

# 半干旱黄土高原生态区不同土地利用类型土壤可培养微生物群落分析\*

李彦林<sup>1,2</sup> 陈吉祥<sup>2</sup> 张彦<sup>3</sup> 韩彦文<sup>3</sup> 王永刚<sup>1</sup> 杨智<sup>1,2</sup>

(1. 兰州理工大学能源与动力工程学院, 甘肃省生物质能与太阳能互补供能系统重点实验室, 兰州 730050;  
2. 兰州理工大学石油化工学院, 兰州 730050; 3. 中石油北京天然气管道有限公司陕西输气管理处, 榆林 719000)

**提 要:** 对半干旱黄土高原生态区山地干草原、耕地和河谷荒地等不同利用类型土壤可培养微生物进行了研究, 结果发现山地干草原土壤可培养细菌、放线菌、真菌数量分别为  $6.43 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $2.68 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  和  $0.11 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ , 耕地分别为  $9.27 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $5.33 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  和  $0.07 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ , 河谷荒地分别为  $2.35 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $2.36 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  和  $0.08 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 。山地干草原可培养细菌包括厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria) 和  $\alpha$  变形菌纲 (Alphaproteobacteria) 的芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、微杆菌属 (*Microbacterium*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*) 和农杆菌属 (*Agrobacterium*), 优势菌属为芽孢杆菌属 (69.23%)。耕地为厚壁菌门、放线菌门、 $\alpha$  变形菌纲和  $\gamma$  变形菌纲 (Gammaproteobacteria) 的芽孢杆菌属、农杆菌属、葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、节杆菌属、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)。河谷荒地包括厚壁菌门和放线菌门的节杆菌属、葡萄球菌属和类芽孢杆菌属 (*Paenibacillus*), 以葡萄球菌属为主 (50.00%)。不同类型土壤放线菌以链霉菌属 (*Acremonium*) 为主, 其余包括链孢囊菌属 (*Streptosporangium*)、链轮丝菌属 (*Streptovercillium*) 和小单孢菌属 (*Micromonospora*)。霉菌以青霉属 (*Penicillium*) 为主, 其余包括曲霉属 (*Aspergillus*)、芽枝霉属 (*Cladosporium*)、毛霉属 (*Mucor*)、镰孢霉属 (*Coniothecium*) 和交链孢霉属 (*Alternaria*)。

**关键词:** 半干旱黄土高原; 可培养微生物; 数量; 群落; 多样性

中图分类号: S154.37

文献标识码: A

土壤微生物多样性包括微生物遗传、种类和生态系统层次上的变化, 可反映土壤生态机制和土壤胁迫对群落的影响。土壤微生物资源也是重要的自然资源之一, 是生态环境重要组成部分。土壤微生物多样性对于探索自然生命机制、应对全球气候变化、治理环境污染及促进土壤可持续利用等方面具有重要意义<sup>[1]</sup>。

土壤类型是土壤微生物群落结构和密度的主要影响因素之一。国内外关于不同类型土壤微生物种群的研究较多, 如徐晶等<sup>[2]</sup>对红壤、黑土、灰漠土等不同类型土壤研究发现, 土壤细菌、真菌、放线菌、固氮菌以及氨化细菌在不同土壤中具有明显差异。焦迎春等<sup>[3]</sup>对青海大通周边地区不同土壤结构微生物种群做了调查, 表明微生物种群总数为: 耕地 > 湿地 > 荒地。Saul-Tcherkas等<sup>[4]</sup>对以色列南方内盖夫沙漠的土壤微生物多样性进行了研究; Yannarell等<sup>[5]</sup>分析了山地草原土壤微生物的群落组成。

兰州位于甘肃中部, 祁连山东端, 黄土高原西北部, 为典型黄土高原生态区地貌, 是中国黄土沉积最厚的地区, 该区域土壤研究目前主要集中在水分动态变化及土壤重金属污染评估等方面, 关于土壤微生物群落组成和多样性研究较少<sup>[6]</sup>。文中研究了兰州典型高原生态区山地干草原、耕地和河谷荒地土壤微生物群落组成, 为其生态系统研究及生态保护提供科学依据, 也为利用其微生物资源提供理论支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 土壤样品采集

