文章编号:1674-2869(2026)02-0177-09

泥炭沉积磷脂脂肪酸(PLFAs)对温度的响应

冯俊俊,贾明敏,黄晓倩,谭 严,黄雨泽,冯雪晴,薛建涛*
武汉工程大学环境生态与生物工程学院,长江中游生源要素微生物转化与调控湖北省重点实验室,湖北 武汉 430205

摘 要:近年来,极端干旱事件频发,威胁陆地生态系统尤其是泥炭生态系统的碳汇功能。极端干旱发生过程中温度是最主要的控制因素,温度升高会导致湿地泥炭功能失衡,进而影响泥炭土壤微生物群落结构,但对微生物的干旱胁迫缺乏足够的了解。对神农架大九湖泥炭土壤开展不同温度梯度的培养实验,研究了5、15、25、35 ℃下泥炭土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)变化特征,同时讨论了各类环境因子与PLFAs的相关关系。结果显示在不同温度培养下的泥炭土壤样品中放线菌(54.66~162.97 nmol/g)、革兰氏阳性菌(35.49~206.19 nmol/g)、革兰氏阴性菌(51.73~513.87 nmol/g)的PLFAs含量变化范围较大。在不同的培养温度下,革兰氏阴性菌是优势菌群,且其含量与温度呈正相关关系。在25 ℃下,PLFAs的总含量随着培养时间的增加呈下降趋势,而15 ℃下PLFAs的总含量随着培养时间的增加呈上升趋势,25 ℃下的PLFAs的总含量高于5、15、35 ℃下的PLFAs的总含量,表明25 ℃是泥炭沉积微生物生长的最适温度。冗余分析发现总有机碳(TOC)与各类PLFAs含量都有显著负相关性,说明TOC变化特征是控制泥炭不同温度下PLFAs分布的主要因素。综上,温度调控泥炭微生物生物量和群落结构的变化,对深入认识长江中游泥炭湿地土壤碳循环过程及其对全球气候变化的响应提供了科学依据。

关键词:磷脂脂肪酸;环境因子;微生物量;微生物群落结构
中图分类号:Q939.9;X16 **文献标志码**:A **DOI**:10.19843/j.cnki.CN42-1779/TQ.202404018

Response of phospholipid fatty acids (PLFAs) in peat deposit to temperature variations

FENG Junjun, *JIA Mingmin*, *HUANG Xiaoqian*, *TAN Yan*, *HUANG Yuze*, *FENG Xueqing*, *XUE Jiantao**
School of Environmental Ecology and Biological Engineering, Hubei Key Laboratory of Microbial Transformation and Regulation of Biogenic Elements in the Middle Reaches of the Yangtze River, Wuhan Institute of Technology, Wuhan 430205, China

Abstract: In recent years, frequent extreme drought events have threatened the carbon sink function of terrestrial ecosystems, particularly peatlands. Temperature is a critical controlling factor during extreme drought events, as rising temperatures can disrupt the functional balance of wetland peat and subsequently alter the microbial community structure. However, our understanding of microbial responses to drought stress remains limited. In this study, incubation experiments were conducted on peat soil collected from Dajiu Lake in Shennongjia at different temperature gradients (5, 15, 25, and 35 ℃). The variation characteristics of microbial phospholipid fatty acids (PLFAs) in peat soil were investigated, along with the correlations between various environmental factors and PLFAs. Results showed that the PLFA contents of Actinobacteria

收稿日期: 2024-04-11
基金项目:国家自然科学基金(41903066);流域关键带演化湖北省重点实验室开放基金(CZE2022F05);生物地质与环境地质国家重点实验室基金(GBL202402)
作者简介:冯俊俊,硕士研究生。Email:fjunjun163@163.com
***通信作者**:薛建涛,博士,副教授。Email:xuejiantaocug@163.com
引文格式:冯俊俊,贾明敏,黄晓倩,等. 泥炭沉积磷脂脂肪酸(PLFAs)对温度的响应[J]. 武汉工程大学学报,2026,48(2):177-185.

(54.66−162.97 nmol/g), gram-positive bacteria (35.49−206.19 nmol/g), and gram-negative bacteria (51.73−513.87 nmol/g) in peat soil samples varied considerably across different incubation temperatures. Gram-negative bacteria were the dominant microbial group at all incubation temperatures and exhibited a positive correlation with temperature. At 25 ℃, the total PLFA content decreased with increasing incubation time, whereas at 15 ℃, it increased over time. The highest total PLFA content was observed at 25 ℃ compared to 5, 15, and 35 ℃, indicating that 25 ℃ is the optimal temperature for microbial growth in peat sediments. Redundancy analysis revealed significant negative correlations between total organic carbon (TOC) and all PLFA types, suggesting that variations in TOC characteristics are the primary factor controlling the distribution of PLFAs in peat under different temperature conditions. Overall, temperature regulates changes in microbial biomass and community structure in peatlands. These findings provide a scientific basis for understanding soil carbon cycling processes in peat wetlands of the middle reaches of the Yangtze River and their responses to global climate change.

Keywords: phospholipid fatty acids; environmental factors; microbial biomass; microbial community structure

磷脂脂肪酸(phospho lipid fatty acid, PLFAs)是活体微生物细胞膜的重要组成部分,在细胞死亡后迅速降解[1−2]。微生物通过改变细胞膜脂肪酸组成应对环境的变化[3]。PLFAs反映了不同类型的微生物群落结构,因此可以通过分析PLFAs的组成对微生物丰度进行定量分析,避免了微生物DNA的提取和测序这一复杂程序[4],已经被广泛用于研究不同土地利用或环境条件下土壤微生物群落的变化[5−6]。大量文献利用PLFAs的生物量、多样性和比率等3个指标量化和表征不同的陆地系统的微生物群落特征[7−9]。例如通常PLFAs的总含量(total phospho lipid fatty acid total, TPLFAs)用来表示微生物量的变化。真菌和细菌的质量含量比值(F:B)可以表示土壤微生物群落的组成,揭示土壤生态系统的稳定性[10−11]。革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌质量含量比值(G^+:G^-)可以揭示土壤中微生物对土壤有机碳的利用情况,从而反映土壤的营养状况[12−13]。异构PLFAs与反异构PLFAs比值(iN:0:aN:0)通常用来反映营养利用状况和环境压力[14]。

