

研究报告

大兴安岭森林火烧后不同演替阶段土壤细菌多样性动态

牛晓燕¹ 刘志强² 赵晶晶¹ 王雨晴¹ 程宇琪¹ 杜浩¹ 张成福^{1*}

(1. 内蒙古农业大学沙漠治理学院 内蒙古 呼和浩特 010010)

(2. 内蒙古大兴安岭林管局营林处 内蒙古 呼伦贝尔 021000)

摘要:【目的】研究我国最大的林区之一——大兴安岭森林火烧后不同演替阶段土壤细菌多样性动态,为天然林保护工程对于生物多样性的影响增添新的认识。【方法】以空间替代时间的方法分析大兴安岭森林演替对于土壤细菌多样性动态的影响。大兴安岭森林火烧后典型的自然演替序列为火烧迹地(LG-BA)、灌丛(SHR)、白桦林(BP)、白桦落叶松混交林(BP-LG)、落叶松林(LG-OM)。在演替序列的每个典型样地上采集 0–10 cm 土样,采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术测定土壤细菌群落组成及其多样性。【结果】细菌操作分类单位(OTU)数量从少到多的顺序为火烧迹地<落叶松白桦混交林<灌丛<落叶松林<白桦林。随着森林演替,多样性指数 Simpson 先增高后降低;Shannon 指数先增加后减少再增加;OTU 的丰度变化比较平缓,表明物种变化较小。在各演替阶段中,土壤细菌种类主要有变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes),4 个门的种类含量随演替顺序都呈现先增加后减少的趋势。主成分分析表明不同演替阶段土壤细菌群落存在一定的差异性。冗余分析表明有机质(SOM)、全氮(TN)、全磷(TP)和 pH 对于土壤细菌群落变化有影响。【结论】随着森林演替,大兴安岭地区土壤细菌种类和生物多样性会发生变化,其变化与土壤化学成分和 pH 有关。

关键词: 大兴安岭, 森林演替, 土壤细菌多样性

Foundation item: National Natural Science Foundation of China (No. 41461106); Talent Introduction Foundation of Inner Mongolia Agricultural University (No. YJ2014-1)

***Corresponding author:** E-mail: ch893169@dal.ca

Received: October 17, 2016; **Accepted:** March 22, 2017; **Published online** (www.cnki.net): April 10, 2017

基金项目: 国家自然科学基金项目(No. 41461106); 内蒙古农业大学引进人才科研启动项目(No. YJ2014-1)

***通讯作者:** E-mail: ch893169@dal.ca

收稿日期: 2016-10-17; **接受日期:** 2017-03-22; **优先数字出版日期**(www.cnki.net): 2017-04-10

Impact of forest succession on soil microbial diversity after fire in Greater Khingan Mountains

NIU Xiao-Yan¹ LIU Zhi-Qiang² ZHAO Jing-Jing¹ WANG Yu-Qing¹
CHENG Yu-Qi¹ DU Hao¹ ZHANG Cheng-Fu^{1*}

(1. Desert Science and Engineering College, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010010, China)

(2. Forest Management Department, Inner Mongolia Greater Khingan Forestry Management Group, Hulunbuir, Inner Mongolia 021000, China)

Abstract: [Objective] Greater Khingan forest is one of the largest forest areas in China. There are many studies on plant diversity along forest succession in this area, but few studies on microbes. This research studied the impact of forest succession on soil microorganism diversity in Greater Khingan Mountains, which could provide a more comprehensive understanding of the impact of the natural forest protection project on biodiversity. [Methods] Effects of forest succession on soil bacterial diversity were analyzed by a space-trade-for-time experiment. The typical natural successional sequence after fire in Greater Khingan forest is fire-burned land (LG-BA), shrub (SHR), birch forest (BP), mixed forest of larch and birch (BP-LG), and larch forest (LG-OM). 0–10 cm top mineral soil samples were collected on forest plots and the bacterial community structure and diversity were determined with Illumina MiSeq high-throughput sequencing technique. [Results] The number of bacterial species from low to high was in the sequence of the larch and birch mixed forest, shrub forest, larch forest, and birch forest. Following forest succession, the Simpson diversity index firstly increased and then decreased. The Shannon index followed the dynamic trend of increase, decrease and increase pattern. The change of OTU (Operational taxonomic unit) abundance was relatively gentle in the succession processes, indicating that the species change was small. The phyla of soil bacteria were mainly Proteobacteria, Acidobacteria, Actinobacteria and Planctomycetes in all of the successional stages, all of them followed the change trend of increase in the first succession stage and decrease in the later stage. PCA analysis showed that bacterial communities were different in the varied successional stages. RDA analysis showed that organic matter, total nitrogen, total phosphorus and pH impacted soil bacterial community. [Conclusion] Following forest succession, the species of soil bacteria was changed in Greater Khingan forest. The most common soil bacteria communities differed across natural succession, varying as a function of soil SOM, total potassium, total phosphorus, and pH.

