

兴安落叶松林土壤真菌的群落结构及物种多样性

姜海燕, 同伟*, 李晓彤, 樊永军

(内蒙古农业大学 林学院, 内蒙古 呼和浩特 010019)

摘要: 利用选择性培养基, 研究了杜香-兴安落叶松林(LLV)、草类-兴安落叶松林(HLV)、柴桦-兴安落叶松林(BLV)、皆伐-兴安落叶松林(CL)、渐伐-兴安落叶松林(SL)、火烧地(LFB)6个样地土壤真菌的数量、群落组成及多样性。结果表明, 不同样地土壤真菌为 CL($30.51 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>HLV($29.08 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>BLV($28.60 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>LLV($26.04 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>LFB($17.87 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>SL($13.39 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$), 随着土层深度的增加, 真菌数量呈递减趋势; 从兴安落叶松林土壤中共分离到真菌19属, 优势菌属为青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、头孢属(*Cephalosporium*)、毛霉属(*Mucor*); 兴安落叶松林土壤真菌的多样性指数(*H*)与优势度指数(*D*)随样地不同而发生变化, 以皆伐-兴安落叶松林最大, 渐伐-兴安落叶松林最小。

关键词: 兴安落叶松林; 土壤真菌; 多样性

中图分类号: S763.15 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-7461(2010)02-0100-04

Diversity and Community Structure of Soil Fungi in *Larix gmelinii* Forest

JIANG Hai-yan, YAN Wei*, LI Xiao-tong, FAN Yong-jun

(College of Forestry, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot, Inner Mongolia 010019, China)

Abstract: The diversity quantity and structure of soil fungi groups in different forest types was studied in *Ledum palustre-Larix gmelinii* virgin forest, Herbage-*L. gmelinii* virgin forest, *Betula-L. gmelinii* virgin forest, Clear cutting *L. gmelinii* forest, Shelter wood cutting- *L. gmelinii* forest and *L. gmelinii* forest burned areas (LFB) in the national forestry ecosystems station of Inner Mongolia Great Xingan Mountains by selective medium. The results showed that the numbers of fungi were ($30.51 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>HLV($29.08 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>BLV($28.60 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>LLV($26.04 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>LFB($17.87 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$)>SL($13.39 \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$), vertical distribution of fungi were gradual lower with the increase of soil depth; the isolated fungi from six plots belonged to 19 genera, *Penicillium*, *Aspergillus*, *Cephalosporium* and *Mucor* were the dominate genera. Diversity index (*H*), and dominant index (*D*) of soil fungi of *L. gmelinii* varied with forest types, which was the richest in clear cutting *L. gmelinii* forest and the smallest in shelterwood cutting -*L. gmelinii* forest.

Key words: *Larix gmelinii* forest; soil fungi; diversity

土壤是微生物生活的良好场所, 微生物积极参与土壤物质转化过程, 其在土壤形成、肥力演变、植物养分有效化、土壤结构的形成与改良、有毒物质降解及净化等方面有其重要作用^[1-2]。土壤微生物导致的营养物质循环对于土壤生态系统的稳定和服务功能的提高具有重要作用^[3], 而且其与土壤动物之

间也存在着十分密切的联系^[4]。而土壤真菌是土壤微生物区系中的主要成分, 在推动土壤物质转换、能量流动和生物转化循环中均起着重要的作用^[5]。土壤真菌作为检测土壤质量变化的敏感指标, 其多样性在评价生态系统功能, 维护生态平衡中发挥着重要作用^[6-7]。研究了内蒙古大兴安岭森林生态系统

* 收稿日期: 2009-10-15 修回日期: 2009-11-09

基金项目: 教育部高等学校科技创新工程重大项目(707014)。

作者简介: 姜海燕, 女, 讲师, 主要从事森林病理及微生物学研究。

* 通讯作者: 同伟, 男, 教授, 博士, 主要从事微生物学及森林培育学研究工作。

定位站兴安落叶松林土壤真菌群落的种类、数量组成及多样性等,旨在揭示该区域兴安落叶松林土壤环境中真菌群落的基本特征、分布状况及物种多样性,为该区的生物多样性研究及认识土壤发育与成因提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