土壤微生物是土壤中的重要组成部分,是土壤物质循环和能量流动的主要参与者[15],而温度是影响土壤微生物活性的重要因素,土壤温度升高使土壤微生物的生物量、活性、结构产生明显改变[16−17]。由于增温方式与增温时间不同,增温对土壤微生物群落影响的结果也有所不同。研究变暖条件下土壤微生物群落结构变化对评价全球碳循环具有重要意义[18]。Weedon等[19]在位于瑞典的Abisko研究站采用开顶箱增温方式,进行连续9年的增温处理(0.2~0.9 ℃),发现土壤微生物群落结构并没有发生明显改变。Rinnan等[20]同样采用开顶箱增温方式,在位于芬兰西北部的亚苔原区域经过12年的增温处理(+0.5 ℃),却发现增温改变了土壤微生物的群落结构,并且增温条件下的土壤G^+的PLFAs含量较对照低,而真菌和G^-的PLFAs含量则没有明显变化。但也有研究发现温度升高导致真菌和G^-的PLFAs含量减少,可能是由他们对扰动的敏感性或者土壤可利用营养物质在较高温度下的快速消耗引起的养分限制引起[21]。土壤中的不同微生物类群对温度升高的响应也会有所不同,Zogg等[22]的研究显示,增温引起土壤中表征G^+与G^-土壤微生物类群的PLFAs增加,而其他土壤微生物类群PLFAs和活性微生物量则随着温度的升高而降低,可能与不同微生物类群对环境的敏感性不同有关,或者是增温引起的土壤养分、含水量等的改变间接影响了微生物类群的生长率,进而导致微生物群落结构的改变。气候变暖导致了不同生态系统中土壤微生物群落组成的变化[23]。

泥炭地是湿地生态系统,尽管仅占地球表面的3%[24],却包含全球陆地碳的10%~20%[25],而且泥炭地对气候变化敏感[26]。泥炭地以高度多样化的微生物群落而闻名[27],而微生物群落是评估未来泥炭地碳循环过程所需的核心因素,因此有必要更好地了解微生物群落对气候变暖的响应[28]。尽管观察到的微生物群落对气候变化的反应各不相同,但气候变化可能会在某些方面改变泥炭地的真菌和细菌群落[29−31],并影响到泥炭地的稳定性[32]。泥炭沉积中含有丰富的PLFAs化合物,这些PLFAs分子组成及原子组成(碳和单体氢同位

素）能够反映泥炭湿地甲烷循环过程[33]。泥炭沉积中的PLFAs分布受泥炭地多种环境因素共同影响，比如泥炭地的水位变化和季节性温度变化都会调控PLFAs的形成及转化过程。这些单一的环境因子对PLFAs所反映的菌群结构差异性的机理，目前仍不清楚。基于以上原因，对采集的神农架大九湖泥炭样品进行不同温度梯度培养，分析泥炭沉积PLFAs对温度的响应过程，为深入理解泥炭湿地土壤碳循环过程及其对全球变化的响应提供科学依据。

1　实验部分

1.1　研究区概况与样品采集

大九湖泥炭湿地地处湖北省神农架林区最西部（31°26′32″−31°31′41″N，109°56′9″−110°3′13″E），是华中地区海拔最高、面积最大、保存最为完好的高山泥炭湿地。平均海拔1 730 m，年平均降雨量1 560 mm，年平均温度为7.2 ℃[34]。大九湖泥炭湿地是以泥炭藓为典型代表植物的草本泥炭[35−37]，泥炭厚度超过2 m[34]。2022年7月在大九湖泥炭湿地采集表层泥炭样品（0~2 cm），样品运回实验室后保存于−20 ℃的冰箱中。

1.2　样品预处理

在25 ℃培养箱中预培养1周，调节土壤含水量为最大田间持水量（water holding capacity，WHC）的80%。将预培养后的土壤分装到不同玻璃瓶中，设置4个培养温度，分别是5、15、25、35 ℃。具体培养方法为：称取50 g土壤（以湿重计）于200 mL玻璃瓶内，放在不同温度培养箱中培养8周，分别在第1、2、3、4、5、6、7、8周取样。培养期间采用称重法每隔2 d补一次灭菌去离子水，同时定期换气。取样时搅拌均匀后分装在两个密封袋，分别置于4 ℃冰箱用来测土壤理化性质，置于−20 ℃冰箱用来测PLFAs含量。

使用多参数水质仪（HQ40d，美国哈希）对冷冻干燥的泥炭样品提取测试pH、电导率（electrical conducfivity，EC）和氧化还原电位（oxidation reduction patential，ORP）。使用元素分析仪（Vario Macro cube，德国艾力蒙塔）测定样品总有机碳（total organic carbon，TOC）和总氮（total nitrogen，TN）。使用氯仿熏蒸法提取泥炭样品微生物量碳（microbial biomass carbon，MBC），使用K_2SO_4浸提法提取泥炭样品可溶性有机碳（dissolved organic carbon，DOC），MBC和DOC使用TOC/TN仪（Multi N/C 2100S，德国耶拿）进行测试。

