteria)	2.08 ± 0.02 b	8.20 ± 0.12 a	7.70 ± 0.21 a
浮霉菌门 (Planctomycetes)	浮霉菌纲 (Planctomycetia)	1.61 ± 0.02 c	6.77 ± 0.01 a	3.69 ± 0.03 b
芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)	芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)	—	2.73 ± 0.03 b	4.25 ± 0.03 a
未分类	未分类	11.18 ± 0.04 a	5.34 ± 0.02 b	6.62 ± 0.02 b

注: 表中“—”表示该菌纲相对丰度 < 1%, 表中数据为平均值 ± 标准误, 同行不同小写字母表示不同土地利用类型差异显著 (P < 0.05)。

表 5 土地利用方式变化对纳帕海高原湿地土壤真菌群落组成的影响(纲水平, 相对丰度 > 1%)

Table 5 Effects of soil land-use types on soil fungal community compositions at class level (> 1%) in the Napahai plateau wetlands

门 Phyla	纲 Class	相对丰度 (%) Relative abundance		
		AW	GM	RW
子囊菌门 (Ascomycota)	散囊菌纲 (Eurotiomycetes)	3.52 ± 0.92 b	24.96 ± 0.94 a	3.14 ± 0.84 b
	粪壳菌纲 (Sordariomycetes)	2.11 ± 0.64 c	6.58 ± 1.18 b	22.36 ± 0.96 a
	座囊菌纲 (Dothideomycetes)	1.88 ± 0.71 c	5.56 ± 0.78 a	4.04 ± 0.90 b
	锤舌菌纲 (Leotiomycetes)	1.01 ± 0.20 b	1.96 ± 0.77 a	2.01 ± 1.12 a
	古菌根菌纲 (Archaeorhizomycetes)	—	28.47 ± 0.94 a	—
	子囊菌纲 (Ascomycetes)	—	3.24 ± 1.29 a	1.60 ± 0.57 b
担子菌门 (Basidiomycota)	担子菌纲 (Basidiomycota)	—	16.65 ± 0.98 a	—
	伞菌纲 (Agaricomycetes)	—	2.84 ± 0.83 b	11.79 ± 0.90 a
	银耳纲 (Tremellomycetes)	—	—	2.97 ± 1.00 a
未分类	未分类	87.06 ± 1.28 a	8.69 ± 1.20 c	50.95 ± 1.22 b

注: 表中“—”表示该菌纲相对丰度 < 1%, 表中数据为平均值 ± 标准误, 同行不同小写字母表示不同土地利用类型差异显著 (P < 0.05), 最大平均数标记为 a。

Eurotiomycetes 纲、Leotiomycetes 纲等。

2.4 土壤理化性质与微生物多样性指数的 Mantel test 分析

图 6 为土壤理化因子与微生物群落多样性关系的 Mantel test 分析, 图中线条的粗细表示 Mantel's r 值, 颜色表示 Mantel's P 值。土壤有机质 (OM)、全氮 (TN)、速效氮 (AN) 以及含水量 (MC) 与微生物多样性的曼特尔显著值最小 (Mantel's $P < 0.01$), 且均对微生物多样性的解释值最大 (Mantel's

$r = 0.5 \sim 0.7$), 表明土壤碳氮含量与水分的高低是调控微生物多样性的主要因子。其中, 土壤 OM、TN、AN、MC 四种理化因子均与微生物 Simpson 指数呈极显著正相关 (图 5b), 而与 Shannon 指数、ACE 指数、Chao1 指数、OTU 指数呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 表明土壤 OM、TN、AN、MC 会对土壤微生物多样性产生显著的负效应; 土壤全磷 (TP) 和容重 (BD) 与土壤微生物多样性之间存在显著的正效应, 不同之处是 TP 与真菌多样性呈极显著的正