研究地设在内蒙古大兴安岭森林生态系统定位站,地理坐标为 $50^{\circ}49' \sim 50^{\circ}51'N, 121^{\circ}30' \sim 121^{\circ}31'E$,地处大兴安岭西北坡,为中山山地,海拔 $784 \sim 142$ m。属寒温带湿润气候区,年均气温 $-5.4^{\circ}C$,最低气温 $-54^{\circ}C$,年降水量 $450 \sim 550$ mm,60%集中在7、8月。林地土壤暗棕壤土,土层厚度 $30 \sim 40$ cm,研究地主要树种为兴安落叶松(*Larix gmelinii*),其面积占总面积的79%。

1.2 样品采集

在内蒙古大兴安岭森林生态系统定位站区选择杜香-兴安落叶松林原始林(LLV)、草类-兴安落叶松林原始林(HLV)、柴桦-兴安落叶松林原始林(BLV)、皆伐-兴安落叶松林(CL)、渐伐-兴安落叶松林(SL)和火烧迹地(LFB)(采样时距火烧时约2 a)为研究样地,利用多点混合采样法采集0~10、10~20、20~30 cm的土壤,过2 mm筛后带回实验室4℃冷藏保鲜待用。

1.3 土壤真菌的计数、分离与鉴定

真菌的计数采用稀释平板法^[8],分离采用PDA一链霉素培养基,鉴定参照文献^[9-10]。

1.4 土壤真菌多样性测定

选用Shannon-Wiener指数(H')、丰富度指数(S)和Pielou指数(J)讨论不同样地真菌多样性特征。多样性指数 H' 的计算公式为: $H' = -\sum P_i \ln P_i$,式中 $P_i = N_i/N$, N_i 为属*i*的单菌落数量, N 为土样中总单菌落数量,S为属*i*所在土样中属的数目;均匀度指数J的计算公式为: $J = -\sum P_i \ln P_i / \ln S$;采用Simpson优势度指数测定群落内不同物种所起的作用和所占的地位,其公式为: $D = 1 - \sum P_i^2$ ^[11]。

2 结果与分析

2.1 兴安落叶松林不同样地土壤真菌的数量分布

由图1所示,6个样地随着土壤深度的增加,真菌数量呈递减趋势,真菌数量最大的为CL样地,总的土壤真菌数量分布为CL(30.51×10^4 cfu·g⁻¹)>HLV(29.08×10^4 cfu·g⁻¹)>BLV(28.60×10^4 cfu·g⁻¹)>LLV(26.04×10^4 cfu·g⁻¹)>LFB

(17.87×10^4 cfu·g⁻¹)>SL(13.39×10^4 cfu·g⁻¹);不同样地土壤真菌的垂直分布存在一定的变化,0~10 cm土层的真菌以CL(21.20×10^4 cfu·g⁻¹)最大,SL(7.08×10^4 cfu·g⁻¹)最小,10~20 cm以BLV(9.56×10^4 cfu·g⁻¹)最大,SL(3.29×10^4 cfu·g⁻¹)最小,20~30 cm以BLV(7.71×10^4 cfu·g⁻¹)最高,CL(2.71×10^4 cfu·g⁻¹)最低,可见,土壤真菌主要集中在0~20 cm土层。这是因为枯枝落叶较多的土壤表层的有机质较为丰富,结构疏松,为微生物活动提供了良好的营养和通气条件,且表层土壤与空气存在热交换,其土壤热值状况比下层好,有利于微生物的生长繁殖。

