

DOI: 10.5846/stxb201603030374

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.生态学报,2017,37(10): - .

Qin H, Li C X, Ren Q S. Effects of different land use patterns on soil bacterial and fungal biodiversity in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir region. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(10): - .

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

秦 红, 李昌晓*, 任庆水

三峡库区生态环境教育部重点实验室, 重庆市三峡库区植物生态与资源重点实验室, 西南大学生命科学学院, 重庆 400715

摘要:旨在为三峡消落带选择适合的生态恢复方式提供参考依据。以三峡库区重庆忠县汝溪河流域典型消落带为研究区域,于2015年6月进行原位取样,利用末端限制性片段长度多态性(Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism, T-RFLP)方法,对消落带的耕地、林地、弃耕地土壤细菌和真菌群落多样性进行研究。研究发现:(1)除容重和密度外,不同用地类型对土壤各理化特性均产生显著影响,林地的含水量、有机质(OM)、全氮(TN)、全磷(TP)、速效氮(AN)、速效钾(AK)、速效磷(AP)的含量显著高于耕地和弃耕地($P < 0.05$)。(2)在三峡库区消落带不同土地利用方式下细菌和真菌多样性均有显著性差异。(3)耕地和林地的细菌多样性无显著性差异,均显著高于弃耕地;不同用地方式中,土壤全磷(TP)和速效磷(AP)显著影响细菌群落结构($P < 0.05$)。(4)真菌群落的香农指数和辛普森指数在耕地中均为最低,但均匀度指数在三种用地类型之间没有显著性差异;在不同用地方式的土壤中,土壤有机质(OM)、全氮(TN)含量和pH显著影响真菌群落结构($P < 0.05$)。结论:与弃耕地和耕地相比,林地可固持、滞留和保有更多的土壤养分,有较高的细菌多样性和真菌多样性。在三峡消落带165—175 m海拔高程,林地最为适宜的用地方式,建议限制耕作,推广人工生态修复林地建设。

关键词:三峡库区;消落带;土地利用方式;细菌和真菌多样性

Effects of different land use patterns on soil bacterial and fungal biodiversity in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir region

QIN Hong, LI Changxiao*, REN Qingshui

Key Laboratory of Eco-Environments in Three Gorges Reservoir Region (Ministry of Education), Chongqing Key Laboratory of Plant Ecology and Resources in Three Gorges Reservoir Region, school of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China

Abstract: The goal of this study was to provide references for the environmental management of the Three Gorges Reservoir. To study the effect of different land use patterns on soil microorganism biodiversity in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir. Surface soil samples were collected from the woodland, abandoned farmland, and farmland in June 2015 to determine the bacterial and fungal community biodiversity using the terminal-restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) and soil chemical properties in the hydro-fluctuation zone of the Ruxi River basin, in Zhongxian County, Chongqing. Soil chemical properties were also investigated. Results showed that (1) the land use patterns significantly affected soil physicochemical properties, excluding bulk weight and density. Other soil physicochemical properties, such as soil moisture, content of soil organic matter, total nitrogen, total phosphorus, available nitrogen, available potassium, and available phosphorus, in the woodland were significantly higher than those of the other two types of land use ($P < 0.05$);

基金项目:重庆市林业重点科技攻关项目(渝林科研 2016-8;2015-6);国家国际科技合作专项(No. 2015DFA90900);中央财政林业科技推广示范项目(渝林科推[2014-10]);重庆市研究生科研创新项目(CYS2015068)

收稿日期:2016-03-03; 网络出版日期:2016-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lichangx@swu.edu.cn

(2) there were significant differences among land use patterns in bacterial and fungal biodiversity; (3) the bacterial diversity index of the woodland was not significantly different from farmland, whereas both of them were significantly higher than abandoned farmland. Redundancy analysis and the Monte-Carlo test revealed that total phosphorus and available phosphorus showed a critical influence on bacterial diversity ($P < 0.05$); and (4) the Shannon-Wiener index and the Simpson index of fungal community for the woodland and abandoned farmland were significantly higher than those of farmland, whereas there was not significant difference in richness index among the three types. Redundancy analysis and the Monte-Carlo test revealed that pH, organic matter, and total nitrogen played a critical roles in influencing fungal community diversity ($P < 0.05$). Conclusion: compared to farmland and abandoned farmland, woodland can retain more soil nutrients, and improve soil bacterial, and fungal biodiversity, suggesting that the artificially regenerated woodland is the most appropriate land use type in the altitude of 165 m to 175m in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir. Those studies also propose that farming should be limited and the construction of artificially regenerated woodland in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir region should be promoted.

Key Words: The Three Gorges Reservoir Area; hydro-fluctuation zone; different land use patterns; bacterial and fungal diversity

三峡大坝建成后,由于“冬蓄夏排”的水文调节方式,库区形成了面积约为 350 km²的消落带。该区域是陆生环境和水生环境之间的过渡带,具有过滤和缓冲的作用,在维护三峡水库生态健康与生态安全方面具有极其特殊的地位^[1]。研究表明,该地区是一个高度脆弱的生态系统^[2],并且消落带生态风险等级随着海拔高度的升高而增大^[3]。消落带现主要面临着土壤侵蚀^[4]、生物多样性下降^[5]、富营养化污染^[6]等的生态问题。为保护其生态环境,提高消落带的生物多样性和抗侵蚀能力,政府在消落带推行退耕政策以及人工植被修复措施^[7],使消落带产生大量的植被修复地。同时,由于库区人口密度大,人地矛盾尖锐,加之水文节律符合农作物生长物候,居住于消落带上部的村民仍在消落带中进行传统农事耕作,农耕地依旧大量存在^[8]。因此,三峡库区消落带当前仍存在多种用地方式并存的格局。

不同的土地利用方式不仅直接改变土壤的理化性质,还改变着生态系统的结构和功能,不合理的土地利用方式给土地生态环境带来风险。土壤生态系统除含土壤颗粒和土壤养分外,微生物也占有重要地位,它能够调节土壤营养物质生物地球化学循环^[9],影响地表植被生长^[10]和生态系统的稳定^[11]等。微生物生理结构简单,生活史较短,容易受环境条件的影响而发生变异,所以土壤微生物的多样性及变异性常常用于预测土壤养分和环境质量的变化^[12]。在陆生系统中,生产者提供有机物质和代谢物作为细菌和真菌的营养来源;相反,细菌和真菌将有机分子分解为简单的无机物,这些无机物又是生产者的营养源。细菌作为微生物中含量最多、丰富度最高的类群^[13],在土壤生态过程中有着不可或缺的地位。真菌是土壤生态系统中重要分解者,可分解植物残体及纤维素、半纤维素和木质素等难分解化合物,并在分解过程中释放营养用于植被生长,在生态系统中同样占有重要地位。土壤中细菌和真菌多样性的变化会影响土壤生态过程,例如养分循环^[14-15]和气体释放^[16]等。研究发现,细菌和真菌的多样性受自然因素和人为因素影响,包括植被^[17]、pH 值^[18]、土壤质地^[19]、土地利用方式^[20]土壤养分^[21]等。现有关消落带土地利用方式对土壤的研究多集中于土壤养分、土壤理化特性的影响等方面^[22-23],而对土壤微生物结构和功能多样性方面的研究相对较少。消落带土地利用方式对土壤微生物多样性的影响还不明确。本研究旨在探索不同土地利用方式对土壤微生物特性的影响,为制定合理的土地利用方式,提高三峡消落带土壤质量和实现消落带土壤的可持续利用提供科学依据。