Keywords: Greater Khingan, Forest succession, Soil microorganism diversity

森林植被演替是一个植物群落被另一个植物群落取代的自然演变过程，具有一定的方向性，其主要标志是建群种发生明显变化^[1]。森林植被演替不是孤立进行的。土壤在对植物群落发生作用的同时，自身发育也受到植物群落的影响^[2]，植被的演替过程是植物和土壤相互影响和作用的过程^[3]。植物通过光合作用向土壤输送有机物质并从土壤吸收养分，这一过程对土壤有机碳的积累和运转产生重要影响；土壤有机质积累和运转与植被演替及群落生物多样性之间也存在反馈关系，是不同植物物种竞争替代和植物群落演替的重要推动力^[4]。土壤

微生物是森林生态系统中土壤有机物的分解者，不仅影响着土壤养分含量，也间接影响着地上植物群落的发育^[5-6]。微生物对于环境变化十分敏感，其组成和功能会随着环境条件的改变而发生迅速改变^[7-8]。在土壤微生物中，细菌的种类和数量最多^[9]，它在土壤营养元素循环、有机质的形成与分解、土壤结构与成分的形成、生态环境的改善、植物的生长发育及作物病虫害防治等方面均起着极为重要的作用^[10]。当天然林的破坏不仅造成森林植被的退化，还引起了森林土壤的退化，因此充分了解森林植被演替规律和研究土壤细菌的多样性，对于保护

森林土壤和森林的恢复及管理具有重要作用^[11-12]。

研究地区处于大兴安岭,是我国四大林区之一,其气候、土壤、植被和干扰状况与其他林区相比有许多独特之处^[13]。它处于寒带向温带过渡的大陆分水岭,是寒温带森林。不同林型下的兴安落叶松,土壤微生物的多样性指数和优势度指数均不同^[7],数量、类型也存在显著差异^[14]。不同火烧强度对大兴安岭偃松林土壤微生物群落多样性和功能多样性的影响有显著的差异,其中低强度火烧可以提高微生物物种丰富度^[15]。以稀释平板计数法和氯仿熏蒸浸提法对大兴安岭林区常见微生物的数量进行年、季动态测定,发现不同森林类型、经营方式和不同季节下的土壤微生物数量变化明显,而且这些变化受土壤养分因子和土壤环境因子的影响^[16-17]。由此可知,大兴安岭地区以往的研究主要集中于对植物群落演替过程中土壤理化性质、火烧强度、肥力特征及酶活性的研究,而关于火烧后天然林自然恢复演替过程中微生物多样性变化的研究还较欠缺。

本文通过调查大兴安岭地区植被自然演替不同阶段土壤化学性质和土壤细菌多样性,分析植被演替过程中细菌群落组成及多样性分布的变化规律,及其与土壤养分之间的关系。其结果可为森林植被动态变化对于土壤微生物的影响,以及土壤微生物对于生态系统养分循环的影响提供新的认识,为我国森林生态系统的恢复与重建,特别是土壤性

质的改善提供理论依据。

1 研究区概况

研究地区位于大兴安岭北段根河林业局境内(北纬 50°05'01"—53°33'25",东经 121°11'02"—127°01'17"),属寒温带湿润季风性气候区,最高海拔 1 451 m。年日照时数平均为 2 614.1 h,日照最长为 5 月份,最短为 12 月份。年平均气温-5.5℃,无霜期为 80-90 d,冻结期 210 d 以上。境内遍布永冻层,个别地段 30 cm 以下即为永冻层。年降水量 400 mm-500 mm。林区土壤类型主要有棕色针叶林土、灰色森林土、河滩森林土、草甸土、沼泽土。区域内林木资源丰富、物种丰富^[18]。

2 材料与方法

2.1 样地选择与土壤样品采集

通过“空间代替时间”方法^[19],选择大兴安岭兴安落叶松林火烧后典型的演替序列,即火烧迹地→灌丛→白桦林→白桦落叶松混交林→落叶松林 5 个演替阶段的样地(表 1),分析森林演替对土壤微生物群落组成及多样性的影响。

在每个样地内,沿等高线以“Z”形布设 7 个土壤样点,其中两条水平线与等高线平行,每条平行线的长度为 50 m,两条平行线之间的距离也为 50 m。每条平行线上相隔 25 m 采集 3 个样品,在两条线中间采集一个样品。在每个样点采样时,先除去枯枝落叶层,再取 0-10 cm 深度的矿质土

表 1 各样地主要植物种			
Table 1 Vegetation species in study sites			
样地名称 Sample name	编号 Number	植被类型 Vegetation type	主要植物种 The main vegetation species
火烧迹地 Fire-burned land	LG-BA	落叶松人工幼林	白桦、兴安杜鹃、杜香、越橘、兴安桧柏
灌丛 Shrub	SHR	灌木林	柴桦、白桦、兴安杜鹃、杜香、越橘、兴安桧柏、小叶章、绣线菊
白桦林 Birch forest	BP	针阔混交林	白桦、绣线菊、小叶章
白桦落叶松混交林 Mixed forest of larch and birch	BP-LG	针阔混交林	白桦、落叶松、山杨、兴安杜鹃、杜香、绣线菊
落叶松林 Larch forest	LG-OM	落叶松林	落叶松、小叶章、红花鹿蹄草、绣线菊、越橘