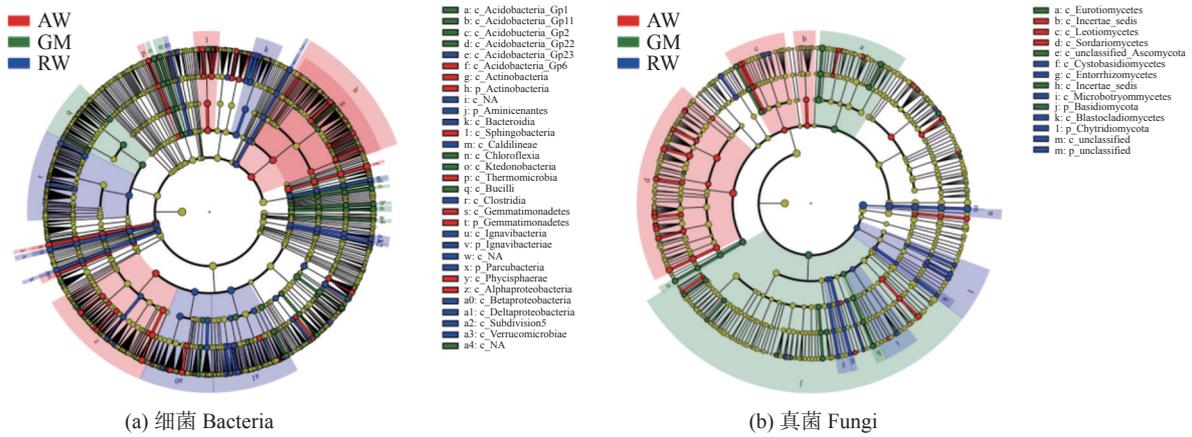
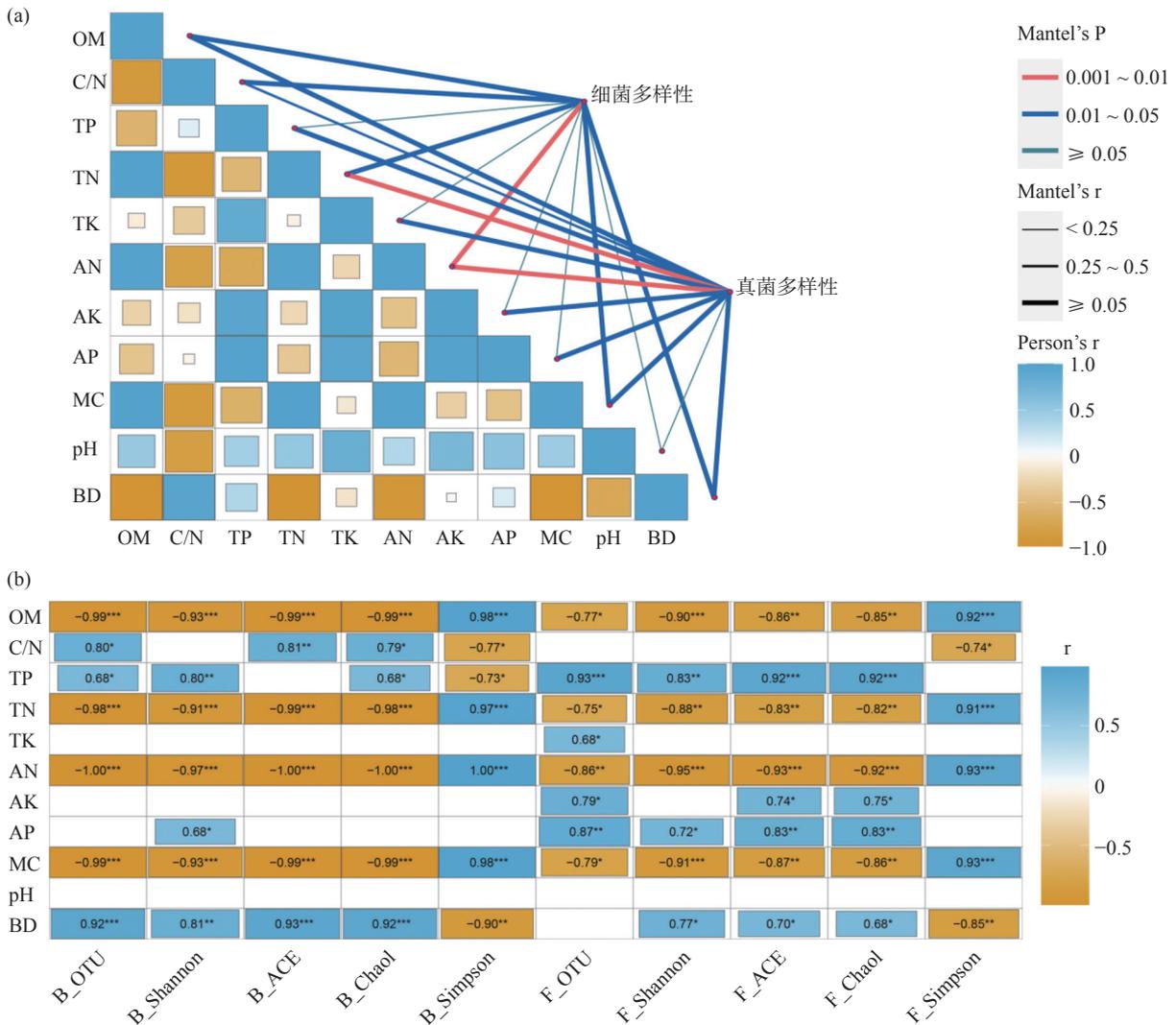


图 5 不同利用方式下土壤微生物 LefSe 分析
Fig.5 LefSe analysis of soil microbial community compositions in different land use patterns



注:MC: 土壤含水量; BD: 容重; OM: 有机质; CN: 碳氮比; TN: 全氮; TP: 全磷; TK: 全钾; AN: 速效氮; AK: 速效钾; AP: 速效磷; BS: 细菌香农指数; BA: 细菌 ACE 指数; BC: 细菌赵氏指数; BM: 细菌优势度指数; BO: 细菌 OUT 指数; FS: 真菌香农指数; FA: 真菌 ACE 指数; FC: 真菌赵氏指数; FM: 真菌优势度指数; FO: 真菌 OUT 指数。

