

DOI: 10.5846/stxb201708211503

孟苗婧, 郭晓平, 张金池, 赵友朋, 吴家森, 叶立新, 瞿承伟, 刘胜龙. 海拔变化对凤阳山针阔混交林地土壤微生物群落的影响. 生态学报, 2018, 38(19): - .

Meng M J, Guo X P, Zhang J C, Zhao Y P, Wu J S, Ye L X, Qu C W, Liu S L. Effects of altitude on soil microbial community in Fengyang Mountain coniferous and broad-leaved forest. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(19): - .

海拔变化对凤阳山针阔混交林地土壤微生物群落的影响

孟苗婧¹, 郭晓平², 张金池^{1,*}, 赵友朋¹, 吴家森³, 叶立新⁴, 瞿承伟⁴, 刘胜龙⁴

1 南方现代林业协同创新中心, 江苏省水土保持与生态修复重点实验室, 南京林业大学林学院, 南京 210037

2 环保部南京环境科学研究所, 南京 210042

3 浙江农林大学资源与环境学院, 临安 311300

4 凤阳山-百山祖国家级自然保护区凤阳山管理处, 龙泉 323700

摘要: 凤阳山自然保护区是森林生态类型自然保护区, 针阔混交林是保护区内的重要森林类型。为明确海拔变化对高山针阔混交林地土壤微生物群落的影响及初步影响机理, 了解气候变暖后典型林分土壤微生物群落结构的变化。以黄山松在凤阳山的分布范围 800—1800 m 为准, 选取 900、1100、1300、1500、1700 m 5 个海拔梯度, 在每个海拔梯度的阳坡内选取排水较好、坡度较缓、长势适中的 3 个标准样地 (20 m×20 m), 于 2016 年 8 月用蛇形法于每块样地取样, 用冰盒带回实验室, 测定土壤理化性质及微生物群落。采用磷脂脂肪酸 (PLFA) 图谱分析确定土壤微生物群落组成及其丰度, 同时对土壤微生物群落组成进行非度量多维标度 (NMDS) 排序, 对土壤微生物群落组成结构进行分析。结果表明: 随着海拔升高, 针阔混交林样地内植物种类组成有所变化。土壤养分含量呈先升高后降低的趋势, 差异性显著 ($P<0.05$); 土壤微生物群落丰度之间存在显著差异, 革兰氏阴性细菌丰度在高海拔处较大; 土壤微生物群落组成非度量多维标度 (NMDS) 排序显示, 随海拔升高, 土壤微生物群落组成发生明显改变, 可以分为三个类群, 各海拔土壤微生物群落结构在两个 NMDS 轴上均呈现出显著差异 ($P<0.05$)。通过对土壤微生物群落丰度与土壤理化性质的冗余分析 (RDA), 发现土壤 pH、容重、含水量、及有效磷含量对土壤微生物群落丰度有不同程度的影响, 土壤革兰氏阳性细菌、放线菌丰度与各土壤因子之间均有显著相关关系; 革兰氏阴性细菌受土壤含水量及有效磷的含量影响较大; 真菌丰度与土壤 pH 及有机碳含量之间存在相关关系; 厌氧菌及 16:1 ω 5c 丰度与土壤因子间相关性较弱。海拔变化所引起的土壤理化性质的改变, 是影响土壤微生物群落丰度的因素; 6 个微生物群落对海拔的适应程度是不同的, 革兰氏阴性细菌对高海拔的低温环境适应能力较强。

关键词: 土壤微生物; 海拔; 针阔混交林; 磷脂脂肪酸

Effects of altitude on soil microbial community in Fengyang Mountain coniferous and broad-leaved forest

MENG Miaojing¹, GUO Xiaoping², ZHANG Jinchi^{1,*}, ZHAO Youpeng¹, WU Jiasen³, YE Lixin⁴, QU Chengwei⁴, LIU Shenglong⁴

1 Co-Innovation Center for the Sustainable Forestry in Southern China, Jiangsu Province Key Laboratory of Soil and Water Conservation and Ecological Restoration, College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 201137, China