\* 收稿日期: 2016-9-2; 修回日期: 2016-10-18。

基金项目: 国家自然科学基金(31272694); 中国石油天然气股份有限公司天然气与管道分公司科研项目(2014D-4610-0501)资助。

作者简介: 李彦林(1990-), 女, 汉族, 博士研究生, 主要研究方向为环境生物技术。E-mail: ygzzyhlyl@163.com

通讯作者: 陈吉祥(1963-), 教授, 博士研究生导师, 主要研究方向为环境微生物和分子生物学。E-mail: betcen@163.com

采样地位于兰州市七里河区彭家坪,为农业部黄土高原生态环境重点野外科学观测实验站点所在区。分别在该区域典型的 3 个不同植被和利用类型土壤区内选择代表性地段,包括山地干草原(E103°44'2"/N36°3'12"),周边四季小麦白菜间作套种的耕地(E103°44'30"/N36°2'42")和多年未利用的河谷荒地(E103°43'58"/N36°3'39")。

1.2 土壤理化性质测定

土壤水分含量测定采用烘干法,pH 测定利用电位法<sup>[7]</sup>。

1.3 可培养微生物分离与计数

微生物的分离与计数采用涂布平板计数法。细菌、放线菌、真菌培养分别用 Luria - Bertani(LB) 琼脂培养基,高氏 1 号琼脂(GA)培养基和孟加拉红培养基。

1.4 微生物群落多样性测定

细菌鉴定:按《一般细菌常用鉴定方法》<sup>[8]</sup>和《常见细菌鉴定手册》<sup>[9]</sup>根据菌落与细胞形态、革兰氏染色、芽孢染色等初步鉴定,再经 16S rDNA 序列分析<sup>[10]</sup>。

放线菌与真菌鉴定:用插片法和印片法培养,参照《放线菌的分类和鉴定》<sup>[11]</sup>和《真菌鉴定手册》<sup>[12]</sup>,根据菌落形态、菌丝形态和细胞形态及分生孢子形态进行分属鉴定。

1.5 数据处理

实验数据进行三个重复测定,所有数据均为平均值 ± 标准误差,并使用 Origin 8.5(OriginLab Corp., USA)和 SPSS(ver. 19.0; SPSS Inc., USA)软件对数据进行统计分析和处理。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用类型土壤理化指标

不同土地利用类型土壤理化性质(表 1)。土壤 pH 值介于 7.10 ~ 8.34 之间,为碱性土壤。土壤含水率介于 9.96 ~ 19.98% 之间,不同类型土壤水分含量有较大差异。

表 1 不同结构表层土壤特性  
Table 1 Characteristics of the different surface soils

	含水率(%)	温度(℃)	pH
山地草原	17.73 ± 3.84	19.37 ± 0.12	8.34 ± 0.06
耕地	19.98 ± 4.13	19.57 ± 0.23	8.11 ± 0.11
河谷荒地区	9.96 ± 1.10	19.17 ± 0.12	7.10 ± 0.18

2.2 不同土地利用类型土壤可培养微生物数量及其空间分布

不同类型土壤微生物数量(表 2),山地草原土壤可培养细菌、放线菌、真菌数量分别为  $6.43 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>、 $2.68 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>和  $0.11 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>,耕地分别为  $9.27 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>、 $5.33 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>和  $0.07 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>,河谷荒地分别为  $2.35 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>、 $2.36 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>和  $0.08 \times 10^6$  cfu · g<sup>-1</sup>。山地草原、耕地土壤可培养细菌分别占总菌数的 60.67% 和 63.04%,放线菌占 37.65% 和 36.46%,真菌占 1.68% 和 0.50%。表现为细菌 > 放线菌 > 真菌,符合一般土壤微生物三大菌群分布规律,河谷荒地细菌、放线菌和真菌分别为 45.26%、53.75% 和 0.99%,可培养放线菌较多。

表 2 不同土地利用类型土壤结构微生物类群数量及空间分布

Table 2 Quantitative distribution of microbial communities in different land use types