图 6 土壤理化因子与微生物群落多样性关系的 Mantel test 分析
Fig.6 Mantel analysis on the relationships between soil physicochemical factors and microbial community diversities

相关 ($P < 0.01$)，而 BD 与细菌多样性呈极显著正相关 ($P < 0.01$)。

2.5 土壤理化性质与微生物群落组成的 Mantel test 分析

2.5.1 门水平 由图 7a 可知，土壤速效磷 (AP)、全钾 (TK) 和速效钾 (AK) 和微生物群落门水平的曼特尔显著值最小 (Mantel's $P < 0.01$)，虽然 TP 对细菌群落曼特尔显著值小于 0.05，但上述 4 理化因子均对微生物群落的解释值最大 (Mantel's $r \geq 0.5$)，表明土壤磷钾含量的高低是调控微生物群落组成随

土地利用变化的主要影响因素。理化因子与微生物群落门水平存在不同程度的相关性 (图 7b)。其中，TP 与厚壁菌门、绿弯菌门呈极显著正相关，而与酸杆菌门、拟杆菌门、担子菌门呈极显著负相关 ($P < 0.01$)；AP 与未分类真菌门呈极显著正相关 ($P < 0.01$)；TK 与变形菌门、壶菌门呈极显著正相关，但与酸杆菌门、子囊菌门和担子菌门呈极显著负相关 ($P < 0.01$)；AK 与变形菌门呈极显著正相关，与酸杆菌门呈极显著负相关。

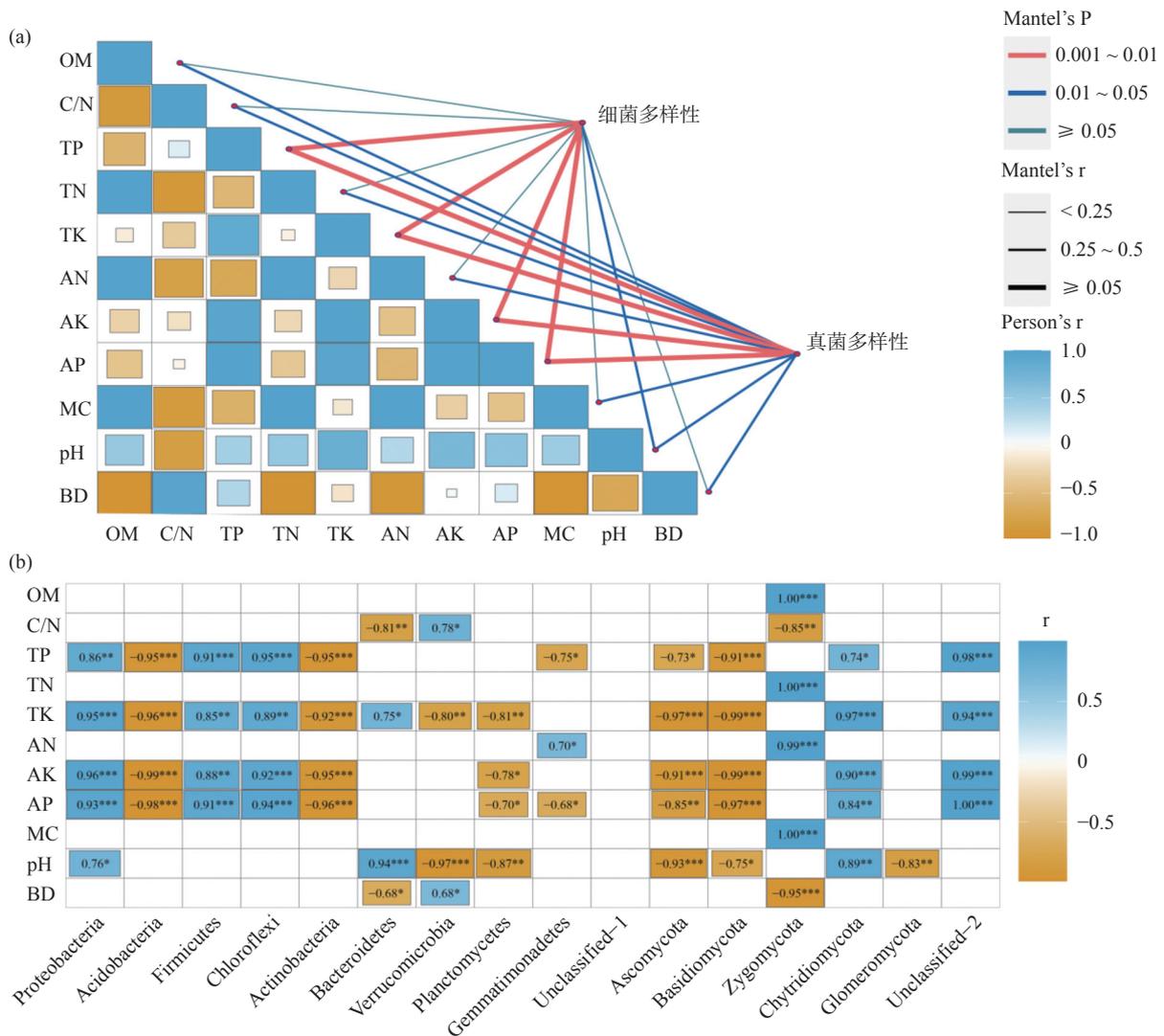


图 7 土壤理化因子与微生物群落结构关系的 Mantel test 分析(门水平)