1 研究地点与方法

1.1 研究区概况

本研究区域位于三峡库区重庆忠县石宝镇的汝溪河流域消落带。忠县石宝镇位于重庆市中部(108°08′

03"—108°08'21"E,30°24'16"—30°24'56"N),距离忠县县城 32 km,位于忠县、石柱、万州三县(区)交界处。该地区为亚热带东南季风气候,四季分明。雨量充沛,年平均降雨量 1172 mm,雨季多在 5—8 月,年平均气温 19.2℃。地带性森林植被为亚热带常绿阔叶林,消落带原生植被破坏殆尽,现有植被以草本为主;土壤主要为中性紫色土,土层厚度变异很大,水土流失、崩塌现象较严重^[24]。为进行三峡库区消落带的生态植被恢复与重建,2012 年 3 月在该地区消落带 165—175m 海拔区间按 1 m×1 m 的株行距栽种了柳树(*Salix matsudana*)、落羽杉(*Taxodium distichum*)和池杉(*Taxodium ascendens*)的护岸林。苗木栽种的岸坡样地土壤均为紫色土,平均坡度为 26°。

1.2 样地设置和样品采集

在坡度相似、坡向一致、接受光照辐射强度大致相同、土壤预热条件基本一致的消落带区域内,2015 年 6 月,通过实地踏查,选定人工生态修复林地、自然恢复的弃耕地与仍在继续耕种的农耕地开展实验研究。其中,弃耕地由三峡工程动工前的部分耕地停耕后转变而来。

根据试验地实际情况、植被类型和受干扰情况,选择每种用地类型各 3 个,共 9 个样地,所有样地尽量保持在同一海拔高度。其中耕地作物为芝麻(*Sesamum indicum* L.),行距平均在 20 cm 左右,受人为松土、施肥、清除杂草等管理活动影响严重。弃耕地的优势物种为狗牙根(*Cynodon dactylon* (L.) Pers)、狼把草(*Bidens tripartita* L.),总盖度约为 80%。林地以落羽杉、柳树和池杉为优势种,总盖度约为 93%。

在每个样地内随机设 3 条样带,避免堆肥料地和田埂、沟边等特殊地形部位。样带中按 S 形 5 点取样,在样点清理地被物后,采取 0—20 cm 的土壤,5 点土壤等质量混合,利用四分法保留土壤样品。其中 1 kg 土壤室温风干,用于土壤理化性质分析。20 g 混合土样装入无菌的自封袋,低温运输,-80℃ 保存,用于土壤微生物多样性分析。

1.3 土壤理化性质测定

土壤含水量采用烘干法测定,土壤容重采用环刀法测定,土壤密度采用比重瓶法测定,土壤总孔隙度采用计算法测定。土壤 pH 值测定采用 IQ150 土壤原位 pH 计(IQ Scientific Instruments, Inc., San Diego, CA, USA)原位测定;土壤有机质(Organic matter, OM)采用重铬酸钾外加热法测定;土壤全氮(Total nitrogen, TN)含量采用元素分析仪(Elementar Vario EL, Germany)测定;土壤碱解氮(Available nitrogen, AN)含量采用碱解-扩散法测定;全钾(Total potassium, TK)、速效钾(Available potassium, AK)含量采用原子吸收光谱仪(AA800, PE Inc., USA)测定;土壤全磷(Total phosphorus, TP)、速效磷(Available phosphorus, AP)含量采用钼锑抗比色法测定^[25]。

1.4 土壤微生物多样性测定

土壤微生物多样性测定方法为限制性末端长度多态性^[26]。具体测定步骤如下:

1.4.1 DNA 提取

用 Ultra Clean™ Soil Isolation DNA Kit (MOBIO, USA)提取土壤中的总 DNA,用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测所提 DNA 片段,并用 UV spectrophotometer (SMA1000, Meriton)测定 DNA 的浓度。

1.4.2 PCR 扩增

细菌的扩增引物为 63F(5'-CAGGCCTAACACATGCAAGTC-3')/1389R(5'-ACGGGCGGTGTGTACAAG-3'),正向引物 5'端用 6-FAM 进行荧光标记。真菌的扩增引物为 ITS1-F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')/ITS4(5'-TCCTCCGCTTATTGATAGC-3'),正向引物 5'端用 6-FAM 进行荧光标记。本实验的所用引物由深圳华大基因公司合成并标记。

细菌 50 μl 的 PCR 反应体系组成如下:25 μl 2×Taq Master Mix, 2 μl DNA 模板, 63F/1389R (10 μmol/L) 各 0.5 μl, ddH₂O 补水至 50 μl。PCR 反应条件如下:95℃, 5 min。30 个循环为:94℃, 1 min;56℃, 1 min;72℃, 2 min;最后 72℃ 保温 10 min。真菌 50 μl 的 PCR 反应体系组成如下:25 μl 2×Taq Master Mix, 2 μl DNA 模板, ITS1-F 和 ITS4 (10 μmol/L) 各 1 μl, ddH₂O 补水至 50 μl。PCR 反应条件如下:95℃, 5 min。30 个循环为:

94℃, 1min; 56℃, 1min; 72℃, 2min; 最后 72℃ 保温 10min。每个样品重复 2 管。

1.4.3 PCR 产物纯化、酶切及 T-RFLP

扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 按照 PCR 产物纯化试剂盒 (TIANGEN, China) 说明书进行 PCR 产物纯化, -20℃ 保存备用。

纯化产物用限制性内切酶 *HhaI*/*MspI* 消化, 反应体系: 10×Buffer 2 μl, *HhaI*/*MspI* (10 U/μl) 1 μl, DNA 400 ng, ddH₂O 补足至 30 μl。将酶切样品置于 37℃ 水浴中温育 3 h, 酶切完毕后 65℃ 水浴 10 min 终止反应。每个样品按上述同样条件各重复 3 次。酶切产物送至上海 Invitrogen 生命技术公司 (Life Technologies) 进行基因扫描, 得到 T-RFLP 图谱。