深度 (cm)	山地草原(×10 <sup>6</sup> cfu · g <sup>-1</sup> )			耕地(×10 <sup>6</sup> cfu · g <sup>-1</sup> )			河谷荒地(×10 <sup>6</sup> cfu · g <sup>-1</sup> )		
	细菌	放线菌	霉菌	细菌	放线菌	霉菌	细菌	放线菌	霉菌
0-10	8.33 ± 0.49a; A	5.17 ± 0.31b; A	0.23 ± 0.03c; A	13.83 ± 4.07a; A	8.00 ± 2.00a; A	0.11 ± 0.01b; A	3.20 ± 0.28a; A	3.80 ± 0.39a; A	0.07 ± 0.02b; A
10-20	7.40 ± 0.83a; A	2.02 ± 0.31b; B	0.07 ± 0.01c; B	8.50 ± 2.00a; A, B	6.33 ± 2.84a; A, B	0.06 ± 0.01b; B	2.47 ± 0.50a; B	2.17 ± 0.29a; B	0.15 ± 0.02b; B
20-30	3.57 ± 0.15a; B	0.87 ± 0.13b; C	0.03 ± 0.01c; B	5.50 ± 1.50a; B	1.67 ± 1.04b; B	0.05 ± 0.02b; B	1.38 ± 0.48a; B	1.10 ± 0.18a; C	0.02 ± 0.00b; C
平均	6.43 ± 2.52	2.68 ± 2.22	0.11 ± 0.10	9.27 ± 4.20	5.33 ± 3.28	0.07 ± 0.03	2.35 ± 0.91	2.36 ± 1.35	0.08 ± 0.06

注:同行不同字母(a, b, c)表示同一深度土壤微生物群落数量差异显著,同列不同字母(A, B, C)表示不同深度土壤微生物数量差异显著(P < 0.05)。

微生物随土壤深度增加而减少,大致表现为:0 ~ 10 cm 土层 > 10 ~ 20 cm 土层 > 20 ~ 30 cm 土层。山地草原、耕地和河谷荒地 0 ~ 10 cm 土层微生物数量占三层土壤微生物总数的 49.58%、49.81% 和 49.23%; 10 ~ 20 cm 次之,分别为 34.28%、33.80% 和 33.36%; 而在 20 ~ 30 cm 的土层数量最低,占 16.14%、16.39% 和 17.41%。

2.3 不同土地利用类型土壤可培养细菌多样性

从不同利用类型土壤中筛出可培养细菌 33 株,分别属于厚壁菌门、放线菌门、α 变形菌纲和 γ 变形菌纲。其中山地草原 13 株分别属于厚壁菌门、放线菌门和 α 变形菌纲的芽孢杆菌属、微杆菌属、节杆菌属和农杆菌属,优势菌属为芽孢杆菌属(占 69.23%);耕地 8 株分别属于厚壁菌门、放线菌门、α 变形菌纲和

γ 变形菌纲,包括葡萄球菌属、芽孢杆菌属、节杆菌属、农杆菌属和假单胞菌属,其中农杆菌属、葡萄球菌属、假单胞菌属各占 25.00%;河谷荒地 12 株分别属于厚壁菌门和放线菌门的节杆菌属、葡萄球菌属和类芽孢杆菌属,以葡萄球菌属为主(占 50.00%)。不同土壤细菌类群差异明显,但厚壁菌门细菌占主导地位(表 3)。

表 3 不同土地利用类型土壤类型可培养细菌多样性  
Table 3 The culturable bacteria diversities in different land use types