壤。在采样数量一定的情况下,把数个取样点土样混合后形成混合样品以增加样品的代表性是通用的方法^[20-21]。将7个样点所取土样带回室内,混合均匀后,除去植物根和石块,4℃保存用于后续试验。土壤样品于2015年7月底采集。

2.2 主要试剂和仪器

OMEGA-soil DNA Kit, 美国 Omega Bio-Tek 公司; AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒, 美国 Axygen Biosciences 公司。

高速台式冷冻离心机, 德国 Eppendorf 公司; 微量分光光度计, 美国 Thermo Fisher Scientific 公司; PCR 仪 ABI GeneAmp[®]9700 型, 美国 ABI 公司; MISEQ 测序仪 Illumina Miseq, 美国 Illumina 公司。

2.3 土壤化学性质测定

参照文献[22], 土壤 pH 应用电位法测定, 土壤全氮(TN)用凯氏定氮法测定, 土壤有机质(SOM)用重铬酸钾氧化-外加热法测定, 全磷(TP)用钼锑抗比色法测定。

2.4 土壤微生物测定

(1) 土样总 DNA 提取。按参考文献[23]的方法提取土壤样品总 DNA, 并利用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测提取到的 DNA 质量。

(2) PCR 扩增和产物检验。以稀释后的基因组 DNA 为模板, 使用带 Barcode 的 16S rDNA-V4 区特异引物 515F (5'-GTTTCGGTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和 907R (5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3')。PCR 反应体系: 5×FastPfu 缓冲液 4 μL, 2.5 mmol/L dNTPs 2 μL, 正向引物(5 μmol/L) 0.8 μL, 反向引物(5 μmol/L) 0.8 μL, FastPfu 聚合酶 0.4 μL, 模板 DNA 10 ng, 用 ddH₂O 补充至 20 μL。PCR 反应条件: 95℃ 3 min; 95℃ 30 s, 55℃ 30 s, 72℃ 45 s, 共 27 个循环; 72℃ 10 min, 反应完成后静置在 10℃ 的环境条件下。全部样本按照正式试验条件进行, 每个样本 3 个重复, 将同一样本的 PCR 产物混合后用 2%琼脂糖凝胶电泳检测, 使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物, Tris-HCl 洗脱; 2%琼脂糖电泳检测。

(3) 文库构建及库检。使用 TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量检测, 合格后进行后续检测。

(4) 上机测序及数据分析。使用 SiSeq2500 测序平台, 采用 PE250 测序策略进行测序。测序委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。下机数据采用 Uparse、Qiime、R 软件等工具进行分析。

3 结果与分析

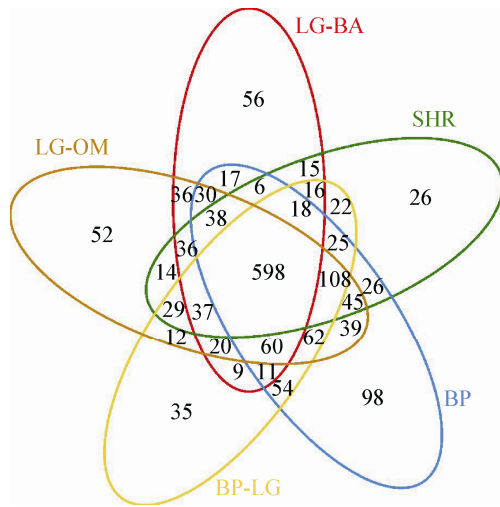
3.1 生物多样性

物种多样性是衡量群落生物组成的重要指标, 反映群落内物种的多少, 从而比较各生境间的相似性及差异性。通过 Mothur 软件, 在 97%的相似水平上计算每个样品的 OTU 数量, 以 OTU 数量代表样品物种的丰度。在所有样品中, OTU 数量最多可达到 1 235, 最少为 1 003 (表 2)。表明土壤中微生物的丰度很高, 并且样品之间微生物丰度差异较大。

图 1 为操作分类单元维恩图, 表现了样品间 OTU 的重叠情况。火烧迹地(LG-BA)土壤样品中 OTU 数目为 1 003 个, 灌丛(SHR)土壤样品中 OTU 数目为 1 059 个, 白桦林(BP)土壤样品中 OTU 数目为 1 235 个, 落叶松白桦混交林(BP-LG)土壤样品中 OTU 数目为 1 116 个, 落叶松成熟林(LG-OM)土壤样品中 OTU 数目为 1 216 个。LG-BA 与 SHR、BP、BP-LG、LG-OM 之间相同 OTU 数目分别为 764、778、769、855 个, SHR 与 BP、BP-LG、LG-OM 之间相同 OTU 数目分别为 864、853、905 个, BP 与 BP-LG、