1.3　PLFAs提取及测试分析

PLFAs的提取采用经典的BD法（Bligh-Dyer method），具体操作为：称取2.00 g已磨好并过0.25 mm筛孔的样品进行脂类提取。从同一样品中称取两个1.00 g冷冻干燥土样于小号试管中，依次加入1.6 mL 0.15 mol/L柠檬酸缓冲液、2 mL氯仿、4 mL甲醇。50 r/min遮光下水平振荡2 h，1 500 r/min离心10 min后，将两支同一样品的小号试管的上层清液移入大号试管中，对离心后的土壤重复进行上述步骤，并将试剂减半。加4.8 mL柠檬酸缓冲液和6 mL氯仿到大号试管中，盖好盖子，涡旋振荡30 s，随后将试管用锡箔纸包好，放4 ℃冰箱竖立静置至少4 h。将大号试管中的下层氯仿转移到中号玻璃试管中，使用旋转蒸发仪在37 ℃下浓缩至约1 mL，氮气吹干后于冰箱冷冻保存，完成脂类提取。用氯仿（2.5 mL×2次）清洗固相萃取柱，用氯仿（2.5 mL×2次）溶解吹干后的样品，并转移到固相萃取柱，依次用8 mL氯仿、10 mL丙酮淋法，弃废液。再用8 mL甲醇淋法，收集甲醇相，用氮气吹干，添加定量内标，氮气吹干完成脂类分离。加入1 mL甲苯甲醇1∶1 mL水混合溶液、1 mL 0.2 mol/L氢氧化钾甲醇溶液，37 ℃水浴加热15 min后加入2 mL正己烷氯仿混合液，加入0.3 mL 1 mol/L冰醋酸，2 mL去离子水，然后混合振荡，转移上层有机相到小号试管中，加2 mL正己烷氯仿混合液到原试管中重复提取，振荡分离10 min，离心10 min（1 500 r/min），转移上层有机相到小号试管中，氮气吹干。用150 μL正己烷溶解磷脂脂肪酸甲酯，转移到玻璃内插管中，进行气相色谱（Agilent 7890B，Agilent，USA）检测，使用MIDI磷脂脂肪酸数据库对脂肪酸进行鉴定和定量。

1.4　数据处理

使用Excel进行数据计算分析，使用OriginPro 2021和SPSS 2016进行绘图和统计分析。所有数据均使用Excel 2016，IBM SPSS Statistics 25和R语言（V4.2.3）进行数据整理和统计分析。使用单因素方差分析和Duncan test检验处理组间的显著性差异（p<0.05）。使用Origin 2023软件构建条形图。基于Spearman相关系数（r>0.6和p<0.05）使用RStudio进行相关分析。

2　结果与讨论

2.1　培养温度对泥炭土壤基本理化性质的影响

由图1分析可知，不同温度培养下的泥炭土壤

的理化性质变化趋势不同。ORP在整个培养周期中，4种温度控制下都呈上升趋势，且随着时间的增加，35 ℃温度下培养的泥炭土壤的ORP值高于其他3个温度。pH在培养过程中变化范围很小，为3.7~4.4，35 ℃温度下培养的泥炭土壤的pH值高于其他3个温度。EC在4个温度梯度下变化较一致，其中第4周培养时间浓度都最高。不同温度下培养的泥炭样品的氧化还原电位总体呈上升趋势，中高温下培养的泥炭样品*C/N*（质量含量）的变化趋势较稳定，而35 ℃培养下泥炭样品*C/N*呈下降趋势，其中样品在35 ℃温度下培养时在第4周MBC、DOC发生明显变化，该温度下的*C/N*也呈下降趋势，而其他温度下培养的样品在整个培养周期中的各因子变化相对稳定，这说明温度变化对泥炭中的微生物群落结构有一定的影响。曹冬冬等[38]研究也发现大多数微生物对温度存在正反馈，与本文的研究结果相一致。

2.2 不同温度处理下泥炭土壤PLFAs的变化特征

根据美国MIDI公司的PLFAs数据库，鉴定C_{11}到C_{24}之间的PLFAs，筛除没有微生物类别信息的PLFAs和所有相对丰度<1%的PLFAs，最后在所有样本中共鉴定出24种PLFAs，具体的名称和所属微生物类别如表1所示，由于本实验未鉴定出18:2 ω9c，所以把18:1 ω9c划分为革兰氏阴性细菌[39]。脂肪酸的命名按照Frostegård等[2]法进行命名。不同生境间单不饱和脂肪酸和环丙基脂肪酸的含量所占比重相对较高，而多不饱和脂肪酸的含量所占比重较低，这说明在不同温度处理组的泥炭土壤更适合以单不饱和脂肪酸和环丙基脂肪酸为主的革兰氏阴性菌的生长。

经过8周的培养，不同温度处理下泥炭土壤的各类PLFAs含量见图2。由图2可知温度为5 ℃培养的泥炭土壤样品中PLFAs含量最高的前6个分别是18:1 ω9c(革兰氏阴性菌)、19:0 cyclo ω7c(革兰氏阴性菌)、16:0(细菌)、18:1 ω7c(革兰氏阴性菌)、16:0 10-methyl(放线菌)、15:0 iso(革兰氏阳性菌)。温度为15 ℃培养的泥炭土壤样品中PLFAs含量最高的前6个分别是18:1 ω9c、19:0 cyclo ω7c、18:1 ω7c、16:0、16:0 10-methyl、15:0 iso。温度为25 ℃培养的泥炭土壤样品中PLFAs