2 Nanjing Institute of Environmental Sciences, Ministry of Environmental Protection, Nanjing 210042, China

3 School of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang A&F University, Lin'an 311300, China

基金项目: 林业科学技术推广项目 [2015] 17 号; 江苏省高校自然科学研究重大项目 (15KJA220004); 江苏省高校研究生科研创新项目 (KYZZ16-0323)

收稿日期: 2017-08-21; 网络出版日期: 2018-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhang8811@njfu.edu.cn

4 Fengyang Mountain Administration of Zhejiang Fengyang Mountain-Baishanzu National Nature Reserve, Longquan 323700, China

Abstract: Fengyang Mountain Nature Reserve is a natural reserve of forest ecological type, coniferous and broad-leaved forest is an important forest type in the nature reserve. To understand the impacts of altitude change on soil microbial communities and soil physicochemical properties, we explored the physicochemical properties and microbial community composition of alpine coniferous and broad-leaved forest, the main vegetation types of Fengyang Mountain. Based on the distribution range of *Pinus taiwanensis* in Fengyang mountain, 900 m, 1100 m, 1300 m, 1500 m, and 1700 m were selected as five altitudinal gradients, and three standard plots were set at each elevation gradient (20×20 m), which were sampled in August 2016. Using phospholipid fatty acids (PLFA) spectrum analysis to determine the composition and abundance of soil microbial community, and the soil microbial community composition of non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordination, on soil microbial community structure was analyzed. The results showed that the composition of plant species in coniferous and broad-leaved forests has changed. The soil nutrient content first increased and then decreased, and was significantly reduced at high altitudes ($P < 0.05$), and there were significant differences between soil microbial community abundance. Gram-negative bacterial abundance was higher at high altitudes. NMDS analysis show that the increase in altitude changed the soil microbial community, which can be divided into three groups. Soil microbial community structure at different altitudes showed significant differences in the two NMDS axes ($P < 0.05$). The redundancy analysis showed that soil bulk density, water content, and pH effected soil microbial composition in different ways: soil gram-positive bacterial and antino bacterial abundance were significantly influenced by the soil properties we studied, whereas soil water content and available phosphorus content mainly affected soil gram-negative bacterial abundance, and the abundance of anaerobic bacteria and 16:1 ω 5c was weakly correlated with soil properties. The change in soil physicochemical properties caused by altitude was the main factor affecting soil microbial community abundance. The adaptability of six microbial communities to altitude was different; and the gram-negative bacteria have the strongest adaptability to high altitude and low temperature environment.

Key Words: soil microorganism; altitude; coniferous and broad-leaved forest; phospholipid-derived fatty acids (PLFA)

土壤微生物是土壤的重要组成部分,对土壤肥力的形成和转化起着积极作用,是土壤质量评价不可缺少的土壤生物学指标^[1-3],同时,土壤微生物群落结构被认为是土壤生态系统的预警及敏感指标之一^[4],它在调节土壤养分和生态系统过程中起着重要的作用,是植物生长和维持的关键^[5-6]。土壤细菌对土壤微生态系统中的物质和能量的转化作用显著^[7],土壤真菌及放线菌可以在土壤颗粒间形成菌丝桥^[8],从而影响土壤团粒结构^[9]。真菌主导的土壤微生物类群对改善土壤有机碳稳定性比细菌更加重要^[10],因此土壤真菌与细菌的相对丰度也对土壤生态的可持续发展有着作用^[11]。

然而,微生物类群对植被及生境的选择有明显的对应性^[12],所以群落的组成和多样性在很大程度上受土壤环境条件,特别是土壤理化因子的影响^[13-14]。森林土壤的养分积累和平衡状况存在差异^[15],其空间变异主要受海拔、地形、植被等因素的影响^[16-17]。海拔梯度是检验地球物理影响下植物群落生态进化反应的最有力的“自然实验”^[18]。海拔梯度的变化意味着短距离内气候因子的急剧变化^[19],如温度、降水等^[20]。近年来温室效应加剧,高海拔地区的生态环境也随之改变^[21],研究典型植被类型对海拔变化的响应可以解释植物对环境的适应^[22],研究微生物多样性对海拔梯度的响应也为帮助我们更好的理解微生物对气候变化的响应^[23]。