表 2 土壤样品 OTU 数量及多样性指数
Table 2 OTU number and alpha diversity of different groups of soil

样品名称 Sample	数量 OTUs	艾斯指数 Ace	赵氏指数 Chao	香农指数 Shannon	辛普森指数 Simpson
LG-BA	1 003	1 185	1 181	5.70	0.009 0
SHR	1 059	1 347	1 370	5.69	0.009 1
BP	1 235	1 485	1 548	5.90	0.012 8
BP-LG	1 116	1 395	1 383	5.75	0.009 6
LG-OM	1 216	1 489	1 502	5.90	0.009 1



3.2 群落组成分析

通过对门水平下各样品物种丰度进行统计发现, 5 种样品所含物种基本相似, 但物种分布差异较大。主要门包括变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes), 按演替顺序, 4 种细菌分布基本都呈现先增加后减少的趋势。此外还发现少量分布的拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)等, 按演替顺序, 则是呈现先减少后增加的趋势(图 3)。BP 样品与其他 4 个样品的不同在于其含量最多物种为变形菌, 占土壤总微生物含量的 46.63%, 而 LG-BA、SHR 变形菌含量占土壤总微生物含量的 28.00%, BP-LG 和 LG-OM 占 30.00%。BP 样品中酸杆菌和放线菌含量最少, 各占土壤总微生物含量的 17.13%和 12.03%; LG-BA 和 LG-OM 以及 SHR 和 BP-LG 样品中酸杆菌和放线菌含量较为类似。5 种土壤样品中浮霉菌所占土壤总微生物含量基本相同。

Shannon 指数是衡量自然界中物种多样性的主要指标, Shannon 指数越高说明多样性越丰富, Simpson 指数与之对应, 数值越高说明多样性越单一。随着演替序列进行, Shannon 指数先增后减而后又增。其中, SHR 的 Shannon 值最小, 说明灌丛群落多样性最低。随着演替序列进行, Simpson 指数先增大后减小。其中, LG-BA 的 Simpson 值最小, 说明火烧迹地群落多样性最高(表 2)。Chao 指数是用 Chao1 算法估计样品中所含 OTU 数目的指数, Chao1 在生态学中常用来估计物种总数, Ace 指数与之类似。由表 2 可知随着森林演替的进行, 土壤中无论是多样性的丰富程度还是总生物种类都在下降, 这可能与植被类型有关。

Rank-abundance 曲线是分析多样性的一种方式。Rank-abundance 曲线可以解释多样性的物种丰度和物种均匀度。由图 2 可以看出：在水平方向，物种的丰度由曲线的宽度来反映，LG-OM 在横轴上的范围最大，说明物种的丰度最高，其余 4 种较为相似；5 种丰度分布曲线比较平缓，则反映了物种分布比较均匀。

通过对不同演替阶段土壤细菌群落进行主成分分析(PCA) (图 4), 将多维的土壤微生物变量降维成两个变量, 即第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2), 其中第一主成分贡献率达到 52.53%, 第二主成分贡献率达到 25.51%, 二者累计贡献率达到 78.04%, 因此这两个主成分就能够解释原始变量。

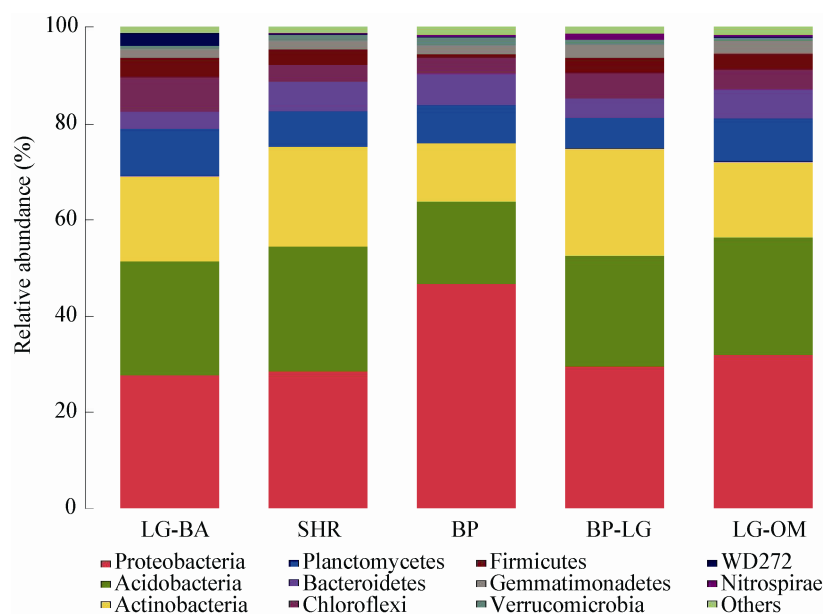


图3 土壤样品群落组成分析图

Figure 3 Analysis of community composition of soil samples

由图4可知, LG-BA、SHR、BP、BP-LG、LG-OM在PC1和PC2上逐渐分离, 并且在PC1和PC2上的分离都较大, 说明随着演替的进行, 不同演替阶段土壤细菌群落改变较大。可见, PC1和PC2基本上能够区分不同演替阶段土壤微生物的群落特征。