1.4.4 T-RFLP 分析

在限制性片段 (Terminal Restriction Fragment, T-RF) 的选择中, 删除引物峰小于 50 bp 和荧光值小于 50RFU 的 T-RFs, 并去除 OTU (Operational Taxonomic Unit) 丰度 < 1% 的 T-RFs, T-RFs 片段大小 ± 1 bp 被认为是同一个 OTU^[27-28]。

1.5 数据处理

以 T-RFLP 图谱中 T-RF 为一个 OTU, 以该 T-RF 的相对峰面积作为对应的 OTU 的丰度并计算以下多样性指数:

$$\text{Shannon-Wiener 指数}(H): H = - \sum_{i=1}^s P_i \ln P_i$$

$$\text{Simpson 指数}(D): D = 1 - \sum_{i=1}^s (P_i)^2$$

$$\text{均匀度指数}(E): E = H / \ln S$$

其中, P_i 为某个峰的峰高占总峰高的比例; S 代表物种丰度, 即图谱中 T-RF 的总数。

采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 分析不同用地类型对土壤性质和微生物多样性的影响, 并用 Duncan 检验法检验每个指标在不同用地类型间的差异显著性 ($\alpha = 0.05$)。利用 Canoco 4.5 软件进行冗余分析 (Redundancy Analysis, RDA), 通过蒙特卡罗置换检验 (Monte-Carlo permutation test) 分析环境变量对土壤细菌与真菌群落变异解释度的显著性 ($\alpha = 0.05$)。用 Origin 8.5 和 Cano Draw for Windows 4.5 软件制图。

2 结果分析

2.1 不同土地利用方式下消落带土壤的理化性状

由表 1 的数据可知, 除了容重和密度在各用地方式之间没有显著性差异外, 其余各理化指标在不同土地利用方式之间有显著性差异 ($P < 0.05$)。其中, 林地的含水量显著高于耕地和弃耕地; 耕地的总孔隙度和 pH 值均显著高于林地和弃耕地。林地的有机质、全氮、速效氮、速效钾和速效磷的含量高于耕地和弃耕地, 但全钾含量低于耕地和弃耕地, 且均达显著差异。同时, 林地和耕地的全磷含量显著高于弃耕地。

2.2 不同土地利用方式下土壤细菌多样性

根据 T-RFLP 图谱中的 OTU 的数量, 相对丰度分别计算了不同土地利用方式下土壤的细菌多样性 (图 1): 香农指数、辛普森指数和均匀度指数。图 1 表明, 在不同的土地利用方式下土壤细菌多样性之间存在着显著性差异。*HhaI* 和 *MspI* 酶切结果相似, 在不同用地方式下土壤细菌的香农指数、辛普森指数和均匀度指数均表现为耕地和林地之间无显著性差异, 但林地和耕地的细菌多样性指数均显著高于弃耕地。

2.3 环境变量对于细菌多样性的贡献

RDA 分析 (图 2) 从整体上反映了不同土地利用方式下土壤细菌多样性与 12 种环境因子量之间的关系。图中箭头连线与排序轴夹角的大小表示因子与排序轴相关性大小, 夹角越小说明关系越密切, 箭头所处的象限表示环境因子与排序轴之间的正、负相关性。结果显示, 在 *HhaI* 酶切下, 第 1 序轴解释了所有信息的 89.0%, 第 2 序轴解释了所有信息的 10.5%, 前两轴可以解释 99.5% (图 2a)。经过蒙特卡罗检验显示 TP ($F =$

11.0, $P=0.012$)对细菌群多样性的影响达到显著水平($P<0.05$)。在 *MspI* 酶切下,第 1 序轴解释了所有信息的 97.5%,第 2 序轴解释了所有信息的 1.9%,前两轴可以解释 99.4%(图 2b)。经过蒙特卡罗检验,TP ($F=24.26, P=0.004$)和 AP ($F=22.78, P=0.008$)对细菌群落多样性的影响达到显著水平($P<0.05$)。

表 1 不同土地利用类型样地中土壤理化性质(平均值±标准误)

Table 1 The soil physical-chemical properties under different land use types (Means±SE)

用地类型 Land use type	含水量 Moisture/%	容重 Bulk density/ (g/cm ³)	密度 Density/ (g/cm)	总孔隙度 Total porosity/%	pH	OM/ (g/kg)
耕地 Farmland	11.53±0.01b	1.36±0.05a	2.53±0.01a	46.31±1.74a	8.11±0.03a	5.78±0.15b
林地 Woodland	18.27±0.11a	1.47±0.01a	2.53±0.01a	41.90±0.11b	7.24±0.08b	14.23±1.72a
弃耕地 Abandoned farmland.	11.87±1.09b	1.42±0.08a	2.43±0.08a	41.26±0.47b	7.47±0.17b	10.70±0.62a
用地类型 Land use type	TN/(g/kg)	AN/(mg/kg)	TK/(g/kg)	AK/(mg/kg)	TP/(g/kg)	AP/(mg/kg)
耕地 Farmland	0.60±0.04c	55.17±0.36b	28.76±0.85a	94.63±0.66b	0.76±0.02a	0.99±0.02b
林地 Woodland	1.11±0.03a	95.29±7.27a	25.28±0.72b	207.5±4.23a	0.75±0.03a	1.51±0.12a
弃耕地 Abandoned farmland.	0.76±0.03b	70.68±8.44ab	29.30±0.36a	79.35±2.63b	0.60±0.03b	0.41±0.01c

多重均值比较采用 Duncan 检验法; 同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)

2.4 不同土地利用方式下土壤真菌多样性

根据 T-RFLP 图谱中的 OTU 的数量,相对丰度分别计算了不同土地利用方式下真菌多样性(图 3):香农指数、辛普森指数和均匀度指数。不同土地利用方式下土壤真菌多样性之间存在着显著性差异。*HhaI* 酶切结果显示,弃耕地的真菌群落香农指数和辛普森指数均显著高于耕地,林地、耕地和弃耕地的真菌均匀度指数没有显著差异。*MspI* 酶切结果显示,林地和弃耕地真菌的香农指数之间没有显著性差异,且均显著高于耕地;林地、耕地和弃耕地的真菌辛普森指数和均匀度指数没有显著差异。