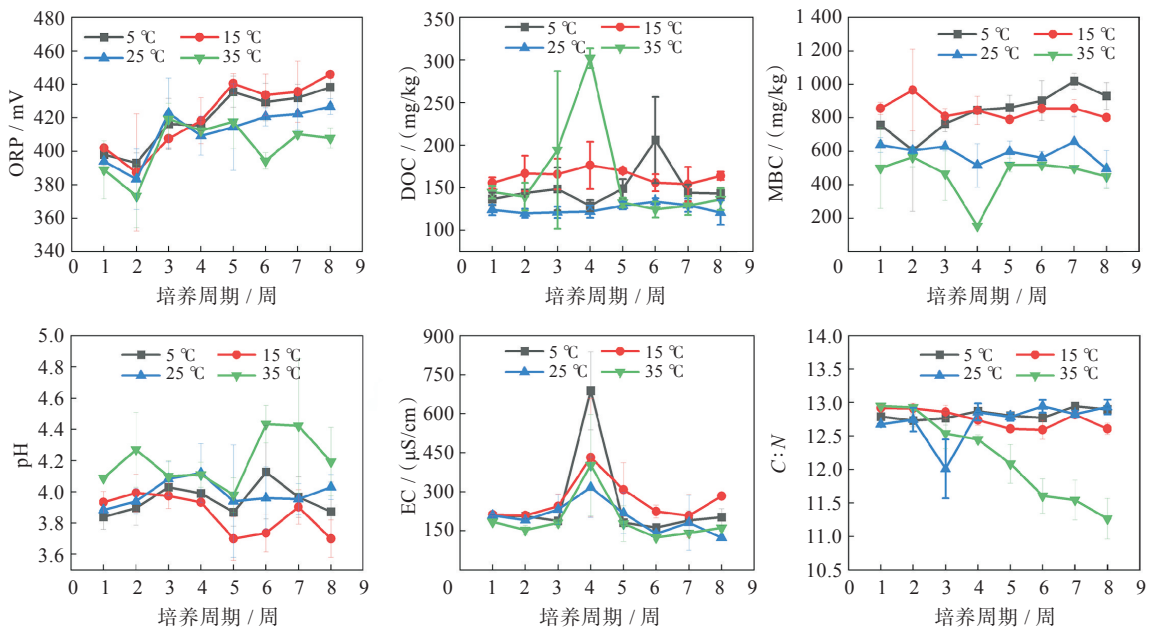


图1 不同温度土壤理化性质的变化规律

Fig. 1 Variations of soil physicochemical properties at different temperatures

表1 磷脂脂肪酸分类

Table 1 Classification of phospholipid fatty acids

MIDI分类	化合物名称
G^+	15:0 iso、15:0 anteiso、16:0 iso、17:1 iso ω9c 、17:0 iso、17:0 anteiso
G^-	18:1 ω9c、16:1 ω7c、17:1 ω8c、、17:0 cyclo ω7c、18:1 ω7c、18:1 ω5c、19:0 cyclo ω7c
普通细菌	14:0、15:0、16:0、17:0、18:0
丛枝菌根真菌	16:1 ω5c
放线菌	16:0 10-methyl、17:1 ω7c 10-methyl、17:0 10-methyl、18:1 ω7c 10-methyl、18:0 10-methyl

含量最高的前6个分别是19∶0 cyclo ω7c、18∶1 ω9c、16∶0、18∶1 ω7c、15∶0 iso、16∶0 10-methyl。温度为35 ℃培养的泥炭土壤样品中PLFAs含量最高的前6个分别是19∶0 cyclo ω7c、18∶1 ω9c、16∶0、18∶1 ω7c）、16∶0 10-methyl、15∶0 iso。温度为35 ℃下培养的泥炭土壤样品中各PLFAs组分含量与温度为25 ℃下培养的泥炭土壤样品中的各PLFAs组分含量相似。

其中放线菌类的PLFAs总体含量变化范围为54.66~162.97 nmol/g，真菌类PLFAs总体含量变化范围为1.37~18.27 nmol/g，革兰氏阳性菌PLFAs总体含量变化范围为35.49~206.19 nmol/g，革兰氏阴性菌PLFAs总体含量变化范围为51.73~513.87 nmol/g，一般性细菌PLFAs总体含量变化范围为40.09~215.78 nmol/g。PLFAs总体含量变化范围较大的种群可能对环境的适应力较强。Felice等[40]利用PLFAs技术，发现真菌、革兰氏阴性和革兰氏阳性菌的相对丰度都与温度呈正相关。Bradford[41]认为温度变化可能导致微生物群落的变化，是因为微生物（如酶）的生理变化影响其最适温度，温度可能影响了底物的可用性和组成。

经过8周的培养，不同温度和不同培养时间泥炭土壤的各类PLFAs含量见图3。经过8周的培养，在5和15 ℃温度下PLFAs总含量低于25 ℃和35 ℃温度下PLFAs总含量。25-1处理组（25 ℃，培养时间1周）土壤总PLFAs的含量最高，35−3处理组（35 ℃，培养时间3周）土壤总PLFAs的含量最低。

由图4（a）可知，不同培养时间，不同温度下的土壤$F∶B$值均小于1，不同处理组之间细菌占据主要地位，真菌占次要地位，这是由于泥炭土壤偏酸性（pH为4~6），更适合细菌的生长。当底物中可以利用的碳源减少时，革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌比值增加。由图4（b）可知，$G^+∶G^-$的值并未明显降低，但5 ℃的比值高于其他3个不同温度处理组，说明培养8周后，在不同温度处理组之间微生物可利用的碳源充足，没有匮乏现象。不同处理组之间异构PLFAs的比率高于反异构，异构的PLFAs相对于反异构的PLFAs具有生存优势；不同处理组之间iN∶0∶aN∶0相似，表明不同处理组之间微生物的营养利用状况，及承受的环境压力表现具有一定的相似性[图4（c）]。Zhang等[42]观测了我国北方温带生态系统的微生物季节过程，对比了冬季与夏季土壤微生物群落，发现冬季的革兰氏阴性/阳性细菌比要高于夏季，这与本文研究结果一致。