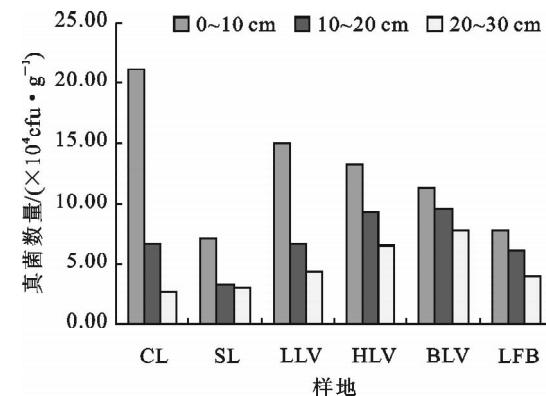


图1 兴安落叶松林不同样地土壤真菌数量

Fig. 1 The quantity of soil fungi in different plots of *L. gmelinii* forest

2.2 土壤真菌的主要类群

从兴安落叶松林内共分离到206株,19个属真菌,除23株因未产孢未能鉴定外,其他菌株经鉴定分别属于头孢属(*Cephalosporium*)、青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、毛霉属(*Mucor*)、胶帚霉属(*Gliocladium*)、根霉属(*Rhizopus*)、丝核菌属(*Rhizoctonia*)、交链孢属(*Alternaria*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、腐霉属(*Pythium*)、木霉属(*Trichoderma*)、拟青霉属(*Paecilomyces*)、单格孢属(*Scolecothrichum*)、汉斯霉属(*Hansfordia*)、黑孢壳属(*melanospora*)、镰孢属(*Fusarium*)、向基孢属(*Basipetospora*)、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)、单端孢属(*Trichothecium*)。6个样地中,以青霉属、曲霉属、头孢属、毛霉属为优势菌属,在每个样地均有分布。胶帚霉属*Gliocladium*在CL、HLV、LFB中有分布,根霉属*Rhizopus*、交链孢属*Alternaria*、木霉属*Trichoderma*在SL中未见,其他样地中均有分布,丝核菌属在SL、HLV样地中未分离到,假丝酵母菌属在LLV、BLV、LFB中未分离到,拟青霉属在SL、LLV、LFB中未分离到,汉斯霉属在CL、LLV中未分离到,镰孢属在CL、SL、LLV中未分离到;

腐霉属、单格孢属为 CL 样地的特有属, 黑孢壳属为 LLV 样地的特有属, 向基孢属、葡萄穗霉属为 LFB 样地的特有属, 单端孢属为 BLV 样地的特有属。同

样地不同层次分离到的真菌属的分布比较均匀, 0~10 cm 与 10~20 cm 土层分离到的菌株数略多于 20~30 cm 土层。

表 1 6 种兴安落叶松林不同样地土壤真菌种群结构

Table 1 Population structure of fungi in different plots of *L. gmelinii* forest

属名	CL			SL			LLV			HLV			BLV			LFB		
	A0	A1	B	A0	A1	B	A0	A1	B	A0	A1	B	A0	A1	B	A0	A1	B
头孢属(<i>Cephalosporium</i>)	2	2	1	1	1		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
青霉属(<i>Penicillium</i>)	2	2	2	1	2	2	3	3	2	2	2	2	2	1	1	2	1	2
曲霉属(<i>Aspergillus</i>)	2	2	3	3	2	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2	
毛霉属(<i>Mucor</i>)	1	2	2	2	2	1	1	1	1		1	2	1	1	2			1
胶帚霉属(<i>Gliocladium</i>)	1	1	1							1								1
根霉属(<i>Rhizopus</i>)	1		1				1	1	1				1		1	1	1	2
丝核菌属(<i>Rhizoctonia</i>)	1	1								2			1		1			2
交链孢属(<i>Alternaria</i>)	1						1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1
假丝酵母属(<i>Candida</i>)		1		1	1					1								
腐霉属(<i>Pythium</i>)		1																
木霉属(<i>Trichoderma</i>)	1	1					1			1	2	2		1		1		1
拟青霉属(<i>Paecilomyces</i>)	1	1								1				1	1			
单格孢属(<i>Scolecothrichum</i>)		1																
汉斯霉属(<i>Hansfordia</i>)							1			1	1	1		1	1	1	2	1
黑孢壳属(<i>Melanospora</i>)								1										
镰孢属(<i>Fusarium</i>)											1			1	1	1		1
向基孢属(<i>Basipetospora</i>)																		1
葡萄穗霉属(<i>Stachybotrys</i>)																		1
单端孢属(<i>Trichothecium</i>)																		1
未知菌	2	2	1	1	1		2	1	1	2	1	1	2	1	1	1	2	1
合计	13	17	13	8	9	7	13	11	11	14	12	9	11	11	12	12	13	10