2.5 环境变量对于真菌多样性的贡献

图 4 从整体上反映了不同土地利用方式下土壤真菌多样性与 12 种环境因子量之间的关系。RDA 分析显示,在 *HhaI* 酶切下,第 1 序轴解释了所有信息的 85.1%,第 2 序轴解释了所有信息的 14.8%,前两轴可以解释 99.9%(图 4a)。经过蒙特卡罗检验显示 pH ($F=9.47, P=0.012$)、OM ($F=6.62, P=0.038$)和 TP ($F=5.21, P=0.032$)对真菌群落多样性的影响达到显著水平($P<0.05$)。在 *MspI* 酶切下,第 1 序轴解释了所有信息的 63.7%,第 2 序轴解释了所有信息的 34.2%,前两轴可以解释 97.9%(图 4b)。经过蒙特卡罗检验, pH ($F=7.92, P=0.006$)、OM ($F=8.09, P=0.002$)和 TN ($F=7.85, P=0.004$)对真菌群落多样性的影响达到显著水平($P<0.05$)。

3 讨论

土壤是由气相、液相和固相三相合一的生物赖以生存的重要载体,其成分的改变会显著改变微生物的生存环境。在三峡库区消落带,不同的土地利用方式在一定程度上造成了土壤理化性质的差异。消落带土壤在水淹和水体冲刷下,表层土壤被侵蚀和剥离,土壤遭到严重侵蚀。研究发现,在消落带植被恢复过程中,人工恢复林草的水土保持能力高于自然恢复的弃耕地^[29-30],所以在消落带林地的土壤含水量显著高于弃耕地。耕地中人为翻动使得土壤的总孔隙度高于林地和弃耕地,并且容重低于林地和弃耕地。

土壤微生物群落的定性和定量变化是监测土壤质量短期和长期变化的敏感指标^[31]。微生物多样性指数是评价不同土壤微生物群落多样性的有效方法,多样性指数越高表明微生物群落多样性越高。探究消落带土壤中微生物的多样性有利于进一步了解土壤微生物的结构和功能,从而反映出消落带土壤生态系统的健康状况。

本研究发现,在三峡消落带不同土地利用方式下土壤细菌多样性有显著差异,弃耕地细菌多样性值最低,

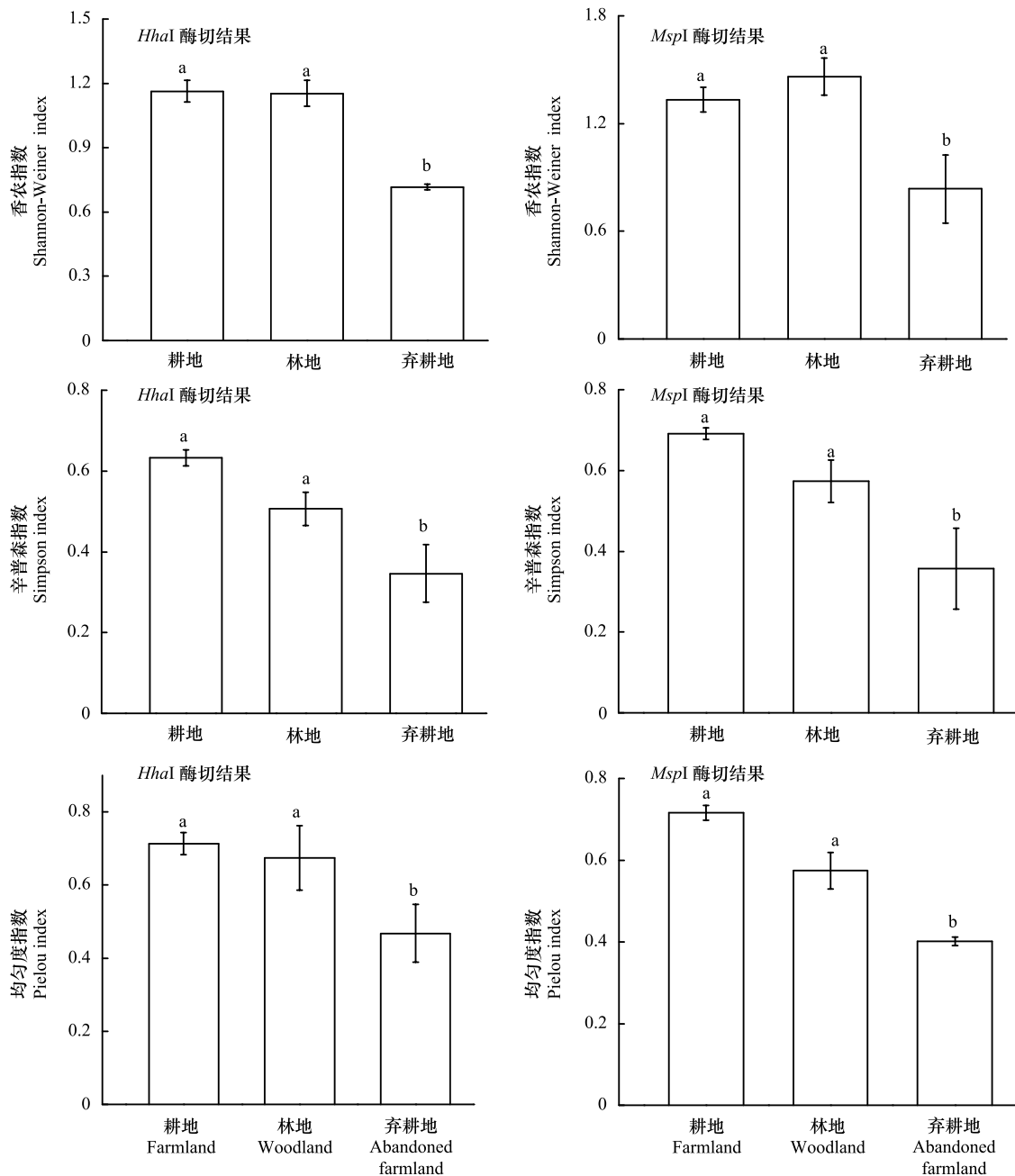


图1 不同用地方式土壤细菌群落多样性指数分析

Fig.1 Analysis of bacterial diversity in different land use type digested by *HhaI* and *MspI*