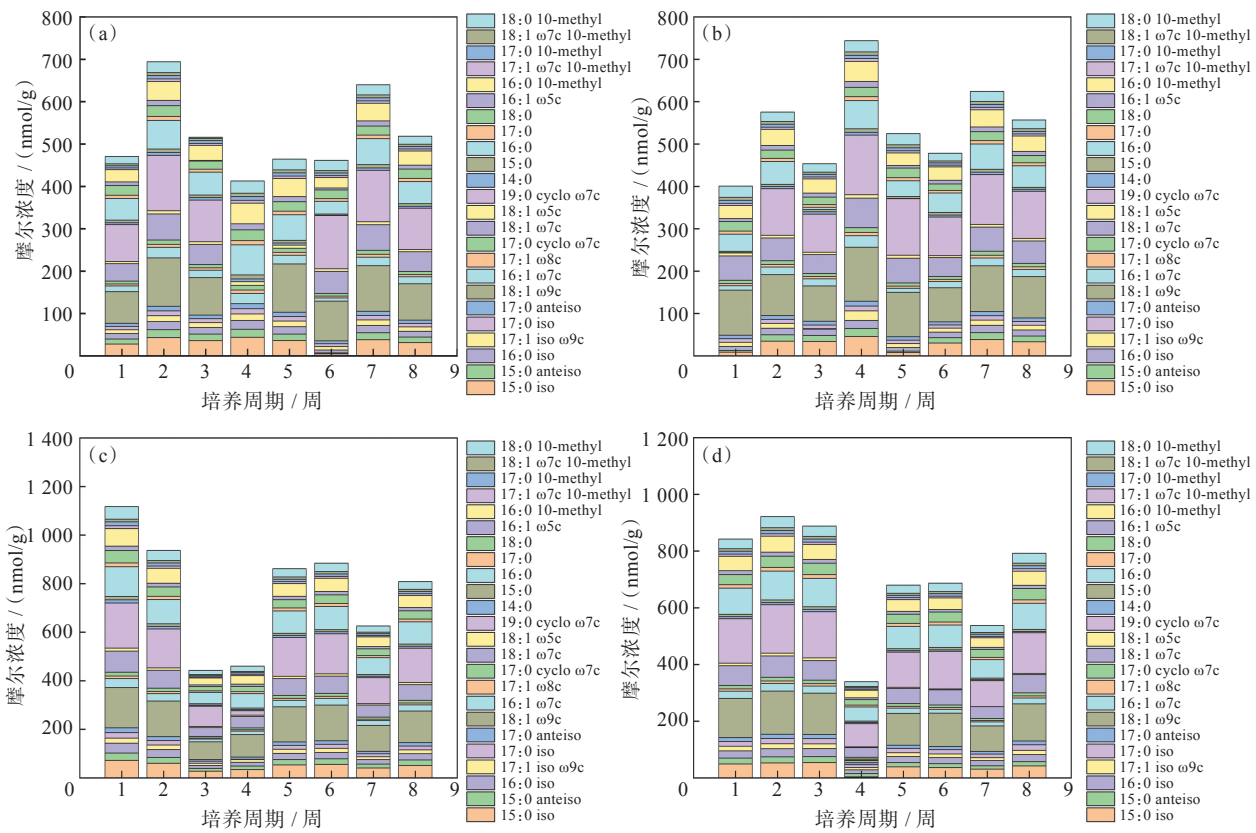
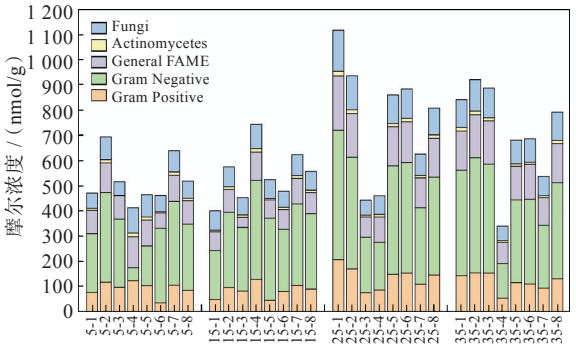


图2　不同温度下，各类PLFAs含量：（a）5 ℃，（b）15 ℃，（c）25 ℃，（d）35 ℃

Fig. 2　Contents of different PLFAs at various temperatures：（a）5 ℃，（b）15 ℃，（c）25 ℃，（d）35 ℃



注：5-1代表5 ℃第1周，以此类推。

图3 不同温度，不同培养时间下TPLFAs的变化规律

Fig. 3 Changes in total PLFAs（TPLFAs）under different temperatures and incubation times

2.3 泥炭土壤PLFAs与环境因子相关分析

对不同温度下PLFAs和环境因子进行相关性分析发现（图5）：TN与15:0 iso、17:1 iso ω9c、17:0 anteiso、15:0、16:0 10-methyl显著负相关（p<0.05），与16:1 ω7c、17:1 ω8c、17:0 cyclo ω7c、16:1 ω5c极显著负相关（p<0.01），与15:0 anteiso、18:1 ω5c、14:0极显著负相关（p<0.001）；MBC与15:0、17:1 ω7c 10-methyl、17:0 10-methyl、17:0、17:0 anteiso、18:0 10-methyl、19:0 cyclo ω7c显著负相关（p<0.05），与17:0 iso、16:0、16:0 iso极显著负相关（p<0.01），与18:0极显著负相关（p<0.001）；电导率与17:1 ω7c 10-methyl、17:0 anteiso、18:0 10-methyl、18:1 ω7c 10-methyl、19:0 cyclo ω7c显著负相关（p<0.05），与17:0 10-methyl、17:0、18:1 ω9c、17:0 iso、18:0、16:0、16:0 iso极显著负相关（p<0.01）；TOC与17:1 ω7c 10-methyl、17:0 10-methyl、17:0、17:0 anteiso、18:0显著负相关（p<0.05），与17:0 iso、16:0、16:0 iso极显著负相关（p<0.01）；DOC与15:0 iso、16:0 10-methyl、17:1 ω7c 10-methyl、17:0 10-methyl、17:0 anteiso、17:0 iso显著负相关（p<0.05），与15:0、17:0、18:0、16:0、16:0 iso极显著负相关（p<0.01）；ORP与17:0 10-methyl、17:0、17:0 anteiso、18:0 10-methyl、17:0 iso16:0、16:0 iso显著负相关（p<0.05），与18:0极显著负相关（p<0.01）；*C/N*与15:0 anteiso、14:0显著正相关（p<0.05），与18:1 ω5c极显著正相关（p<0.01）。

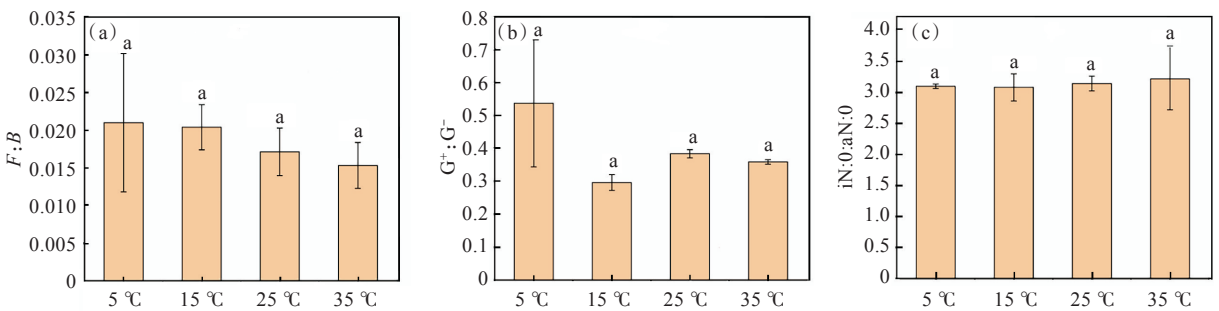


图4 不同处理组之间，不同的特征脂肪酸的比值分析：(a)F:B，(b)G⁺:G⁻，(c)iN:0:aN:0

Fig. 4 Ratios of specific fatty acids among different treatment groups：(a)F:B，(b)G⁺:G⁻，(c)iN:0:aN:0