注: 表中 A0 表示 0~10 cm 土层, A1 表示 10~20 cm 土层, B 表示 20~30 cm 土层

2.3 土壤真菌多样性的变化

由表 2 可知, 真菌的多样性、丰富度、优势度指数以 CL 样地的 10~20 cm 土层最大, SL 的 0~10 cm 土层最小, 说明 CL 样地的群落稳定性最大, 物种比较丰富, 适于多种真菌的栖居, SL 样地的群落稳定性小; 6 个样地的均匀度指数均在 0.9 以上, 以

BLV 的 20~30 cm 最大(0.988 1), SL 的 0~10 cm 最小(0.928 4), 该地区不同样地物种分布比较均匀。一般而言, 生境条件越适宜, 多样性就越高, 群落稳定性大, 多样性也大, 稳定性的大小反映了多样性的大小; 均匀度可以反映出群落中不同物种分布的均匀程度。

表 2 兴安落叶松林土壤真菌多样性、丰富度、均匀度及优势度指数

Table 2 The diversity index, richness index, evenness index and domination index of soil fungi of *L. gmelinii* forest

样地	土层/cm	单菌落数	H	S	J	D
CL	0~10	13	2.138 4	9	0.973 2	0.875 7
	10~20	17	2.425 5	12	0.976 1	0.906 6
	20~30	13	2.098 1	9	0.954 9	0.863 9
SL	0~10	8	1.494 2	5	0.928 4	0.750 0
	10~20	9	1.735 1	6	0.968 4	0.814 8
	20~30	7	1.747 9	6	0.975 5	0.816 3
LLV	0~10	13	1.951 3	8	0.938 4	0.840 2
	10~20	11	1.972 2	8	0.948 5	0.843 0
	20~30	11	2.019 8	8	0.971 3	0.859 5
HLV	0~10	14	2.342 0	11	0.976 7	0.898 0
	10~20	12	2.138 3	9	0.973 2	0.875 0
	20~30	9	1.735 1	6	0.968 4	0.814 8
BLV	0~10	11	1.893 8	7	0.973 2	0.843 0
	10~20	11	2.271 9	10	0.986 7	0.892 6
	20~30	12	2.369 4	11	0.988 1	0.902 8
FLB	0~10	12	2.253 9	10	0.978 8	0.888 9
	10~20	13	2.138 4	9	0.973 2	0.875 7
	20~30	10	2.025 3	8	0.974 0	0.860 0

3 结论与讨论

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2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,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^[13]。许多研究表明,土壤微生物数量与生物量在原生性较强的植被下较高^[12-13],本研究表明兴安落叶松林6个样地土壤真菌的数量和Shannon-Wiener指数、Simopson指数的变化与该规律基本一致,SL样地遭到人为采伐的破坏,FLB样地受自然火灾的影响,真菌数量相对较低,稳定性弱,其他样地由于外界干扰少,真菌数量多,多样性高,群落较稳定。在森林土壤中,真菌主要集中在浅层土。董爱荣等研究小兴安岭凉水林场森林土壤真菌得出,各林型下层土壤真菌种类和数量明显少于A0和A1层^[13],本研究结果与前人的研究结果一致。

从兴安落叶松林的土壤中分离到真菌19属,青霉属、曲霉属、毛霉属在每个样地的不同层次均有分布。青霉菌在自然界分布极为广泛,几乎在一切类型的基质上都能出现,对恶劣的环境条件有极强的耐受力、适应力,青霉属能分解多种有机物质如纤维素、半纤维素、果胶、木质素、蛋白质、淀粉等^[14]。毛霉属可以分解土壤表层植物落叶及残渣中的淀粉基质,同时毛霉属可以分解土层中的几丁质和腐殖质,对系统中的C、N、P、S等元素的循环起着关键的作用,改善了土壤结构^[15]。