此结果与秦红灵^[32]的研究结果(农田土壤的细菌多样性显著高于弃耕地)一致。在本研究中,全磷和速效磷的含量是影响细菌群落结构的重要因素,与 Wakelina^[33]和 Grayston^[34]的研究相类似。土地利用方式决定地表的植被型和土壤的管理方式,进而影响到土壤养分^[35-36]。土壤养分的变化势必会影响到微生物群落结构,而不同程度的养分添加会增加微生物群落结构和功能多样性^[37]。细菌是土壤中多样性最丰富的微生物类群^[38],对环境的变异极其敏感。细菌细胞壁含有大量磷壁酸,特别在革兰氏阳性菌中,细胞壁中磷壁酸的含量约占细胞干重的50%^[39]。在本研究中林地和耕地的全磷和速效磷含量均显著高于弃耕地,原因可能是林地冠层对于雨水的拦截使得地表径流变小,土壤表层有机质以及矿质营养得以保留,流失较少,使得林地土壤养分含量均显著高于弃耕地;而耕地后期人为施肥,使得土壤中营养得以补偿^[40];但是弃耕地水淹和干旱交替胁迫的同时没有外来营养的补充,植被的生长又吸收了土壤中吸附的磷元素,最终导致土壤中全磷和速效

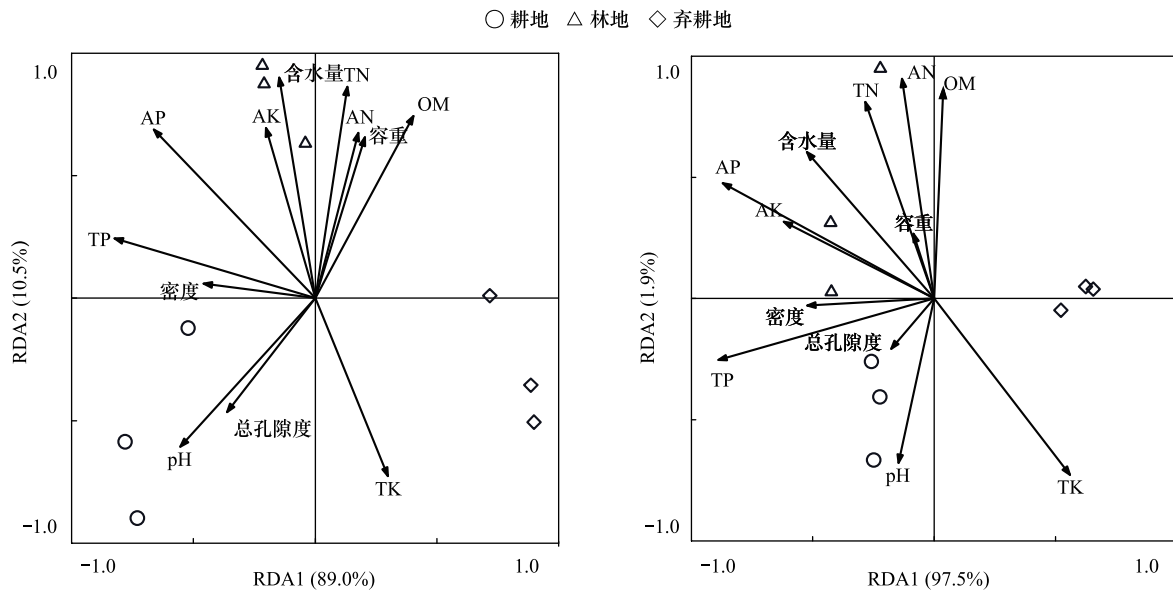


图2 环境因素对土壤细菌群落结构特征影响的冗余分析

Fig.2 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial community structure and environmental factors

○代表耕地, △代表林地, ◇代表弃耕地

磷的含量均较低。土壤磷不仅是土壤细菌群落的能源之一,同时也是植物生长的重要资源^[41]。虽然三峡消落带的特殊生境使得土壤对磷的吸附量增加^[42],但土壤磷主要来源于土壤母质,其来源单一,加之在三峡库区消落带植被生长盛期,不同土地利用方式下土壤中的磷可能在植物-土壤-微生物系统中重新分配,使得磷含量成为影响土壤细菌群落变异的重要因子之一^[43]。

真菌是一个生态幅度较广的菌群^[44-45],影响其多样性的因素多为土壤的管理方式^[46]和营养水平^[47-48]。本研究中耕地的真菌多样性最低,与 E. Gomez^[49]的结果一致。RDA 分析显示,pH、有机质和全氮的含量对真菌群落结构的影响达到显著水平($P < 0.05$)。有研究表明,真菌在酸性环境中提高对水分的利用率,从而促进自身的生长^[50-51]。本研究中,林地和弃耕地土壤 pH 为中性,耕地土壤 pH 显著高于林地和弃耕地,呈碱性,不利于真菌的生长^[43]。同时真菌多以菌丝的形态生长和繁衍,土壤团聚体的稳定性显的尤为重要^[52]。与林地和弃耕地相比较,耕地传统的农事耕作破坏大团聚体,使得土壤机械结构变动较大,不利于真菌菌丝的延伸^[53]。林地和弃耕地较耕地而言人为干扰相对较少,土壤机械结构较稳定,有利于土壤形成大的团聚体和有机物被固定于土壤中^[46],有利于增加土壤微生物生物量并保持生物多样性^[49]。有机质和全氮是真菌重要的碳和氮源,林地和弃耕地枯枝落叶比较丰富,含有多种枯枝落叶所形成的有机质,可以促进真菌的生长^[54];其林冠层和高的植被覆盖度可有效减少径流,使得表层的养分含量得以保留^[55];而耕地中人为活动和地表径流加速了土壤中有机质和营养元素的流失^[56],有机质和全氮的含量成为消落带中真菌生长和繁衍的限制性因子。

微生物多样性降低或丧失直接影响微生物的生态服务功能和整个生态系统^[57]。消落带耕地虽然土壤养分得到补充,细菌的多样性与林地之间没有显著差异,但是其真菌多样性降低;同时长时间的耕作会威胁到土壤质量^[58],因而消落带内不宜耕作,应当限制开垦。三峡消落带实行生态修复后,弃耕地大量产生;但消落带水淹-干旱的特殊生境,使弃耕地土壤的养分含量较低,不利于细菌的生长和繁衍。在三峡消落带人工生态修复林地的土壤养分含量、细菌多样性和真菌多样性均优于耕地和弃耕地,有利于维持土壤生态系统的功能,因此,林地是消落带最为适宜的用地方式。