山地草原				耕地				河谷荒地			
菌株编号	最相似菌株	相似度	登录号	菌株编号	最相似菌株	相似度	登录号	菌株编号	最相似菌株	相似度	登录号
BLZSL1	<i>Arthrobacter polychromogenes</i>	99%	KX171688	BLZNT1	<i>Arthrobacter bergerei</i>	99%	KX171680	BLZXY1	<i>Arthrobacter-terauscens</i>	99%	KX171701
BLZSL2	<i>Bacillus aryabhatai</i>	100%	KX171689	BLZNT2	<i>Pseudo-monas fluorescens</i>	100%	KX171681	BLZXY2	<i>Staphylococcus warneri</i>	100%	KX171702
BLZSL3	<i>Bacillus aryabhatai</i>	100%	KX171690	BLZNT3	<i>Pseudo-monas migulae</i>	99%	KX171682	BLZXY3	<i>Paenibacillus lustundrae</i>	99%	KX171703
BLZSL4	<i>Bacillus aryabhatai</i>	100%	KX171691	BLZNT4	<i>Staphylococcus vitulinus</i>	99%	KX171683	BLZXY4	<i>Staphylococcus warneri</i>	100%	KX171704
BLZSL5	<i>Bacillus aryabhatai</i>	100%	KX171692	BLZNT5	<i>Staphylococcus lentus</i>	99%	KX171684	BLZXY5	<i>Paenibacillus lusxy-lanexedens</i>	99%	KX171705
BLZSL6	<i>Agrobacterium fabrum</i>	100%	KX171693	BLZNT6	<i>Brevibacterium frigoritolerans</i>	100%	KX171685	BLZXY6	<i>Staphylococcus warneri</i>	100%	KX171706
BLZSL7	<i>Microbacterium hydrocarbonoxydans</i>	99%	KX171694	BLZNT7	<i>Agrobacterium fabrum</i>	100%	KX171686	BLZXY7	<i>Paenibacillus lustundrae</i>	99%	KX171707
BLZSL8	<i>Microbacterium hydrocarbonoxydans</i>	99%	KX171695	BLZNT8	<i>Agrobacterium fabrum</i>	100%	KX171687	BLZXY8	<i>Paenibacillus lustundrae</i>	99%	KX171708
BLZSL9	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	100%	KX171696					BLZXY9	<i>Staphylococcus vitulinus</i>	99%	KX171709
BLZSL10	<i>Bacillus aryabhatai</i>	100%	KX171697					BLZXY10	<i>Staphylococcus lentus</i>	99%	KX171710
BLZSL11	<i>Bacillus korensis</i>	100%	KX171698					BLZXY11	<i>Paenibacillus lusxy-lanexedens</i>	99%	KX171711
BLZSL12	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	100%	KX171699					BLZXY12	<i>Staphylococcus similans</i>	100%	KX171712
BLZSL13	[ <i>Brevibacterium</i> ] <i>frigoritolerans</i>	100%	KX171700								

2.4 不同土地利用类型土壤可培养放线菌多样性

不同土地利用类型土壤分离 30 株放线菌(表 4),包括链霉菌属、链孢囊菌属、链轮丝菌属和小单孢菌属。链霉菌属分布最为广泛,在三种类型土样中占放线菌总数的百分比为 90.00%、80.00% 和 60.00%。链孢囊菌属仅出现在山地草原区,小单孢菌属出现在耕地区。

2.5 不同土地利用类型土壤可培养真菌多样性

不同土地利用类型分离出霉菌 31 株,主要有青霉属、曲霉属、芽枝霉属、毛霉属、镰孢霉属和交链孢霉属。青霉属是优势菌属,在山地草原、耕地和河谷荒地分别占 50.00%、40.00% 和 40.00%;曲霉属和毛霉

属数量次之,芽枝霉属、交链孢霉属和镰孢霉属数量最少。在河谷荒地没有发现毛霉属,而芽枝霉属仅出现在河谷荒地(表5)。

表4 不同土地利用类型土壤放线菌多样性  
Table 4 The culturable actinomycetes diversities in different land use types

山地草原		耕地		河谷荒地	
菌株编号	最相似菌株	菌株编号	最相似菌株	菌株编号	最相似菌株
ALZSL1	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT1	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY1	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL2	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT2	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY2	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL3	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT3	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY3	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL4	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT4	链轮丝菌属 <i>Streptoverticillium</i>	ALZXY4	链轮丝菌属 <i>Streptoverticillium</i>
ALZSL5	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT5	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY5	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL6	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT6	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY6	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL7	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT7	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZXY7	链轮丝菌属 <i>Streptoverticillium</i>
ALZSL8	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT8	小单孢菌属 <i>Micromonospora</i>	ALZXY8	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL9	链孢囊菌属 <i>Streptosporangium</i>	ALZNT9	小单孢菌属 <i>Micromonospora</i>	ALZXY9	链霉属 <i>Streptomyces</i>
ALZSL10	链霉属 <i>Streptomyces</i>	ALZNT10	链轮丝菌属 <i>Streptoverticillium</i>	ALZXY10	链霉属 <i>Streptomyces</i>