凤阳山自然保护区是森林生态类型自然保护区,原始植被类型为亚热带常绿阔叶林^[24],这也是亚洲东部的主要自然植被类型之一^[25]。20 世纪 60—70 年代,凤阳山自然保护区进行了间伐等措施,对森林进行管理。后又补植了黄山松、杉木、柳杉等针叶树种,形成了杉木纯林、柳杉纯林、竹林及针阔混交林等植被类型^[26]。作为我国东部亚热带山地有代表性的针叶树种之一^[27],黄山松在高山植被恢复、固碳、水源涵养及应对全球气候变化方面比其他松科植物更为重要的价值^[28]。黄山松为重要组成树种的黄山松阔叶混交林主要分布在

800—1800 m,有关黄山松的研究较少,且多集中在黄山松的分类、群落、生长特性及遗传分化等方面^[29-32],但有关黄山松为重要组成部分的高海拔针阔混交林对气候变化的响应研究仍有欠缺。磷脂脂肪酸(PLFA)技术作为一类较为常见并且快捷、准确的微生物生物标记法^[33],目前已在国内外土壤微生物群落组成和种群变化方面得到广泛应用。本文主要利用 PLFA 方法研究了凤阳山不同海拔黄山松林土壤微生物群落结构,为黄山松的利用、保护及其对气候变化的响应提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于浙江省龙泉市南部凤阳山—百山祖国家级自然保护区(119°06′—119°15′E,27°46′—27°58′N),保护区现有管理面积 15171 hm²,凤阳山保护区主峰为黄茅尖,海拔 1929 m,是江浙第一高峰。保护区所处位置属中亚热带温暖湿润气候区,年均降水量达 2400 mm,年均气温 12.3℃,四季分明,雨量充沛。保护区内森林植被类型丰富,有 11 个植被类型,其中主要植被型有 5 个,分别为针叶林(800—1600 m)、针阔混交林(1200—1800 m)、常绿落叶阔叶混交林(1200—1650 m)、常绿阔叶林(1300—1700 m)、山顶矮曲林(1400 m 以上)。以黄山松(*Pinus taiwanensis*)为重要建群种的黄山松阔叶混交林是保护区内针阔混交林中的典型群系,分布在海拔 800—1800 m,其中阔叶树种主要为木荷(*Schima superba*)、青冈(*Cyclobalanopsis glauca*)、柃木(*Eurya japonica*)等。

1.2 样品采集

选取凤阳山主峰黄茅尖海拔 800—1800 m 范围内的黄山松针阔混交林为研究对象。2016 年 8 月,在此范围内设置 5 个海拔梯度(900、1100、1300、1500、1700 m),在每个海拔梯度的阳坡内选取排水较好、坡度较缓、长势适中的 3 个样方,每个样方 20 m×20 m。由于海拔差异较大,黄山松针阔混交林内阔叶林组成不同,因此我们在每个样方内用蛇形法设置 5 个样点,取样时将土壤表面枯落物和腐殖质层移开,采集表层(0—20 cm 土层)的土壤样品 500 g,然后将 5 个样点所采集的土壤进行混合,作为该样地的土壤样品,并用密封袋密封之后,放入冰盒带回实验室。土样过 2 mm 筛后,分为两份,一份风干进行土壤养分等的测定,另一份放入 -20℃ 冰箱待测。样地基本特征见表 1。