参考文献:

- [1] 胡宇,蒋先军,田波,等.稻田垄作免耕对土壤真菌多样性分布的影响[J].土壤,2007,39(6):964-967.
HU Y, JIANG X J, TIAN B, et al. Effect of ridge-no-tillage on distribution of soil fungi in different sizes of soil aggregates [J]. Soils, 2007, 39(6): 964-967. (in Chinese)
- [2] 巨天珍,陈源,常成虎,等.天水小陇山红豆杉(*Taxus chinensis* (Pilg.) Rehd)林土壤真菌多样性及其与生态因子的相关性[J].环境科学研究,2008,21(1):128-132.
JU T Z, CHEN Y, CHANG C H, et al. The diversity of soil fungi and its relations with Fertility Factors in *Taxus chinensis* (Pilg.) Rehd community of Xiaolongshan of Tianshui City[J]. Research of Environmental Science, 2008, 21(1): 128-132. (in Chinese)
- [3] ROGERS B F, TATE I. Temporal analysis of the soil microbial community along a toposequence in pineland soil[J]. Soil Biol. Biochem, 2002, 33(10):1389-1401.
- [4] 郝桂玉,黄民生,徐亚同.蚯蚓及其在生态环境保护中的应用[J].环境科学研究,2004,17(3):75-77.
- [5] 邢来君,李明春.普通真菌学[M].北京:高等教育出版社,1999:3-5.
- [6] 阮晓东,张惠文,孙冬雪,等.油松阔叶混交林不同层次优势植被根区土壤真菌的群落结构[J].东北林业大学学报,2009,37(5):48-50.
RUAN X D, ZHANG H W, SUN D X, et al. Fungal community structures in root zone of dominant vegetations of different layers in *Pinus tabulaeformis* is broad-leaved mixed forest in Qianshan by PCR-DGGE[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2009, 37(5): 48-50. (in Chinese)
- [7] 刘淑明,徐青萍,刘海秀,等.太白山自然保护区环境条件对真菌群落结构的影响[J].西北林学院学报,2006, 21(6):66-69.
LIU S M, XU Q P, LIU H X, et al. Effect of environment on fungi community structure in the Natural Reserve of Taibai Mountains[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2006, 21(6):66-69. (in Chinese)
- [8] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析方法手册[M].北京:农业出版社,1986:92-110.
- [9] 戴芳澜.真菌的形态和分类[M].北京:科学出版社,1987.
- [10] 魏景超.真菌鉴定手册[M].上海:上海科学技术出版社,1979.
- [11] 吕德国,于翠,杜国栋,等.樱桃属(*Cerasus*)植物根围微生物多样性[J].生态学报,2008,28(8):3882-3889.
LV D G, YU C, DU G D, et al. Microbe diversity in the rhizosphere of *Cerasus* plants[J]. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(8):3882-3889. (in Chinese)
- [12] 朱万泽,王金锡,张秀艳,等.华西雨屏区不同恢复阶段湿性常绿阔叶林的土壤微生物多样性[J].生态学报,2007,27(4):1386-1396.
ZHU W Z, WANG J X, ZHANG X Y, et al. The diversity of soil microorganism during different recovery phases of moist evergreen broad-leaved forest in the rainy zone of west China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2007, 27(4): 1386-1396. (in Chinese)
- [13] 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.
DONG A R, LV G Z, WU Q Y, 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)
- [14] 袁秀英,石林,胡达古拉,等.胡杨根际真菌与内生真菌多样性研究[J].西北林学院学报,2007, 22(6): 85-88.
YUAN X Y, SHI L, HU Dagula, et al. A diversity study of rhizosphere and endophytic fungi from *Populus euphratica* Oliver[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2007, 22(6): 85-88. (in Chinese)
- [15] PUGET P, ANGERS D A, CHEN U C. Nature of carbohydrates associated with water-stable aggregates of two cultivate soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1999, 31(1):55-63.