表5 不同土地利用类型土壤结构可培养真菌多样性  
Table 5 The culturable fungi diversities in different land use types

山地草原		耕地		河谷荒地	
菌株编号	最相似菌株	菌株编号	最相似菌株	菌株编号	最相似菌株
FLZSL1	毛霉属 <i>Mucor</i>	FLZNT1	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZXY1	青霉属 <i>Penicillium</i>
FLZSL2	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZNT2	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZXY2	青霉属 <i>Penicillium</i>
FLZSL3	镰孢霉属 <i>Coniothecium</i>	FLZNT3	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	FLZXY3	青霉属 <i>Penicillium</i>
FLZSL4	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZNT4	交链孢霉属 <i>Alternaria</i>	FLZXY4	曲霉属 <i>Aspergillus</i>
FLZSL5	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZNT5	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZXY5	芽枝霉属 <i>Cladosporium</i>
FLZSL6	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	FLZNT6	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	FLZXY6	芽枝霉属 <i>Cladosporium</i>
FLZSL7	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZNT7	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZXY7	交链孢霉属 <i>Alternaria</i>
FLZSL8	交链孢霉属 <i>Alternaria</i>	FLZNT8	交链孢霉属 <i>Alternaria</i>	FLZXY8	镰孢霉属 <i>Coniothecium</i>
FLZSL9	青霉属 <i>Penicillium</i>	FLZNT9	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	FLZXY9	青霉属 <i>Penicillium</i>
FLZSL10	毛霉属 <i>Mucor</i>	FLZNT10	毛霉属 <i>Mucor</i>	FLZXY10	镰孢霉属 <i>Coniothecium</i>
		FLZNT11	毛霉属 <i>Mucor</i>		

### 3 讨论

影响土壤微生物群落多样性主导因素包括土壤本身理化性质和植被状况等<sup>[13]</sup>。兰州山地草原、耕地和河谷荒地土壤 pH 值介于 7.10~8.34 之间,为碱性土壤,土壤含水率介于 9.96~19.98% 之间。不同利用类型土壤可培养细菌数量在  $(1.38 \sim 13.83) \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  之间,放线菌分布在  $(0.87 \sim 8.00) \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ ,真菌数量分布在  $(0.02 \sim 0.23) \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  之间。杨宁等<sup>[14]</sup>对紫色土丘陵坡地土壤微生物数量研究发现,细菌变化范围为  $(5.78 \sim 16.09) \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 、真菌  $(4.67 \sim 10.43) \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 、放线菌  $(4.08 \sim 14.64) \times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ 。兰州位于我国黄土高原、青藏高原和蒙新高原过渡地带,半干旱黄土区是其独特的自然地理条件,耕地土壤植物根系分布、人工施肥和水分含量等因素有利土壤细菌生长,荒地土壤细菌和放线菌相差不大,可能与放线菌耐干旱等抗逆性有关<sup>[15]</sup>。不同类型土壤微生物数量垂直分布明显,细菌、放线菌和霉菌随土壤深度增加逐渐减少,这与王少昆等<sup>[16]</sup>关于科尔沁沙质草甸土壤微生物分布相似。由于不同土壤深度水分含量、根系分布及营养物质分布不均导致了微生物分布的不均匀性。

分离的可培养细菌主要包括厚壁菌门、放线菌门、 $\alpha$  变形菌纲和  $\gamma$  变形菌纲类群,但厚壁菌门为所有不同类型土壤中优势类群。这与前人报道有一定差异,Zhang 等<sup>[17]</sup>发现  $\gamma$  变形菌纲是中国东北盐渍化半干旱草原土壤可培养细菌的优势种群。Jangid 等<sup>[18]</sup>指出美国南部山麓土壤微生物群落中酸杆菌门(*Acidobacteria*)和厚壁菌门是最丰富的两个种群。