3.3 群落组成与土壤化学性质的关系分析

对不同演替阶段土壤细菌群落组成与土壤因子之间的关系进行冗余分析(RDA, 图5), 分析显

示: 第一主轴能够解释所有信息的52.53%, 第二主轴能解释25.51%, 两者累计解释信息量达78.04%。由此可知, 前两轴能够很好地反映细菌群落组成与土壤因子的关系, 并且主要是由第一轴决定。从图5中可以看出, TP的射线最长, 说明其对细菌群落组成的影响程度最大。LG-BA、BP、LG-OM与TP、

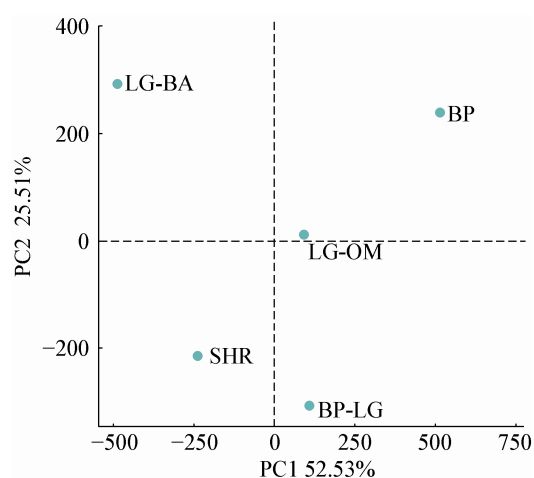


图4 不同演替阶段主成分分析

Figure 4 Principal coordinates analysis at different succession stages

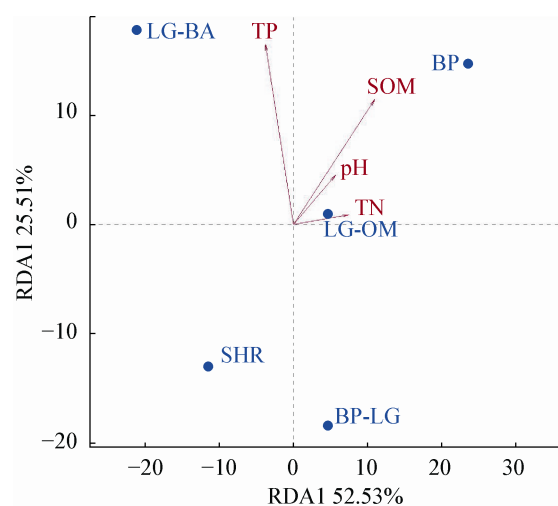


图5 土壤微生物群落组成与土壤化学性质的RDA分析
Figure 5 Redundancy analysis of microbial community structure and chemical property of soil at different succession stages

SOM、pH 呈正相关关系, SHR、BP-LG 与 3 种土壤因子呈负相关关系; BP、LG-OM 与 TN 呈正相关关系, LG-BA、SHR、BP-LG 与 TN 呈负相关关系。由不同的样本向各土壤因子做垂线, 投影点越相近说明样本间该土壤因子属性值越相似, 即 pH、SOM 对 LG-BA 和 LG-OM、SHR 和 BP-LG 的影响程度相当; TN 对 LG-BA 和 SHR、BP-LG 和 LG-OM 的影响程度相当。

4 讨论

森林植被演替是植物与土壤相互影响的过程。土壤化学特性决定了植物群落类型的分布, 反之植物群落的发育又影响土壤生态系统, 导致土壤理化性质发生改变, 最后又作用于土壤微生物^[5]。

16S rRNA 基因被广泛用来测定原核生物的种系发育关系, 被称为微生物种系和生态研究的“金本位”。大量研究认为种内 16S rRNA 基因的异质性会高估原核生物的多样性。如一些极端环境下生存的微生物(嗜热菌和嗜盐菌)具有高度不同的 16S rRNA 基因^[24]。基于 16S rRNA 基因在鉴定种水平上的局限性, 本研究采用了门分类单位, 以免引起分类精度的不确定性。本文的目标是研究森林演替对土壤细菌多样性动态的影响, 所选择的分类单位满足了研究目标, 同时也保证了生物多样性的精度。

本文对大兴安岭火烧后森林演替不同阶段的土壤细菌群落组成进行了分析, 发现土壤中细菌 OTU 数量逐渐增多, 呈现先增多后减少的趋势。淡静雅等^[25]对陕西子午岭地区植被演替阶段对土壤微生物群落组成影响的研究表明, 随着演替的进行, 土壤细菌含量均呈逐渐上升趋势。造成两者差异的原因可能是: 在陕西子午岭地区的森林演替是由荒地到森林生态系统演替过程, 微生物多样性一直在上升; 而大兴安岭地区森林火烧后的次生演替中, 树木种类经历了由低到高再降低的过程, 土壤中细菌种类相应地也有先增多后减少的动态变化。Fierer 等^[26]发现在温带森林中酸杆菌是土壤中最丰富的细菌类群, Yuan 等^[27]也发现我国青藏草地