Fig.7 Mantel analysis on the relationships between soil physicochemical factors and microbial community structures at phyla level

2.5.2 纲水平 由图 8a 可知，土壤 AK、AP、TK、TP 和 pH 是影响微生物群落纲水平的主要因子 (Mantel's $P < 0.01$, Mantel's $r \geq 0.5$)。理化因子与微生物群落纲水平存在不同程度的相关性 (图 8b)。

其中，AK、AP、TK、TP 与细菌 *Anaerolineae*、*Clostridia*、*Bacteroidia* 呈极显著正相关，与 *Actinobacteria*、*Bacilli*、*Acidobacteria_Gp4*、*Acidobacteria_Gp3* 呈极显著负相关 ($P < 0.01$)；

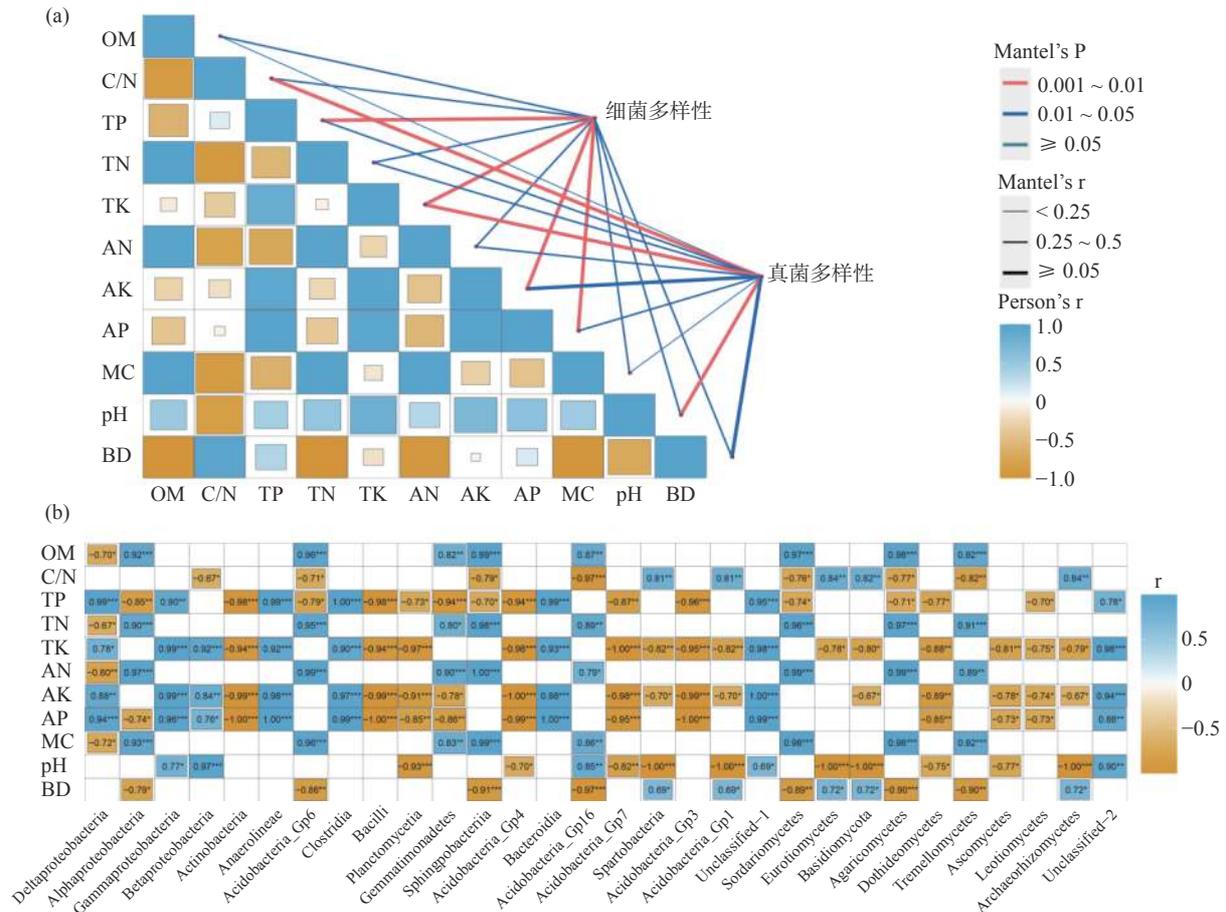


图 8 土壤理化因子与微生物群落结构关系的 Mantel test 分析(纲水平)