半干旱黄土高原区不同类型土壤中链霉属是最主要放线菌,耕地中放线菌总量和多样性都是最高,共有链霉属、链轮丝菌属和小单孢菌属 3 个属。链霉属分布最为广泛,在三种类型土样中占放线菌总数的百分比为 90.00%、80.00% 和 60.00%。胡磊<sup>[19]</sup>对甘肃河西走廊冬季盐碱土壤可培养放线菌的多样性进行了研究,发现链霉属为优势种群,不同生态土壤类型,无论是优势菌种的多样性还是数量,链霉属所

占放线菌的比重, 农田土 > 次生盐碱土 > 原生盐碱土, 与文中研究结果相似。

不同土地利用类型土壤霉菌主要有青霉属、曲霉属、芽枝霉属、毛霉属、镰孢霉属和交链孢霉属, 其中青霉属的数量最多。无论是数量还是种群多样性, 分布规律为: 耕地 > 山地草原 > 河谷荒地。赵瑾<sup>[20]</sup>曾报道兰州市南北两山不同植被覆盖土壤真菌群落组成有镰孢霉属、曲霉属、毛霉属、青霉属、交链孢霉属、木霉属 (*Trichoderma*) 和根霉属 (*Rhizopus*), 与文中的结论相似。土壤质地较差、植被类型单一, 真菌种类会随之减少, 反之亦然。

## 4 结论

土壤理化性质和植被等诸多因素造成了兰州不同土地利用类型土壤微生物多样性。不同类型土壤微生物数量分布规律为耕地 > 山地干草原 > 河谷荒地, 土壤可培养细菌主要由厚壁菌门、放线菌门、 $\alpha$  变形菌纲和  $\gamma$  变形菌纲组成, 厚壁菌门为优势菌群, 其中山地草原优势菌属为芽孢杆菌属, 河谷荒地为葡萄球菌属, 耕地为农杆菌属、假单胞菌属和葡萄球菌属。不同土地类型土壤放线菌以链霉菌属为主, 包括链孢囊菌属、链轮丝菌属和小单孢菌属。霉菌包括青霉属、曲霉属、芽枝霉属、毛霉属、镰孢霉属和交链孢霉属, 以青霉属为主。研究结果为保护半干旱黄土高原生态环境及可培养微生物资源的利用提供了依据。

## 参考文献

- [1] 林先贵, 胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能[J]. 土壤学报, 2008, 45(5): 892-900.
- [2] 徐晶, 陈婉华, 张夫道. 三类不同开垦年代的土壤主要微生物类群和土壤酶活性的演变[J]. 中国土壤与肥料, 2006(2): 56-58.
- [3] 焦迎春, 卢素锦. 青海大通周边地区不同土壤结构微生物种群研究[J]. 北方园艺, 2013(8): 178-180.
- [4] Saul - Tcherkas, V. , A. Unc , Y. Steinberger. Soil microbial diversity in the vicinity of desert shrubs [J]. Microbial Ecology, 2013, 65(3): 689-699.
- [5] Yannarell A C , Menning S E , Beck A M. Influence of shrub encroachment on the soil microbial community composition of Remnant Hill Prairies [J]. Microbial Ecology, 2014, 67(4): 897-906.
- [6] 于政升. 黄河兰州段微生物群落功能和结构在重金属还原过程中的变化以及重金属还原菌的筛选[D]. 兰州, 兰州大学, 2014.
- [7] 王洪涛, 金研铭, 马丽华, 等. 不同复层群落下土壤理化性质分析[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(13): 7661-7662.
- [8] 中国科学院微生物研究所. 一般细菌常用鉴定方法[M]. 北京: 科学出版社, 1978.
- [9] 东秀珠. 常见细菌系统鉴定手册[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [10] Von W F , Böcker S , Schlötelburg C , et al. Base - specific fragmentation of amplified 16S rRNA genes analyzed by mass spectrometry: a tool for rapid bacterial identification [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2002, 99(10): 7039-7044.
- [11] 阎逊初. 放线菌的分类与鉴定[M]. 北京: 科学出版社, 1992.
- [12] 魏景超. 真菌鉴定手册[M]. 上海: 上海科学出版社, 1979.
- [13] Wang G H , Jin J , Xu M N , et al. Effects of plant soil and soil management on soil microbial community diversity [J]. Chinese Journal of Ecology, 2006, 25(5): 550-556.
- [14] 杨宁, 杨满元, 雷玉兰, 等. 紫色土丘陵坡地土壤微生物群落的季节变化[J]. 生态环境学报, 2015, 24(1): 34-40.
- [15] 高婷, 张源沛. 荒漠草原土壤微生物数量与土壤及植被分布类型的关系[J]. 草业科学, 2006, 23(12): 22-25.
- [16] 王少昆, 赵学勇, 左小安, 等. 科尔沁沙质草甸土壤微生物数量的垂直分布及季节动态[J]. 干旱区地理, 2009, 32(4): 610-615.
- [17] Zhang Y , Cao C , Guo L , et al. Soil properties , bacterial community composition , and metabolic diversity responses to soil salinization of a semi - arid grassland in northeast China [J]. Journal of Soil & Water Conservation, 2015, 70(2): 110-120.
- [18] Jangid K , Williams M A , Franzluebbers A J , et al. Effect of land management on soil bacterial community composition and diversity in the Southern Piedmont , USA [C]. USA: Soil Environment, 2007: 292-299.
- [19] 胡磊. 河西走廊冬季盐碱土壤可培养放线菌的多样性及抗油菜菌核病菌研究[D]. 兰州: 西北师范大学, 2013.
- [20] 赵瑾. 兰州市南北两山土壤微生物区系特征及多样性研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2010.