土壤含量最丰富的细菌类群是酸杆菌。土壤细菌具有丰富的多样性, 不同类型的土壤中存在各自的优势细菌类群^[28], 同时又有相似的细菌类群。在本研究中, 各演替阶段土壤细菌优势菌门均为变形菌门, 酸杆菌门次之。岳琳艳等^[29]研究结果表明, 长白山温带森林不同演替阶段土壤化学性质发生改变, 土壤微生物群落组成也发生明显改变。在不同的空间尺度上, 土壤细菌的多样性和群落组成在很大程度上受树种和土壤 pH 影响^[30]。从冗余分析(RDA)可以看出, pH、TN、TP 和 SOM 是解释不同演替阶段土壤微生物群落组成变异的主要因子。大兴安岭森林土壤 pH 随着植被演替发生变化, 因此土壤 pH 的变化是导致土壤细菌群落组成和多样性的重要因素。

在植被演替过程中, 土壤中的有机质含量随着凋落物含量和分解速率发生改变而变化^[31]。土壤中氮素主要来源于枯落物分解及生物固氮, 氮的输出主要是土壤中有机质的分解, 分解后的氮大部分被植物吸收利用, 土壤氮的含量与枯落物的积累有关^[32]。在演替过程中, 植物的生物量及地表枯落物增加, 微生物活动增强, 又使得土壤氮的输入量增加^[33]。演替中后期植物群落组成逐渐复杂化, 种内及种间竞争激烈, 对土壤养分的消耗逐渐增多, 土壤肥力也随之逐渐下降, 由于不同营养元素的获得难易程度不同, 最终导致养分含量不同^[34]。土壤微生物群落受土壤碳源和氮源的限制, 而现存植物群落是两种资源的主要来源, 土壤微生物群落的组成和多样性与植物群落有密切联系, 而且植物群落组成对土壤微生物群落组成的影响可能比植物多样性或生产力更明显^[35]。由 PCA 分析可见, 大兴安岭火烧后植被演替不同阶段的细菌群落分布大不相同, 说明植被类型不同对其微生物组成影响较大。不同演替阶段森林土壤细菌的群落组成差异明显和多样性减少, 这可能是由于在大兴安岭演替过程中植被类型的改变造成的, 那么土壤微生物组成的变化也会反作用于地上植被, 影响植被在该演替阶段土壤中的生长。

本文只对大兴安岭不同演替阶段森林土壤微生物进行了研究。随着森林演替,植物种类发生更替,土壤养分含量和 pH 也发生改变,导致土壤微生物群落组成和多样性发生变化。然而对于季节变化,土壤温度、湿度发生变化,也有可能影响到土壤微生物。其次,地形因素如坡位、坡向、坡度以及土壤厚度、孔隙度、粒径等也可能影响到土壤微生物群落的组成和多样性。这些因子的影响在今后的工作中还需进一步研究。我国天然林资源保护工程于 2000 年启动,是我国六大林业重点工程之一,旨在促进我国天然林资源的恢复和发展^[36]。本研究可为大兴安岭森林恢复过程中生态系统生物多样性、碳循环和养分循环方面的研究提供参考,也可为该森林生态系统的管理提供一定的理论依据。

5 结论

土壤细菌的种类和数量在大兴安岭不同森林演替阶段均有差异。细菌种类的数量由少到多的顺序为火烧迹地、落叶松白桦混交林、灌丛、落叶松林、白桦林。这表明随着森林演替,土壤中细菌种类数量既不是单一增加的,也不是单一减少的,而是波动变化的。随着森林演替,多样性指数 Simpson 先增大后减小; Shannon 指数先增加后减少再增加; OTU 的丰度变化比较平缓,表明物种变化较小。不同演替阶段森林土壤细菌的优势菌门不完全相同:土壤细菌种类主要有变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes),其种类含量随演替顺序都呈现先增加后减少的趋势。不同演替阶段土壤细菌群落存在一定的差异性。SOM、TN、TP 和 pH 对于土壤细菌群落变化有重要影响。本研究可为大兴安岭地区林业管理部门预测天然林保护工程,对于森林生态系统的演替,特别是生物多样性的变化趋势增添新的认知,并为林业和环保管理部门制定恢复措施提供新的依据。

参 考 文 献

[1] Li B. Ecology[M]. Beijing: Higher Education Press, 2000 (in Chinese)