Fig.8 Mantel analysis of the relationships between soil physicochemical factors and microbial community structures at class level

TOM、TN、AN、MC 与真菌 Sordariomycetes、Agaricomycetes、Tremellomycetes 呈极显著正相关, pH 与真菌 Eurotiomycetes、Basidiomycota、Archaeorhizomycetes 呈极显著负相关 ($P < 0.01$)。

3 讨论

3.1 湿地土地利用方式变化对土壤理化性质的影响

土地利用方式变化会引起外源输入土壤有机物及植物残体质量的改变, 进而形成了不同土地利用类型下土壤理化状况的差异性^[29]。本研究发现, 与自然沼泽湿地比较, 耕作和放牧显著降低湿地土壤含水量和碳氮养分含量, 这可能由于湿地排干垦殖后, 土壤含水率大大降低, 淹水的厌氧环境逐渐被好氧环境所取代, 导致好氧微生物的大量繁殖, 从而加速土壤有机碳分解而抑制碳氮养分的积累^[30-31]。在“湿转牧”的过程中, 动物的踩踏及啃食行为减少地表植物覆盖, 导致地上生物量及枯落物也随之减少, 土壤碳氮养分含量显著降低^[32]。特别是家畜长期放牧对湿地土壤进行翻拱和啃食, 导致湿地土壤逐渐形

成大片斑块状裸地, 最终导致放牧草地土壤养分的含量显著低于耕地^[24]。

湿地耕作使土壤磷、钾含量大幅增加, 且显著高于自然湿地和放牧草地, 已有研究亦表明湿地垦殖在一定年限内会显著增加磷的含量^[33], 这是由于湿地耕作过程伴随着外源性有机肥的输入, 提高了土壤碳氮磷养分的可利用性, 同时人为施入的磷元素在土壤中易于被铁、铝固定形成磷酸盐, 进而造成磷素在土壤表层大量积累^[34-35]。另外, 藏香猪及其他家畜的踩踏行为导致土壤物理性质变差, 主要表现为容重增大、水分和孔隙度减小、通气透水性减弱, 并促进厌氧生物化学过程^[36]。

3.2 湿地土地利用方式变化对土壤微生物结构的影响

土地利用是人类活动和自然作用相互影响的过程, 人为干扰导致土壤通气性、酸碱度及土壤养分状况的改变, 由于不同微生物类群对温湿度变化的敏感性不同, 进而影响到微生物群落的组成和结构^[37]。

本研究中,土地利用方式导致土壤碳、磷和钾养分含量变化是影响微生物群落结构的重要因素,这与秦红等^[38]和钱凤魁等^[39]的研究结果类似。在纳帕海湿耕过程中,变形菌门细菌和厚壁菌门真菌为代表的优势类群相对丰度呈显著的增加趋势,而芽单胞菌门细菌、接合菌门真菌的相对丰度却呈显著减少趋势。这可能是由于变形菌门、厚壁菌门与可利用碳含量呈正相关关系,具有好养、喜弱碱的特征^[40],而芽单胞菌门和接合菌门具有嗜酸、寡营养的特征^[41-42]。在耕作过程中,施肥及翻耕导致土壤变酸及磷钾养分含量增加,进而使共营养的变形菌门和厚壁菌门微生物呈显著增加趋势,而贫营养的芽单胞菌门和接合菌门则呈相反的变化格局^[43]。

放牧区以疣微菌门细菌、子囊菌门真菌为代表的优势类群呈显著增加趋势,而细菌拟杆菌门、真菌接合菌门则呈显著的减小趋势。研究表明,疣微菌门和子囊菌门微生物数量变化与土壤多糖降解有关^[44]。放牧过程中牲畜的粪便中主要包含各种糖类和无机盐,进而为其繁殖和数量增长提供了有利条件。但纳帕海湿地牦牛和藏香猪放牧,践踏土壤、取食植物地上部分、对原位土壤进行剧烈翻拱扰动,破坏地表植物,使表层土壤裸露,破坏地下草根层造成土壤结构发生改变^[45],从而导致放牧区土壤可获得的凋落物来源少,土壤碳氮养分含量低,不利于共营养微生物(拟杆菌、接合菌)的繁殖^[46]。

3.3 湿地土地利用方式变化对湿地土壤微生物多样性的影响

土地利用方式变化引起土壤结构、水分、养分状况及微生物量的显著改变^[47],从而直接或间接地引起土壤微生物多样性的改变^[48]。本研究中,湿地耕作和放牧显著增加土壤微生物 α 多样性,且不同利用方式下微生物群落 β 多样性差异显著。湿地耕作和放牧过程中,土壤水分不断排干、土地翻松以及动物的翻拱等行为,显著改善土壤通气透水性,形成了一个通气性较好且有利于土壤有机质分解和土壤硝化过程的土壤环境^[49];而有机肥及动物的粪便能够为微生物提供生命活动所需的物质能量,进而提供了繁殖和生存的有利条件,导致微生物多样性呈上升的趋势,这与多数湿地相关研究结论一致^[50-51]。