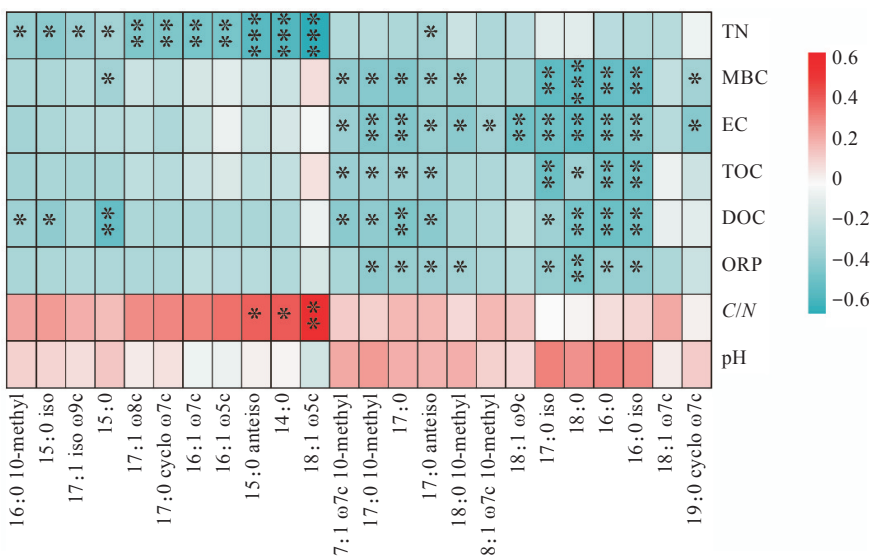


图5 各类PLFAs与环境因子的相关性热图（*代表p≤0.05，**表示p≤0.01，***表示p≤0.001）

Fig. 5 Heatmap showing correlations between PLFAs and environmental factors（*$p \leq 0.05$，**$p \leq 0.01$，***$p \leq 0.001$）

如图6所示，RDA分析表明，第一轴和第二轴总共解释了44.63 %的PLFAs含量的变化。在环境变量上，第一轴主要反映了DOC、MBC、ORP和TOC的变化，而第二轴主要反映了TN、EC和*C/N*的变化。图6冗余分析也再次说明DOC、MBC、ORP和TOC与各时期不同温度培养条件下的各类总PLFAs含量负相关，而革兰氏阴性菌与EC负相关，pH正相关。真菌与TN负相关，与C/N正相关。Hu等[43]发现部分土壤性质与PLFA浓度之间存在显著的相关性，Liu等[44]的研究也表明细菌的变化可能归因于土壤理化性质的显著变化。

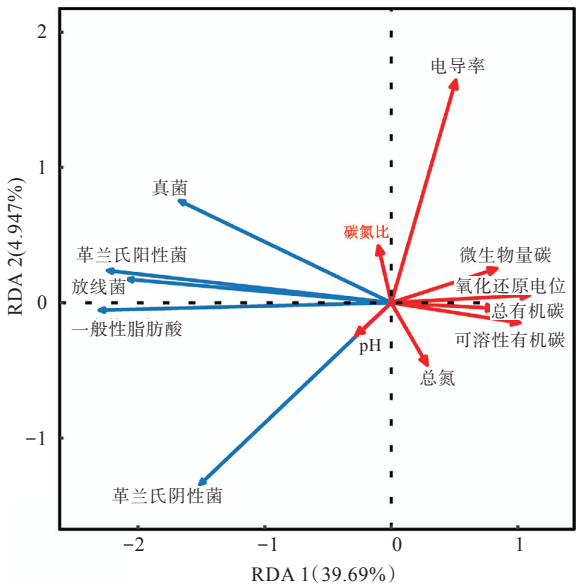


图6　各类PLFA含量与环境因子的冗余分析

Fig. 6　Redundancy analysis (RDA) of PLFA contents and environmental factors

2.4　不同温度PLFAs差异性分析

线性判别分析效应大小（linear discriminant analysis eEffect size，LEfSe）可实现不同分组间的比较，从而找到不同分组间具有显著性差异的物种（biomaker）。设定线性判别分析（linear discriminant analysis，LDA）值＞2.5，被认为是组间有显著性差异的物种，共发现33个具有统计学差异的物种。

如图7所示，在5 ℃处理组中，属于革兰氏阴性菌的16∶1 ω7c、18∶1 ω5c、16∶1 ω6c等，属于革兰氏阳性菌的15∶1 iso ω9c、14∶0 iso、18∶0 iso等，属于真菌的18∶2 ω6c等被显著富集。在15 ℃处理组中，属于革兰氏阴性菌的18∶1 ω9c、18∶1 ω7c、15∶1 ω5c被显著富集。在25 ℃处理组中，属于革兰氏阳性菌的15∶0 iso、属于革兰氏阴性菌的13∶1 ω3c、20∶1 ω8c等被显著富集；在35 ℃处理组中，属于革兰氏阳性菌的16∶0 iso、17∶0 iso、16∶0 anteiso、属于革兰氏阴性菌的22∶1 ω8c等被显著富集。这些结果表明，不同温度下，泥炭土壤中细菌群落的结构有显著不同。