4 结论

本研究发现,在三峡库区消落带不同土地利用方式下土壤细菌和真菌多样性有显著性差异。林地和耕地

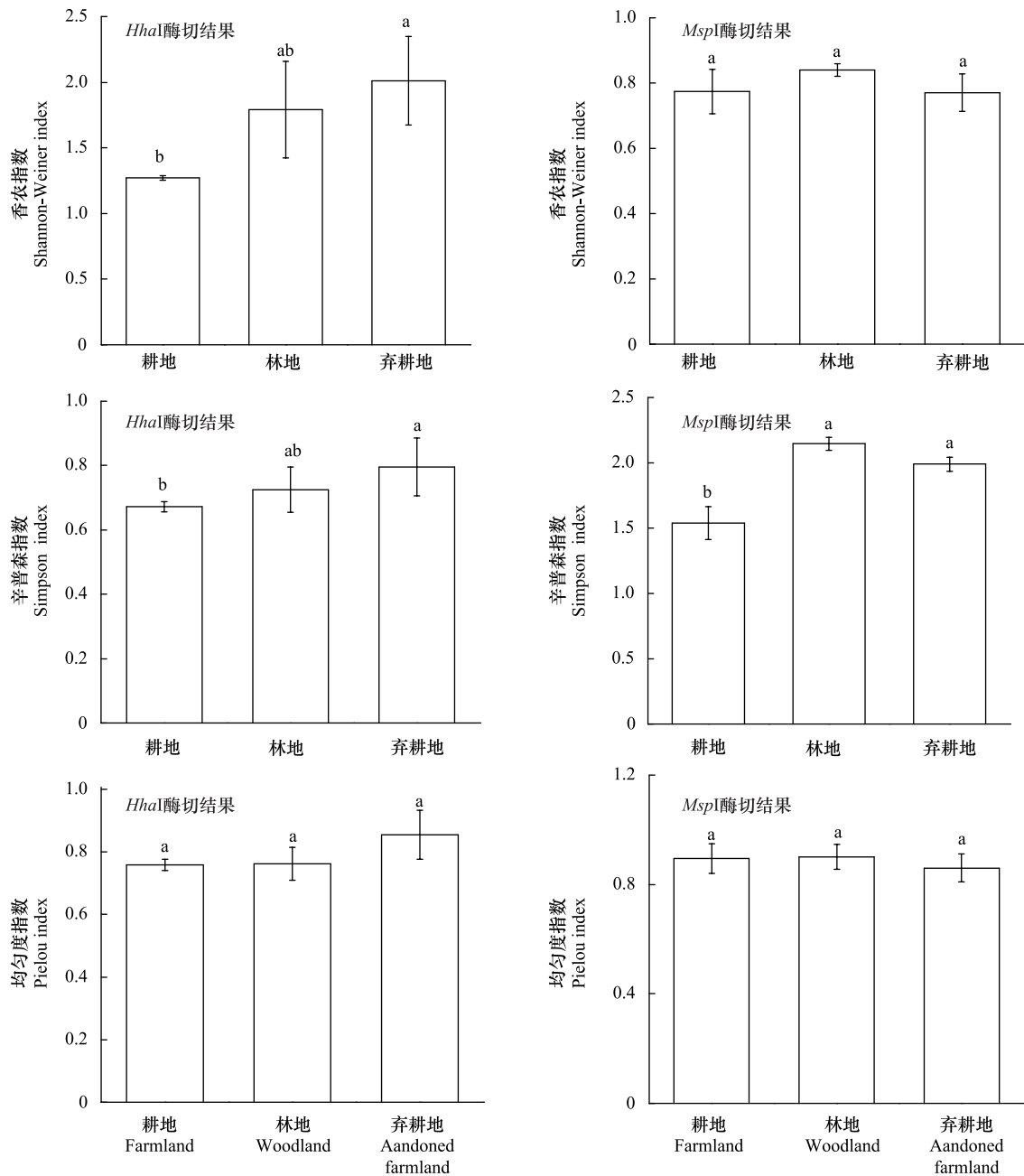


图3 不同用地方式土壤真菌群落多样性指数分析

Fig.3 Analysis of fungal diversity in different land use type digested by *HhaI* and *MspI*

的细菌多样性无显著性差异,且均高于弃耕地;在不同用地方式下,土壤全磷和速效磷的含量显著影响细菌群落结构($P < 0.05$)。真菌群落的香农指数和辛普森指数在耕地中均为最低,但均匀度指数在三种用地类型之间没有显著性差异;在不同用地方式的土壤中,土壤有机质、全氮含量和 pH 显著影响真菌群落结构($P < 0.05$)。与弃耕地和耕地相比,林地可稳定消落带土壤环境,固持、滞留和保有更多的 N、P、K 等养分,减少其直接进入水体的量,因而有助于水库水质的保护;同时林地可提高微生物多样性,对土壤的生态恢复发挥了重要作用。本研究建议在消落带 165—175 m 海拔高程内,应限制耕作,推广人工生态修复林地建设。

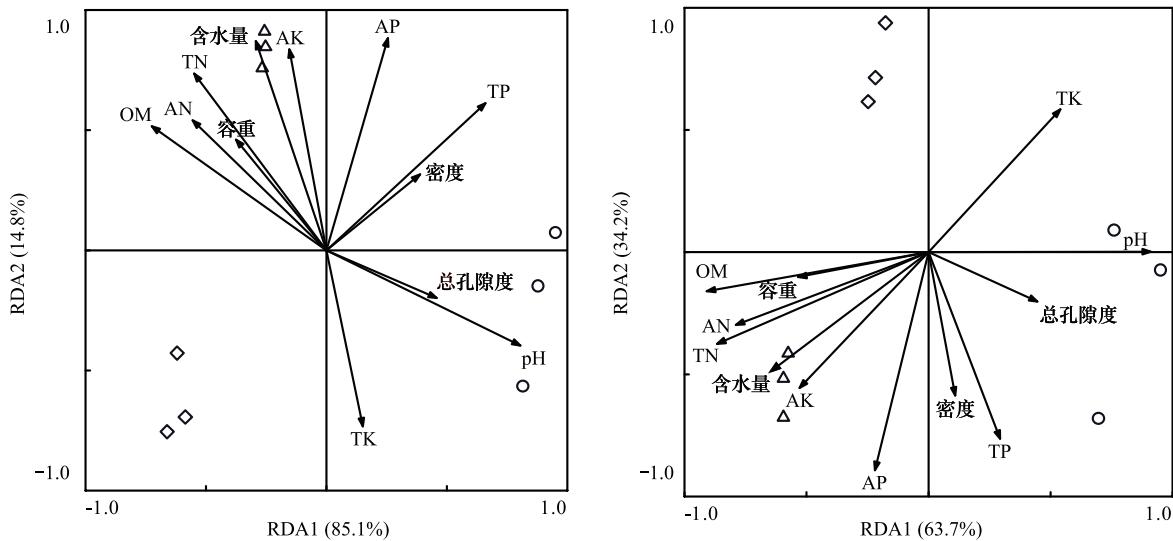


图 4 环境因素对土壤真菌群落结构特征影响的冗余分析

Fig.4 Redundancy analysis (RDA) of soil fungal community structure and environmental factors

○代表耕地,△代表林地,◇代表弃耕地

参考文献 (References) :