- 李博. 生态学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2000
- [2] Su ZX, Gong RQ. Introduction to Ecology[M]. 2nd Edition. Beijing: Higher Education Press, 1993: 88-91 (in Chinese)
苏智先, 工仁卿. 生态学概论[M]. 第 2 版. 北京: 高等教育出版社, 1993: 88-91
- [3] Han XG, Huang JH, Lou ZP. The significance and problems associated with the keystone species concept in biodiversity conservation[J]. Chinese Bulletin of Botany, 1995, 12(S2): 168-184 (in Chinese)
韩兴国, 黄建辉, 娄治平. 关键种概念在生物多样性保护中的意义与存在的问题[J]. 植物学通报, 1995, 12(S2): 168-184
- [4] Zhang QF, Zheng Z, Jin YX. The relationship between the plant communities succession and the soil development[J]. Journal of Wuhan Botanical Research, 1990, 8(4): 325-334 (in Chinese)
张全发, 郑重, 金义兴. 植物群落演替与土壤发展之间的关系[J]. 武汉植物学研究, 1990, 8(4): 325-334
- [5] Qu GH, Guo JX. The relationship between different plant communities and soil characteristics in Songnen grassland[J]. Acta Pratacultural Sinica, 2003, 12(1): 18-22 (in Chinese)
曲国辉, 郭继勋. 松嫩平原不同演替阶段植物群落和土壤特性的关系[J]. 草业学报, 2003, 12(1): 18-22
- [6] Liu CL, Zuo WY, Zhao ZY, et al. Bacterial diversity of different successional stage forest soils in Dinghushan[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, 52(12): 1489-1496 (in Chinese)
柳春林, 左伟英, 赵增阳, 等. 鼎湖山不同演替阶段森林土壤细菌多样性[J]. 微生物学报, 2012, 52(12): 1489-1496
- [7] Jiang HY, Yan W, Li XT, et al. The diversity of soil microorganism under different Vegetations of *Larix gmelinii* Forest in Great Khingan Mountains[J]. Microbiology China, 2010, 37(2): 186-190 (in Chinese)
姜海燕, 闫伟, 李晓彤, 等. 大兴安岭不同落叶松林植被土壤微生物多样性[J]. 微生物学通报, 2010, 37(2): 186-190
- [8] Grayston SJ, Prescott CE. Microbial communities in forest floors under four tree species in coastal British Columbia[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(6): 1157-1167
- [9] Alexander M. Introduction to soil microbiology[J]. Soil Science, 1978, 125(5): 331
- [10] Kennedy AC. Bacterial diversity in agroecosystems[J]. Agriculture Ecosystems & Environment, 1999, 74(1/3): 65-76
- [11] Zang L, Zhang ZZ, Lin HM. Quantitative characteristics and species diversity of mould in the soils of the Baishuijiang National Reserve[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2006, 41(5): 100-104 (in Chinese)
臧蕾, 张宗舟, 蔺海明. 白水江自然保护区土壤霉菌数量及物种多样性分析[J]. 甘肃农业大学学报, 2006, 41(5): 100-104
- [12] Lal R. Soil management and soil biotic process[A]//Reddy MV. Management of Tropical Agroecosystems and the Beneficial Soil Biota[M]. New Hampshire: Science Publishers, 1999: 67-81
- [13] Pang HS, Zhang HH, Li X, et al. Effects of forest degradation on soil microbial communities in Daxing'an Mountains[J]. Forest Engineering, 2015, 31(3): 25-30 (in Chinese)
逢好胜, 张会慧, 李鑫, 等. 大兴安岭林区森林退化对土壤微生物群落功能的影响[J]. 森林工程, 2015, 31(3): 25-30
- [14] Jiang HY, Yan W. Distribution of soil microorganism in *Larix gmelinii* forests of the Great Xing'an Mountains, inner Mongolia[J]. Journal of Zhejiang Forestry College, 2010, 27(2): 228-232 (in Chinese)