耕作方式下土壤微生物多样性显著高于放牧。这是由于人为耕作使土壤最为疏松,土壤水气交换快,且土壤养分含量相对较高,更有利于微生物生

长繁殖;而放牧行为则会导致土壤紧实,微生物生命活动所需的土壤通气状况及养分含量相对较低,进而对微生物多样性产生一定的负影响。另外,全磷含量与土壤微生物多样性之间则呈显著的正相关关系,说明全磷通过刺激土壤细菌与真菌数量增长,从而对微生物多样性产生正向影响^[52]。研究表明土壤微生物的生长以及细胞代谢活动有关。P是细胞的基本组成元素,较高的土壤P供给能够刺激细菌与真菌数量增长,同时旺盛的微生物代谢活动能够促进P的分解和释放^[53]。因此,土地利用变化引起水文条件及土壤养分状况的改变,通过影响细菌与真菌的营养需求和代谢过程,进而对土壤微生物多样性产生重要调控作用。

4 结论

长期耕作和放牧导致纳帕海湿地土壤理化性质、微生物群落结构及多样性发生显著改变。耕地和放牧导致土壤水分、有机质及氮含量显著减少(65%~87%),磷钾含量显著增加(14%~470%);耕作和放牧显著增加土壤细菌与真菌 α 和 β 多样性;土地利用方式变化导致土壤细菌群落仍以变形菌门、酸杆菌门为主但相对丰度发生显著改变,真菌群落则呈接合菌门为主到子囊菌门为主的转变。因此,高原原生湿地演变为耕地和放牧草地过程,引起湿地旱化、土壤碳氮养分降低及磷钾含量增加,导致高原湿地土壤微生物多样性及富营养微生物丰度的增加,而贫营养微生物丰度的减少。

参考文献:

- [1] Bertolazi A A, Folli-Pereira M, Caione G, et al. Linking plant nutritional status to plant-amf interactions[J]. 2018, 8(7): e68555.
- [2] 程淑兰,方华军,徐梦,等.氮沉降增加情景下植物-土壤-微生物交互对自然生态系统土壤有机碳的调控研究进展[J].生态学报,2018,38(23):8285-8295.
- [3] David P. H. Lejon, Rémi Chaussod, Jacques Ranger, et al. Microbial Community Structure and Density Under Different Tree Species in an Acid Forest Soil (Morvan, France) [J]. Microbial Ecology, 2005, 50(4): 614-625.
- [4] Yao H, He Z, Wilson M J, et al. Microbial Biomass and Community Structure in a Sequence of Soils with Increasing Fertility and Changing Land Use[J]. Microbial Ecology, 2000, 40(3): 223-237.
- [5] 毕明丽,宇万太,姜子绍,等.利用PLFA方法研究不同土地利用方式对潮棕壤微生物群落结构的影响[J].中国农业科学,2010,43(9):1834-1842.
- [6] Shuo J, Chen W M, Wang J L, 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. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0526-0>.
- [7] 邓楚璇, 周英, 李上官, 等. 基于高通量测序的土壤微生物群落结构对土地利用方式的响应[J]. *四川林业科技*, 2021, 42(1): 16–24.
- [8] 唐杰, 徐青锐, 王立明, 等. 若尔盖高原湿地不同退化阶段的土壤细菌群落多样性[J]. *微生物学通报*, 2011, 38(05): 677–686.
- [9] 秦红. 三峡消落带不同土地利用方式对土壤微生物多样性的影响[D]. 西南大学, 2017.
- [10] 吴兰, 程家劲, 贺勇, 等. 基于Biolog-Eco法对鄱阳湖不同湿地类型下土壤微生物功能多样性[J]. *南昌大学学报(理科版)*, 2020, 44(6): 585–592.
- [11] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2019, 40(5): 2375–2381.
- [12] 张杰, 胡维, 刘以珍, 等. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2015, 35(4): 965–971.
- [13] 张旭博, 徐梦, 史飞. 藏东南林芝地区典型农业土地利用方式对土壤微生物群落特征的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2020, 39(2): 331–342.
- [14] 许楠, 刑军会, 隋心, 等. 土地利用方式对高寒地区湿地土壤细菌群落结构和多样性的影响[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(24): 233–240.
- [15] 王婷, 张永超, 赵之重. 青藏高原退化高寒湿地植被群落结构和土壤养分变化特征[J]. *草业学报*, 2020, 29(4): 9–18.
- [16] 李宏林, 徐当会, 杜国祯. 青藏高原高寒沼泽湿地在退化梯度上植物群落组成的改变对湿地水分状况的影响[J]. *植物生态学报*, 2012, 36(5): 403–410.
- [17] 周文昌, 崔丽娟, 王义飞, 等. 若尔盖高原退化湿地土壤有机碳储量[J]. *水土保持研究*, 2017, 24(5): 27–32.
- [18] 顾城天, 罗彬, 王恒, 等. 若尔盖高原湿地水质演变特征及氮磷累积效应[J]. *水土保持研究*, 2020, 27(4): 47–53.
- [19] 王好才, 夏敏, 刘圣恩, 等. 若尔盖高原泥炭沼泽湿地土壤细菌群落空间分布及其驱动机制[J]. *生态学报*, 2021, 41(7): 2663–2675.
- [20] 亢宗静, 袁楠, 王莹燕, 等. 若尔盖高原湿地的真菌群落结构及低温纤维素降解真菌特征[J]. *土壤通报*, 2017, 48(4): 830–836.
- [21] 廖晓勇, 陈治谏, 王海明, 等. 西藏土地利用综合分区[J]. *山地学报*, 2009, 27(1): 96–101.
- [22] 张强, 马友鑫, 刘文俊, 等. 滇西北高原湿地区土地利用变化特征[J]. *山地学报*, 2007, (3): 265–273.
- [23] 张珍明, 林绍霞, 张清海, 等. 不同土地利用方式下草海高原湿地土壤碳、氮、磷分布特征[J]. *水土保持学报*, 2013, 27(6): 199–204.
- [24] 李璇, 马旭晨. 纳帕海不同土地利用方式下土壤有机碳分布特征[J]. *安徽农业科学*, 2017, 45(7): 100–103, 149.
- [25] 唐明艳, 杨永兴. 不同人为干扰下纳帕海湖滨湿地植被及土壤退化特征[J]. *生态学报*, 2013, 33(20): 6681–6693.
- [26] 田昆, 陆梅, 常凤来, 等. 云南纳帕海岩溶湿地生态环境变化及驱动机制[J]. *湖泊科学*, 2004, (1): 35–42.
- [27] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2013: 22–113.
- [28] 陆梅. 纳帕海湿地退化对土壤微生物群落结构及多样性的影响[D]. 北京: 北京林业大学, 2018.
- [29] 王明月, 毕荣璐, 熊智, 等. 农田利用方式对剑湖湿地土壤微生物多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2014, 45(3): 395–400.
- [30] 叶春, 蒲玉琳, 张世熔, 等. 湿地退化条件下土壤碳氮磷储量与生态化学计量变化特征[J]. *水土保持学报*, 2016, 30(6): 181–187, 192.
- [31] Wen Y, Lu X, Zhu Z H, et al. Shift in soil organic carbon and nitrogen pools in different reclaimed lands following intensive coastal reclamation on the coasts of eastern China[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 1–10.
- [32] 刘玉, 常小峰, 田福平, 等. 放牧对草地群落与土壤特征的影响[J]. *西北植物学报*, 2016, 36(12): 2524–2532.
- [33] 董芳辰, 刘晓光, 于杰, 等. 富锦市湿地不同开垦年限土壤养分时空分布特征研究[J]. *干旱区资源与环境*, 2017, 31(8): 167–174.
- [34] 魏艳. 水田耕作对泥炭沼泽土壤酶活性的影响[D]. 东北师范大学, 2019.
- [35] 常凤来, 田昆, 莫剑锋, 等. 不同利用方式对纳帕海高原湿地土壤质量的影响[J]. *湿地科学*, 2005, (2): 132–135.
- [36] 王芳芳, 徐欢, 李婷, 等. 放牧对草地土壤氮素循环关键过程的影响与机制研究进展[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(10): 3277–3284.
- [37] 宋敏, 邹冬生, 杜虎, 等. 不同土地利用方式下喀斯特峰丛洼地土壤微生物群落特征[J]. *应用生态学报*, 2013, 24(9): 2471–2478.
- [38] 秦红, 李昌晓, 任庆水. 不同土地利用方式对三峡库区消落带土壤细菌和真菌多样性的影响[J]. *生态学报*, 2017, 37(10): 3494–3504.
- [39] 钱凤魁, 周阳, 李婉宁, 等. 辽河口翅碱蓬湿地退化区土壤理化性质及生态阈值分析[J]. *土壤通报*, 2021, 52(5): 1085–1094.
- [40] 王轶. 长期施肥对温室和大田土壤微生物的影响[D]. 北京: 中国农业大学, 2014.
- [41] 陆梅, 孙向阳, 田昆, 任玉连, 王邵军, 王行, 彭淑娟. 纳帕海高原湿地不同退化阶段土壤真菌群落结构特征[J]. *北京林业大学学报*, 2018, 40(3): 55–65.
- [42] 张晓, 刘世荣, 黄永涛, 等. 辽东栎林演替过程中的土壤细菌群落结构和多样性变化[J]. *林业科学*, 2019, (10): 193–202.
- [43] 陈梨, 郑荣波, 郭雪莲, 等. 不同放牧对滇西北高原泥炭沼泽土壤氢氧化微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2020, 40(7): 2321–2332.
- [44] 余炎炎, 李梦莎, 刘啸林, 等. 大兴安岭典型永久冻土土壤细菌群落组成和多样性[J]. *微生物学通报*, 2020, 47(9): 2759–2770.
- [45] Rezapour S. Response of some soil attributes to different land use types in calcareous soils with Mediterranean type climate in north-west of Iran[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2014, 71(5): 2199–2210.
- [46] 邓娇娇, 朱文旭, 周永斌, 等. 不同土地利用模式对辽东山区土壤微生物群落多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(7): 2269–2276.
- [47] 俞慎, 何振立, 黄昌勇. 重金属胁迫下土壤微生物和微生物过程研究进展[J]. *应用生态学报*, 2003, (4): 618–622.
- [48] 徐飞, 蔡体久, 杨雪, 等. 三江平原沼泽湿地垦殖及自然恢复