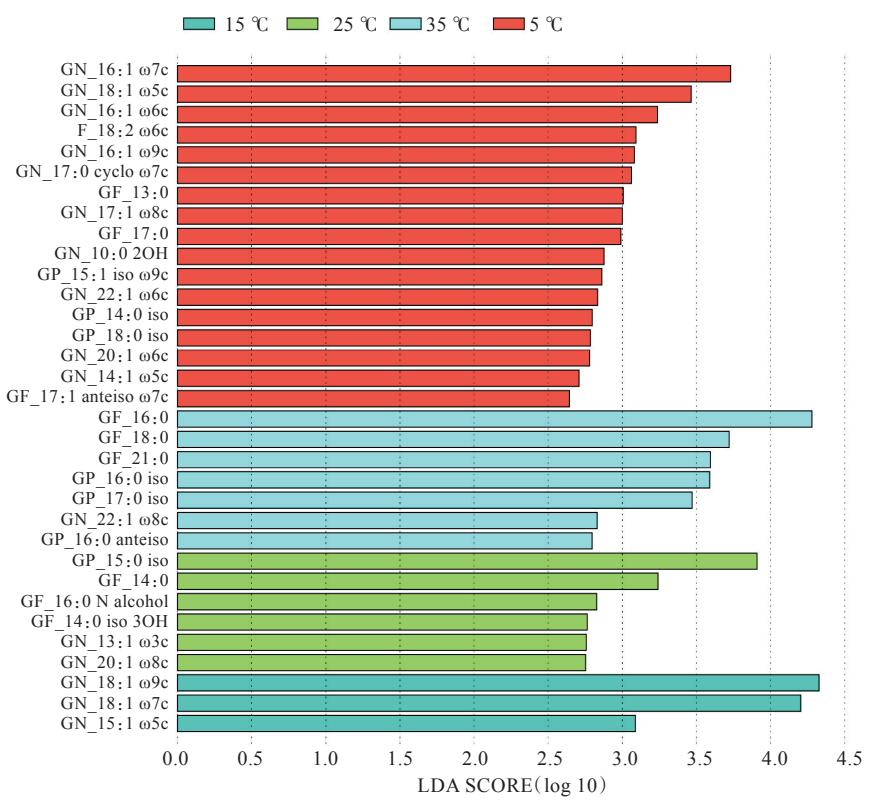


图7　不同温度培养下的各类PLFAs具有显著性差异的LEfSe分析

Fig. 7　LEfSe analysis of PLFAs with significant differences under different incubation temperatures

3 结 论

通过设置4个温度梯度,在泥炭土壤样品培养8周后,提取不同培养时间、不同培养温度下的泥炭土壤的PLFAs,通过PLFAs与环境因子冗余分析以及LEfSe分析发现,DOC、MBC、ORP和TOC与不同时期和不同温度培养条件下的总PLFAs含量有显著相关性。温度会影响土壤的水分蒸发,土壤水分对土壤微生物影响显著,随着温度的升高,水分蒸发量会增加,从而造成微生物丰度的减少,最终会导致各类PLFAs的含量发生改变。此外,不同温度培养下泥炭土壤PLFAs组分和含量有所差异,但具有相似的时间变化趋势,在不同温度下泥炭土壤中含量较高的6类PLFAs为18:1 ω9c(革兰氏阴性菌)、19:0cyclo ω7c(革兰氏阴性菌)、16:0(细菌)、18:1 ω7c(革兰氏阴性菌)、16:0 10-methyl(放线菌)、15:0 iso(革兰氏阳性菌)。

参考文献

[1] WHITE D C, DAVIS W M, NICKELS J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractible lipid phosphate [J]. Oecologia, 1979, 40(1): 51-62.

[2] FROSTEGÅRD Å, TUNLID A, BÅÅTH E. Use and misuse of PLFA measurements in soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011,43(8): 1621-1625.

[3] SILIAKUS M F, van der OOST J, KENGEN S W M. Adaptations of archaeal and bacterial membranes to variations in temperature, pH and pressure [J]. Extremophiles, 2017, 21(4): 651-670.

[4] YAO H Y, CHAPMAN S J, THORNTON B, et al. ^{13}C PLFAs: a key to open the soil microbial black box? [J]. Plant and Soil, 2015, 392(1/2): 3-15.

[5] LONG X E, YAO H Y, HUANG Y, et al. Phosphate levels influence the utilisation of rice rhizodeposition carbon and the phosphate-solubilising microbial community in a paddy soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 118: 103-114.

[6] ADAM I K U, MILTNER A, KÄSTNER M. Degradation of ^{13}C-labeled pyrene in soil-compost mixtures and fertilized soil [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(22): 9813-9824.

[7] DRENOVSKY R E, STEENWERTH K L, JACKSON L E, et al. Land use and climatic factors structure regional patterns in soil microbial communities [J]. Global Ecology and Biogeography, 2010, 19(1): 27-39.

[8] FRANCISCO R, STONE D, CREAMER R E, et al. European scale analysis of phospholipid fatty acid composition of soils to establish operating ranges [J]. Applied Soil Ecology, 2016, 97: 49-60.

[9] 宋宇迪, 樊昊心, 姚槐应. 纳米银胁迫下土壤微生物磷脂脂肪酸的响应特征 [J]. 武汉工程大学学报, 2023, 45(6): 655-662.

[10] GARCIA-SÁNCHEZ M, GARCIA-ROMERA I, CAJTHAML T, et al. Changes in soil microbial community functionality and structure in a metal-polluted site: the effect of digestate and fly ash applications [J]. Journal of Environmental Management, 2015, 162: 63-73.

[11] CHAUDHARY D R, GAUTAM R K, GHOSH A, et al. Effect of nitrogen management on soil microbial community and enzymatic activities in *Jatropha curcas L.* plantation [J]. CLEAN – Soil, Air, Water, 2015, 43(7): 1058-1065.

[12] WANG C T, WANG G X, WANG Y, et al. Urea addition and litter manipulation alter plant community and soil microbial community composition in a Kobresia humilis meadow [J]. European Journal of Soil Biology, 2015, 70: 7-14.

[13] WILKINSON S C, ANDERSON J M, SCARDELIS S P, et al. PLFA profiles of microbial communities in decomposing conifer litters subject to moisture stress [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(2): 189-200.

[14] WILLERS C, JANSEN VAN RENSBURG P J, CLAASSENS S. Phospholipid fatty acid profiling of microbial communities: a review of interpretations and recent applications [J]. Journal of Applied Microbiology, 2015, 119(5): 1207-1218.

[15] TRUDELL S A, RYGIEWICZ P T, EDMONDS R L. Patterns of nitrogen and carbon stable isotope ratios in macrofungi, plants and soils in two old-growth conifer forests [J]. New Phytologist, 2004, 164(2): 317-335.