## Analysis of culturable microbial communities in different land utilization types in semi – arid loess plateau ecological zones

LI Yanlin<sup>1 2</sup>, CHEN Jixiang<sup>2</sup>, ZHANG Yan<sup>3</sup>, HAN Yanwen<sup>3</sup>, WANG Yongang<sup>1</sup>, YANG Zhi<sup>1 2</sup>

(1. Key Laboratory of Energy Supply System Driven by Biomass Energy and Solar Energy of Gansu Province, School of Energy and Power Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China;

2. School of Petrochemical Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China;

3. Gas Transmission Management Department of Shanxi, Petrochina Beijing Gas Pipeline Co Ltd, Yulin 719000, China)

**Abstract:** The quantity and community distributions of the cultivable microorganisms in soils of different land utilization types ( upland meadow, cultivated land and river valley land) in typical semi – arid loess plateau biota in Northwest China were studied. The results showed that soil microbial populations are significantly different among various lands. The numbers of culturable bacteria, actinomycetes and fungi in the upland meadow were  $6.43 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ ,  $2.68 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  and  $0.11 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ , respectively. The numbers in cultivated land were  $9.27 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ ,  $5.33 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  and  $0.07 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ , respectively. In the river valley land the numbers of culturable bacteria, actinomycetes and fungi were  $2.35 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ ,  $2.36 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$  and  $0.08 \times 10^6 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ , respectively. The cultivable bacteria of upland meadow belonged to three phylogenetic groups of Firmicutes, Actinobacteria and Alphaproteobacteria, including *Bacillus*, *Microbacterium*, *Arthrobacter* and *Agrobacterium*, with the main genus being *Bacillus* (69.23%). The bacteria from the cultivated land were affiliated with Firmicutes, Actinobacteria, Alphaproteobacteria and Gammaproteobacteria, including *Bacillus*, *Agrobacterium*, *Staphylococcus*, *Arthrobacter* and *Pseudomonas*. The isolates from the river valley land belonged to Firmicutes and Actinobacteria including *Arthrobacter*, *Staphylococcus* and *Paenibacillus*, with the main genus being *Staphylococcus* (50.00%). The isolated actinomycetes belonged to the following four genera: *Streptosporangium*, *Atreptomycetes*, *Streptoverticillium* and *Micromonospora*, with the main genus being *Atreptomycetes*. The culturable fungi were placed in six main groups including *Penicillium*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Mucor*, *Coniothecium* and *Alternaria*, with the main genus being *Penicillium*.

**Key words:** semi – arid loess area; culturable microbes; quantity; community; diversity