- 对土壤微生物群落多样性的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(22): 7412 - 7421.
- [49] 王 雪, 郭雪莲, 郑荣波, 等. 放牧对滇西北高原纳帕海沼泽化草甸湿地土壤氮转化的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(7): 2308 - 2314.
- [50] 隋 心, 张荣涛, 许 楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, 37(9): 3598 - 3605.
- [51] 杜瑞芳, 李靖宇, 赵 吉. 乌梁素海湖滨湿地细菌群落结构多样性[J]. 微生物学报, 2014, 54(10): 1116 - 1128.
- [52] 李越鲲, 孙燕飞, 雷勇辉, 等. 枸杞根际土壤真菌群落多样性的高通量测序[J]. 微生物学报, 2017, 57(7): 1049 - 1059.
- [53] 刁 婵. 氮磷添加对中国东部不同纬度森林土壤微生物群落多样性及其活性的影响[D]. 山西师范大学, 2019.

Responses of Soil Microbial Communities to Land Use Changes in the Napahai Plateau Wetlands

LV Jing-hua^{1,2}, LI Cong⁴, YANG Zhi-dong², LIU Pan², LU Mei^{2*},
REN Yu-lian⁵, TIAN Kun³, ZHAO Xu-yan⁶, CHEN Zhi-ming⁶

(1. Yunnan Key Laboratory of Plateau Wetland Conservation, Restoration and Ecological Services, Kunming 650224, China; 2. College of Ecology and Environment, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 3. The National Center for Plateau Wetland, Kunming 650224, China; 4. Institute of Highland Forestry Science, Chinese Academy of Forestry, Kunming 650224, China; 5. College of Life Sciences, Guizhou University, Guiyang 550025, China; 6. Napahai Nature Reserve Management and Protection Bureau, Diqing Tibetan Autonomous Prefecture, Daqing 674400, China)

Abstract: [Objective] This study aimed to explore the effects of the alterations in soil physicochemical properties on microbial structure and diversity driven by the land-use changes, thus providing a theoretical basis for land use management of the Napahai Plateau wetlands. [Method] The Illumina high-throughput sequencing technology was applied to determine the composition and diversity of soil microbial communities across the different land-use patterns (i.e., grazing grassland, cultivated land, and a natural swamp wetland (CK)). A Mantel test was also utilized to reveal the impacts of the changes in soil physicochemical environments on microbial communities. [Result] ① In contrast to natural swamp wetland, tillage and grazing activities significantly reduced soil water content, organic matter, and total nitrogen and available nitrogen, but increased total phosphorus, carbon to nitrogen ratio, and bulk density ($P < 0.05$). ② Tillage and grazing activities significantly increased the α -diversities of soil bacterial and fungal communities ($P < 0.05$), and the β -diversity was different between the three land-use types ($P < 0.01$). ③ Tillage and grazing activities significantly changed soil bacterial and fungal structures. Tillage increased the relative abundances (21.07%-123.61%) of *Proteobacteria*, *Firmicutes* and *Chlorobacteria*, while those of *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, and *Gemmatimonadetes* decreased by 62.7%-75.29%. Tillage reduced the relative abundances (71.33%-96.47%) of *Ascomycetes*, *Basidiomycetes*, and *Zygomycetes*, while those of unclassified fungi increased by 722.97%. Grazing activities increased the relative abundances of *Verrucomicrobia* (57.46%) and *Planctomycetes* (179.12%), but reduced those (16.23%-67.16%) of *Proteobacteria*, *Bacteroidetes* and *Gemmatimonadetes* ($P < 0.05$). Grazing activities significantly increased the relative abundances of *Basidiomycetes* (34.57%) and *Ascomycetes* (105.94%), while they decreased the abundances of *Zygomycetes* (93.90%) and unclassified fungi phylum (45.66%). ④ The results from Mantel test showed that soil water content, organic matter, and total nitrogen were the main factors determining the changes in soil microbial diversity, while soil phosphorus, potassium and pH were the drivers of the alterations in bacterial and fungal structures. [Conclusion] Tillage and grazing activities primarily increased wetland draining and total phosphorus concentration, and decreased soil carbon and nitrogen nutrients, which led to the change of microbial metabolic-type composition as well as the increase of microbial diversity.

Key words: Napahai; Plateau wetlands; Land use change; High-throughput sequencing; Microbial structure; Microbial diversity

[责任编辑: 刘轶飞]