- 姜海燕, 闫伟. 大兴安岭兴安落叶松林土壤微生物分布特征[J]. 浙江林学院学报, 2010, 27(2): 228-232
- [15] Zheng Q, Cui XY, Di XY, et al. Effects of different forest fire intensities on microbial community functional diversity in forest soil in Daxing'anling[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(5): 95-100 (in Chinese)
- 郑琼, 崔晓阳, 邸雪颖, 等. 不同林火强度对大兴安岭落叶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
- [16] Feng BP, Gao RH, Zhang QL, et al. Study on dynamic variation of soil microorganism under different management modes in *Larix gmelini* forest[J]. *Journal of Inner Mongolia Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2009, 30(4): 74-79 (in Chinese)
- 冯保平, 高润宏, 张秋良, 等. 不同经营方式下兴安落叶松林土壤微生物年季动态研究[J]. 内蒙古农业大学学报: 自然科学版, 2009, 30(4): 74-79
- [17] Geng YY. Study on dynamics of soil microbial biomass in typical forest in Daxing'anling Mountains[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Forestry University, 2012 (in Chinese)
- 耿莹莹. 大兴安岭典型林分土壤微生物生物量动态变化[D]. 哈尔滨: 东北林业大学硕士学位论文, 2012
- [18] Guo YD. The benefit evaluation of natural forest protection project in Genhe forestry bureau in inner Mongolia[D]. Hohhot: Master's Thesis of Inner Mongolia Agricultural University, 2015 (in Chinese)
- 郭玉东. 根河林业局天然林资源保护工程效益评价[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2015
- [19] Fan WY, Wang XA, Guo H. Analysis of plant community successional series in the Ziwouling area on the Loess Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(3): 706-714 (in Chinese)
- 范玮熠, 王孝安, 郭华. 黄土高原子午岭植物群落演替系列分析[J]. 生态学报, 2006, 26(3): 706-714
- [20] Bates ST, Berg-Lyons D, Caporaso JG, et al. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil[J]. *The ISME Journal*, 2011, 5(5): 908-917
- [21] Li H, Ye DD, Wang XG, et al. Soil bacterial communities of different natural forest types in Northeast China[J]. *Plant and Soil*, 2014, 383(1/2): 203-216
- [22] Lu RK. Methods of Soil Agricultural Chemistry Analysis Method[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 13,56,147,166 (in Chinese)
- 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 13,56,147,166
- [23] Chen ZB, Li B, Wang DK, et al. Diversity of endophytic bacteria in walnut analyzed by Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology[J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2015, 31(5): 1129-1133 (in Chinese)
- 陈泽斌, 李冰, 王定康, 等. Illumina MiSeq高通量测序分析核桃内生细菌多样性[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(5): 1129-1133
- [24] Sun DL, Jiang X, Wu QL, et al. Intragenomic heterogeneity of 16S rRNA genes causes overestimation of prokaryotic diversity[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(19): 5962-5969
- [25] Dan JY, Liang J, Wang J, et al. Responses of cultivable soil microorganisms to vegetation succession in Ziwouling Area[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2011, 31(2): 82-87 (in Chinese)
- 淡静雅, 梁健, 王静, 等. 子午岭土壤可培养微生物对植被演替的响应[J]. 水土保持通报, 2011, 31(2): 82-87
- [26] Fierer N, Leff JW, Adams BJ, et al. Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, 109(52): 21390-21395
- [27] Yuan YL, Si GC, Wang J, et al. Bacterial community in alpine grasslands along an altitudinal gradient on the Tibetan Plateau[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, 87(1): 121-132
- [28] Yang GP, Nan L, Jia HB, et al. Bacterial genetic diversity in soils and their correlation with vegetation[J]. *Acta Genetica Sinica*, 2000, 27(3): 278-282 (in Chinese)
- 杨官品, 男兰, 贾海波, 等. 土壤细菌遗传多样性及其与植被类型相关性研究[J]. 遗传学报, 2000, 27(3): 278-282
- [29] Yue LY, Zheng JQ, Han SJ, et al. Soil chemical properties and microbial community structure at different succession stages of temperate forest in Changbai Mountains[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2015, 34(9): 2590-2597 (in Chinese)
- 岳琳艳, 郑俊强, 韩士杰, 等. 长白山温带森林不同演替阶段土壤化学性质及微生物群落结构的变化[J]. 生态学杂志, 2015, 34(9): 2590-2597
- [30] Griffiths RI, Thomson BC, James P, et al. The bacterial biogeography of British soils[J]. *Environmental Microbiology*, 2011, 13(6): 1642-1654
- [31] Lin DX, Fan HB, Su BQ, et al. Effect of interplantation of broad-leaved trees in *Pinus massoniana* forest on physical and chemical properties of the soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(4): 655-659 (in Chinese)
- 林德喜, 樊后保, 苏兵强, 等. 马尾松林下套种阔叶树土壤理化性质的研究[J]. 土壤学报, 2004, 41(4): 655-659
- [32] Bellefleur C, Legendre P. Multiscale sources of variation in ecological variables: modeling spatial dispersion, elaborating sampling designs[J]. *Landscape Ecology*, 1998, 13(1): 15-25
- [33] Song HT, Zhang JF, Tian K, et al. Response of soil chemical properties to vegetation succession of *Quercus pannosa* forest in Subalpine Area of Northwest Yunnan[J]. *Journal of West China Forestry Science*, 2007, 36(2): 65-70 (in Chinese)
- 宋洪涛, 张劲峰, 田昆, 等. 滇西北亚高山地区黄背栎林植被演替过程中的林地土壤化学响应[J]. 西部林业科学, 2007, 36(2): 65-70
- [34] Ding SY. Comparison of soil characteristics under different successive communities of evergreen broad-leaved forest[J]. *Journal of Henan University (Natural Science)*, 1999, 29(3): 92-96 (in Chinese)
- 丁圣彦. 常绿阔叶林演替系列群落下土壤性质的比较[J]. 河南大学学报: 自然科学版, 1999, 29(3): 92-96
- [35] Dong AR, Lü GZ, Wu QY, et al. Diversity of soil fungi in Liangshui Natural Reserve, Xiaoxing'anling forest region[J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2004, 32(1): 8-10 (in Chinese)
- 董爱荣, 吕国忠, 吴庆禹, 等. 小兴安岭凉水自然保护区森林土壤真菌的多样性[J]. 东北林业大学学报, 2004, 32(1): 8-10
- [36] Li YC. China National Forest Resources Conservation Project[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2004 (in Chinese)
- 李育材. 中国的天然林资源保护工程[M]. 北京: 中国林业出版社, 2004