- [1] 张建春, 彭补拙. 河岸带研究及其退化生态系统的恢复与重建. 生态学报, 2003, 23(1): 56-63.
- [2] 马骏, 李昌晓, 魏虹, 马朋, 杨予静, 任庆水, 张雯. 三峡库区生态脆弱性评价. 生态学报, 2015, 35(21): 7117-7129.
- [3] 刘晓, 苏维词, 王铮, 黄一民, 邓吉祥. 基于 RRM 模型的三峡库区重庆开县消落区土地利用生态风险评价. 环境科学学报, 2012, 32(1): 248-256.
- [4] 鲍玉海, 贺秀斌. 三峡水库消落带土壤侵蚀问题初步探讨. 水土保持研究, 2011, 18(6): 190-195.
- [5] Yuan X Z, Zhang Y W, Liu H, Xiong S, Li B, Deng W. The littoral zone in the Three Gorges Reservoir, China: challenges and opportunities. Environmental Science and Pollution Research, 2013, 20(10): 7092-7102.
- [6] 许川, 舒为群, 曹佳, 汪洋. 三峡库区消落带富营养化及其危害预测和防治. 长江流域资源与环境, 2005, 14(4): 440-444.
- [7] Shen Z Y, Gong Y W, Li Y H, Liu R M. Analysis and modeling of soil conservation measures in the Three Gorges Reservoir Area in China. Catena, 2010, 81(2): 104-112.
- [8] 马朋, 李昌晓, 雷明, 杨予静, 马骏. 三峡库区岸坡消落带草地、弃耕地和耕地土壤微生物及酶活性特征. 生态学报, 2014, 34(4): 1010-1020.
- [9] Xu H J, Wang X H, Li H, Yao H Y, Su J Q, Zhu Y G. Biochar impacts soil microbial community composition and nitrogen cycling in an acidic soil planted with rape. Environmental Science & Technology, 2014, 48(16): 9391-9399.
- [10] Zhang Y, Du B H, Jin Z G, Li Z H, Song H N, Ding Y Q. Analysis of bacterial communities in rhizosphere soil of healthy and diseased cotton (*Gossypium* sp.) at different plant growth stages. Plant and Soil, 2011, 339(1/2): 447-455.
- [11] McCann K S. The diversity-stability debate. Nature, 2000, 405(6783): 228-233.
- [12] Gans J, Wolinsky M, Dunbar J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil. Science, 2005, 309(5739): 1387-1390.
- [13] Kennedy A C. Bacterial diversity in agroecosystems. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1999, 74(1/3): 65-76.
- [14] Unger I M, Goyno K W, Kremer R J, Kennedy A C. Microbial community diversity in agroforestry and grass vegetative filter strips. Agroforestry Systems, 2013, 87(2): 395-402.
- [15] Lienhard P, Terrat S, Mathieu O, Levêque J, Chemidlin Prévost-Bouré N, Nowak V, Régner T, Faivre C, Sayphoummie S, Panyasiri K, Tivet F, Ranjard L, Maron P A. Soil microbial diversity and C turnover modified by tillage and cropping in Laos tropical grassland. Environmental Chemistry Letters, 2013, 11(4): 391-398.
- [16] Bardgett R D, Freeman C, Ostle N J. Microbial contributions to climate change through carbon cycle feedbacks. The ISME Journal, 2008, 2(8): 805-814.

- [17] Zu Y G, Gao C Y, Wang W J, Yang F J, Liu Y, Wang M, Zhao Y G. Characteristics of the microbial community in rhizosphere of *Camptotheca acuminata* cultured with exotic invasive plant *Eupatorium adenophorum*. Science in China Series C: Life Sciences, 2007, 50(1): 22-30.
- [18] Tripathi B M, Kim M, Singh D, Lee-Cruz L, Lai-Hoe A, Ainuddin A N, Go R, Rahim R A, Husni M H A, Chun J, Adams J M. Tropical soil bacterial communities in Malaysia; pH dominates in the equatorial tropics too. Microbial Ecology, 2012, 64(2): 474-484.
- [19] Schutter M E, Sandeno J M, Dick R P. Seasonal, soil type, and alternative management influences on microbial communities of vegetable cropping systems. Biology and Fertility of Soils, 2001, 34(6): 397-410.
- [20] Suleiman A K A, Manoeli L, Boldo J T, Pereira M G, Roesch L F W. Shifts in soil bacterial community after eight years of land-use change. Systematic and Applied Microbiology, 2013, 36(2): 137-144.
- [21] Ma L N, Huang W W, Guo C Y, Wang R Z, Xiao C W. Soil microbial properties and plant growth responses to carbon and water addition in a temperate steppe; the importance of nutrient availability. Plos One, 2012, 7(4): e35165.
- [22] 张雅蓉, 高明, 黄容. 三峡库区消落带土壤无机磷的生物有效性. 水土保持学报, 2014, 28(3): 222-226.
- [23] 王晓荣, 程瑞梅, 肖文发, 郭泉水, 封晓辉. 三峡库区消落带初期土壤养分特征. 生态学杂志, 2010, 29(2): 281-289.
- [24] 杨予静, 李昌晓, 丽娜·热玛赞. 基于 PSR 框架模型的三峡库区忠县汝溪河流域生态系统健康评价. 长江流域资源与环境, 2013, 22(S1): 66-74.
- [25] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版). 北京: 中国农业出版社, 1999: 30-109.
- [26] Kitts C L. Terminal restriction fragment patterns: a tool for comparing microbial communities and assessing community dynamics. Current Issues in Intestinal Microbiology, 2001, 2(1): 17-25.
- [27] Schütte U M E, Abdo Z, Bent S J, Shyu C, Williams C J, Pierson J D, Forney L J. Advances in the use of terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis of 16S rRNA genes to characterize microbial communities. Applied Microbiology and Biotechnology, 2008, 80(3): 365-380.
- [28] Székely A J, Sipos R, Berta B, Vajna B, Hajdú C, Múrialigeti K. DGGE and T-RFLP analysis of bacterial succession during mushroom compost production and sequence-aided T-RFLP profile of mature compost. Microbial Ecology, 2009, 57(3): 522-533.
- [29] 黄茹. 三峡库区林草治理措施对土壤理化特征及坡面水沙的影响[D]. 重庆: 西南大学, 2013: 29-35.
- [30] 刘斌, 罗全华, 常文哲, 许小梅. 不同林草植被覆盖度的水土保持效益及适宜植被覆盖度. 中国水土保持科学, 2008, 6(6): 68-73.
- [31] 肖国生, 胡廷章, 唐华丽, 杨俊年, 李彦杰, 郑克均, 王启龙. 三峡水库消落带淹前后土壤微生物生态分布及优势菌群的鉴定. 江苏农业科学, 2011, 39(4): 493-496.
- [32] 秦红灵, 袁红朝, 张慧, 朱亦君, 吴敏娜, 魏文学. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响. 土壤学报, 2011, 48(3): 594-602.
- [33] Wakelin S A, Macdonald L M, Rogers S L, Gregg A L, Bolger T P, Baldock J A. Habitat selective factors influencing the structural composition and functional capacity of microbial communities in agricultural soils. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(3): 803-813.
- [34] Grayston S J, Campbell C D, Bardgett R D, Mawdsley J L, Clegg C D, Ritz K, Griffiths B S, Rodwell J S, Edwards S J, Davies W J, Elston D J, Millard P. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques. Applied Soil Ecology, 2004, 25(1): 63-84.
- [35] Oberson A, Friesen D K, Rao I M, Bühler S, Frossard E. Phosphorus Transformations in an Oxisol under contrasting land-use systems; the role of the soil microbial biomass. Plant and Soil, 2001, 237(2): 197-210.
- [36] Battle-Aguilar J, Brovelli A, Porporato A, Barry D A. Modelling soil carbon and nitrogen cycles during land use change. A review. Agronomy for Sustainable Development, 2011, 31(2): 251-274.
- [37] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, Burch G, Cox N R. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(7/8): 953-964.
- [38] 黄昌勇. 土壤学. 北京: 中国农业出版社, 2000: 3-78.
- [39] Endl J, Seidl H P, Fiedler F, Schleifer K H. Chemical composition and structure of cell wall teichoic acids of staphylococci. Archives of Microbiology, 1983, 135(3): 215-223.
- [40] Jesus E da C, Marsh T L, Tiedje J M, Moreira F M da S. Changes in land use alter the structure of bacterial communities in Western Amazon soils. The ISME Journal, 2009, 3(9): 1004-1011.
- [41] Tarafdar J C, Claassen N. Organic phosphorus compounds as a phosphorus source for higher plants through the activity of phosphatases produced by plant roots and microorganisms. Biology and Fertility of Soils, 1988, 5(4): 308-312.
- [42] 朱强, 安然, 胡红青, 万成炎, 胡莲, 王素梅. 三峡库区消落带土壤对磷的吸附和淹水下磷的形态变化. 土壤学报, 2012, 49(6): 1128-1135.
- [43] Rezapour S. Response of some soil attributes to different land use types in calcareous soils with Mediterranean type climate in north-west of Iran. Environmental Earth Sciences, 2014, 71(5): 2199-2210.