[16] CASTRO H F, CLASSEN A T, AUSTIN E E, et al. Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(4): 999-1007.

[17] SHEIK C S, BEASLEY W H, ELSHAHED M S, et al. Effect of warming and drought on grassland microbial communities [J]. The ISME Journal, 2011, 5(10): 1692-1700.

[18] 王学娟, 周玉梅, 江肖洁, 等. 增温对长白山苔原土壤微生物群落结构的影响 [J]. 生态学报, 2014, 34(20): 5706-5713.

[19] WEEDON J T, KOWALCHUK G A, AERTS R, et al. Summer warming accelerates sub-arctic peatland nitrogen cycling without changing enzyme pools or microbial community structure [J]. Global Change Biology, 2012, 18(1): 138-150.

[20] RINNAN R, STARK S, TOLVANEN A. Responses of vegetation and soil microbial communities to warming and simulated herbivory in a subarctic heath [J]. Journal of Ecology, 2009, 97(4): 788-800.

[21] FENG X J, SIMPSON M J. Temperature and substrate controls on microbial phospholipid fatty acid composition during incubation of grassland soils contrasting in organic matter quality [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(4): 804-812.

[22] ZOGG G P, ZAK D R, RINGELBERG D B, et al. Compositional and functional shifts in microbial communities due to soil warming [J]. Soil Science Society of America Journal, 1997, 61(2): 475-481.

[23] CREGGER M A, SANDERS N J, DUNN R R, et al. Microbial communities respond to experimental warming, but site matters [J]. Peerj, 2014, 2(1): e358.

[24] GORHAM E. Northern peatlands: role in the carbon cycle and probable responses to climatic warming [J]. Ecological applications, 1991, 1(2): 182-195.

[25] CLYMO R S, TURUNEN J, TOLONEN K. Carbon accumulation in peatland [J]. Oikos, 1998, 81(2): 368-388.

[26] BRIDGHAM S D, CADILLO-QUIROZ H, KELLER J K, et al. Methane emissions from wetlands: biogeochemical, microbial, and modeling perspectives from local to global scales [J]. Global Change Biology, 2013, 19(5): 1325-1346.

[27] WILLIAMS R T, CRAWFORD R L. Microbial diversity of Minnesota peatlands [J]. Microbial Ecology, 1983, 9(3): 201-214.

[28] KLUBER L A, JOHNSTON E R, ALLEN S A, et al. Constraints on microbial communities, decomposition and methane production in deep peat deposits [J]. PLoS One, 2020, 15(2): e0223744.

[29] FERNANDEZ C W, KENNEDY P G. Revisiting the 'Gadgil effect': do interguild fungal interactions control carbon cycling in forest soils? [J]. New Phytologist, 2016, 209(4): 1382-1394.

[30] FERNANDEZ C W, NGUYEN N H, STEFANSKI A, et al. Ectomycorrhizal fungal response to warming is linked to poor host performance at the boreal-temperate ecotone [J]. Global Change Biology, 2017, 23(4): 1598-1609.

[31] ANDERSEN R, CHAPMAN S J, ARTZ R R E. Microbial communities in natural and disturbed peatlands: a review [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 57: 979-994.

[32] HOPPLE A M, WILSON R M, KOLTON M, et al. Massive peatland carbon banks vulnerable to rising temperatures [J]. Nature Communications, 2020, 11: 2373.

[33] ZHANG Y M, NAAFS B D A, HUANG X Y, et al. Variations in wetland hydrology drive rapid changes in the microbial community, carbon metabolic activity, and greenhouse gas fluxes [J]. Geochimica Et Cosmochimica Acta, 2022, 317: 269-285.

[34] 黄咸雨, 张志麒, 王红梅, 等. 神农架大九湖泥炭湿地关键带监测进展[J]. 地球科学, 2017, 42(6): 1026-1038.

[35] YAN C Y, ZHANG Y M, ZHANG Y Z, et al. Habitat influence on the molecular, carbon and hydrogen isotope compositions of leaf wax *n*-alkanes in a subalpine basin, central China [J]. Journal of Earth Science, 2020, 31: 845-852.

[36] ZHAO B Y, ZHANG Y M, HUANG X Y, et al. Comparison of n-alkane molecular, carbon and hydrogen isotope compositions of different types of plants in the Dajiuhu peatland, central China [J]. Organic geochemistry, 2018, 124: 1-11.

[37] TAO L, ZIJIAN L, YANSHENG G. Plant Community survey and ecological protection of dajiuhu wetlands in Shennongjia Area [J]. Wetland Science, 2015, 13(2): 153.

[38] 曹冬冬,樊昊心. 土壤碳氮磷硫循环对温度的响应[J]. 武汉工程大学学报, 2023, 45(4): 423-428.

[39] HELFRICH M, LUDWIG B, THOMS C, et al. The role of soil fungi and bacteria in plant litter decomposition and macroaggregate formation determined using phospholipid fatty acids [J]. Applied Soil Ecology, 2015, 96: 261-264.

[40] FELICE M, BLAKE C M, SEBESTYEN S, et al. Microbial abundances and carbon use under ambient temperature or experimental warming in a southern boreal peatland [J]. Biogeochemistry, 2024, 167(5): 631-650.

[41] BRADFORD M A. Thermal adaptation of decomposer communities in warming soils [J]. Frontiers in Microbiology, 2013, 4: 333.

[42] ZHANG X Y, WANG W, CHEN W L, et al. Comparison of seasonal soil microbial process in snow-covered temperate ecosystems of northern China [J]. PLoS One, 2014, 9(3): e92985.

[43] HU X, LI X Y, ZHAO Y D, et al. Changes in soil microbial community during shrub encroachment process in the Inner Mongolia grassland of northern China [J]. Catena, 2021, 202: 105230.

[44] LIU G Z, JIN M, CAI C T, et al. Soil microbial community structure and physicochemical properties in amomum tsaoko-based agroforestry systems in the Gaoligong Mountains, Southwest China [J]. Sustainability, 2019, 11(2): 1-14.

本文编辑:张　瑞