- [44] Tedersoo L, Bahram M, Pöhlme S, Kõljalg U, Yorou N S, Wijesundera R, Ruiz L V, Vasco-Palacios A M, Thu P Q, Suija A, Smith M E, Sharp C, Saluveer E, Saitta A, Rosas M, Riit T, Ratkowsky D, Pritsch K, Põldmaa K, Piepenbring M, Phosri C, Peterson M, Parts K, Pärtel K, Otsing E, Nouhra E, Njouonkou A L, Nilsson R H, Morgado L N, Mayor J, May T W, Majuakim L, Lodge D J, Lee S S, Larsson K H, Kohout P, Hosaka K, Hiiesalu I, Henkel T W, Harend H, Guo L D, Greslebin A, Grelet G, Geml J, Gates G, Dunstan W, Dunk C, Drenkhan R, Dearnaley J, De Kesel A, Dang T, Chen X, Buegger F, Brearley F Q, Bonito G, Anslan S, Abell S, Abarenkov K. Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 2014, 346(6213): 1256688-1256688.
- [45] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, Lauber C L, Lozupone C, Caporaso G, Knight R, Fierer N. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil. *The ISME Journal*, 2010, 4(10): 1340-1351.
- [46] 罗红燕, 蒋先军, 谢德体, 李楠, 曹良元. 真菌和细菌生物量在土壤团聚体中的分布和耕作响应. *生态学报*, 2009, 29(8): 4588-4594.
- [47] Wang S K, Zuo X A, Zhao X Y, Li Y Q, Zhou X, Lv P, Luo Y Q, Yun J Y. Responses of soil fungal community to the sandy grassland restoration in Horqin Sandy Land, northern China. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2016, 188(1): 21-21.
- [48] 高玉峰, 贺字典. 影响土壤真菌多样性的土壤因素. *中国农学通报*, 2010, 26(10): 177-181.
- [49] Gomez E, Pioli R, Conti M. Fungal abundance and distribution as influenced by clearing and land use in a vertic soil of Argentina. *Biology and Fertility of Soils*, 2006, 43(3): 373-377.
- [50] Nevarez L, Vasseur V, Le Madec A, Le Bras M A, Coroller L, Leguérin I, Barbier G. Physiological traits of *Penicillium glabrum* strain LCP 08. 5568, a filamentous fungus isolated from bottled aromatised mineral water. *International Journal of Food Microbiology*, 2009, 130(3): 166-171.
- [51] Gock M A, Hocking A D, Pitt J I, Poulos P G. Influence of temperature, water activity and pH on growth of some xerophilic fungi. *International Journal of Food Microbiology*, 2003, 81(1): 11-19.
- [52] Spurgeon D J, Keith A M, Schmidt O, Lammertsma D R, Faber J H. Land-use and land-management change: relationships with earthworm and fungi communities and soil structural properties. *BMC Ecology*, 2013, 13(1): 46-46.
- [53] 李景, 吴会军, 武雪萍, 蔡典雄, 姚宇卿, 吕军杰, 田云龙. 长期不同耕作措施对土壤团聚体特征及微生物多样性的影响. *应用生态学报*, 2014, 25(8): 2341-2348.
- [54] Hedlund K. Soil microbial community structure in relation to vegetation management on former agricultural land. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(9): 1299-1307.
- [55] 董莉丽, 郑粉莉. 土地利用类型对土壤微生物量和有机质的影响. *水土保持通报*, 2009, 29(6): 10-15.
- [56] 杨景成, 韩兴国, 黄建辉, 潘庆民. 土壤有机质对农田管理措施的动态响应. *生态学报*, 2003, 23(4): 787-796.
- [57] Cardinale B J, Srivastava D S, Duffy J E, Wright J P, Downing A L, Sankaran M, Jouseau C. Effects of biodiversity on the functioning of trophic groups and ecosystems. *Nature*, 2006, 443(7114): 989-992.
- [58] Kinyangi J M. Soil degradation, thresholds and dynamics of long-term cultivation: from landscape biogeochemistry to nanoscale biogeochemical complexity [D]. Cornell: Cornell University, 2008: 35-37.