表 1 样地林分基本特征
Table 1 General Situation of the trees in sample plots

海拔 Altitude/m	林龄 Age/a	平均胸径 Average DBH/cm	平均高 Average height/m	郁闭度 Canopy density/%	林分构成 Stands constitute
900	40—50	16.3	15	93	木荷(<i>Schima superba</i>),短尾柯(<i>Lithocarpus brevicaudatus</i>),马尾松(<i>Pinus massoniana</i>),黄山松(<i>Pinus taiwanensis</i>),马银花(<i>Rhododendron ovatum</i>),褐叶青冈(<i>Cyclobalanopsis stewardiana</i>)等
1100	40—50	16.7	17	89	杉木(<i>Cunninghamia lanceolata</i>),白栎(<i>Quercus fabri</i>),黄山松(<i>Pinus taiwanensis</i>),薄叶山矾(<i>Symplocas anotiiala</i>),尖连蕊茶(<i>Camellia cuspidata</i>),木荷(<i>Schima superba</i>)等
1300	40—50	18.9	18	90	黄山松(<i>Pinus taiwanensis</i>),蓝果树(<i>Nyssa sinensis</i>),猴头杜鹃(<i>Rhododendron simiarum</i>),福建栢(<i>Fokienia hodginsii</i>),香冬青(<i>Ilex suaveolens</i>)等
1500	40—50	14.8	15	88	黄山松(<i>Pinus taiwanensis</i>),细齿叶柃(<i>Eurya nitida</i>),厚叶红淡比(<i>Cleyera pachyphylla</i>),鹿角杜鹃(<i>Rhododendron latoucheae</i>)等
1700	40—50	13.1	8	75	黄山松(<i>Pinus taiwanensis</i>),马醉木(<i>Pieris japonica</i>),尾叶冬青(<i>Ilex wilsonii</i>),鹿角杜鹃(<i>Rhododendron latoucheae</i>),乌冈栎(<i>Quercus phillyraeoides</i>)等

1.3 测定方法

土壤理化性质测定:土壤 pH 采用 pH 计测定(水土比 2.5:1);土壤容重及含水量用环刀取样后称量法测定^[34];土壤有效磷含量采用钼锑抗比色法测定,土壤有机碳采用重铬酸钾外加热法测定^[35];总氮、总磷采用流动分析仪测定(Bran+Luebbe);土壤微生物群落结构多样性采用磷脂脂肪酸方法(PLFA)^[36],采用修正的 Bligh-Dyer 方法进行脂类提取和磷脂脂肪酸分析;土样用体积比为 1:2:0.8 的氯仿:甲醇:柠檬酸缓冲液振荡提取总脂类,然后经 SPE 硅胶柱分离得到磷脂脂肪酸,将得到的磷脂脂肪酸进行碱性甲酯化,用 Agilent 6890N 气相色谱仪分析 PLFA 的成分,内标为正十九烷酸甲酯(19:0)^[37]。

本研究选取了 6 种指标,其中表征的磷脂脂肪酸如下:革兰氏阳性细菌(13:0iso, 15:0iso, 15:0anteiso, 16:0iso, 17:0iso, 17:0anteiso, 18:0iso);革兰氏阴性细菌(10:0 2OH, 16:1ω9c, 16:1ω7c, 17:1ω7c, 17:1ω8c, 17:1ω9c, 16:0 2OH, 18:1ω7c, 18:1ω5c);放线菌(16:0 10-methyl, 18:0 10-methyl);厌氧菌(17:0 ω7c, 19:0 cycloω9c, 19:0 cycloω7c);16:1ω5c;SEM 真菌(18:2ω6c, 18:1ω9c)。由于 16:1ω5c 被发现在 G-和 AM fungi 中同时存在,且所占比重较大。同时,16:1ω5c 是表征 AM fungi 的一个重要的磷脂脂肪酸。因此,本研究选取 16:1ω5c 作为一个独立的指标来表征微生物的数量^[24]。本文中我们用磷脂脂肪酸的相对丰度分析反映微生物群落组成^[38]。

$$R_i(\%) = F_i / \sum_{i=1}^n F_i \times 100$$

式中, R_i :第 i 类磷脂脂肪酸的相对丰度; F_i :第 i 类磷脂脂肪酸的含量; $\sum_{i=1}^n F_i$:6 类磷脂脂肪酸的总含量, $n=6$

1.4 数据处理

土壤理化性质及微生物群落的相对丰度(革兰氏菌、革兰氏细菌、放线菌、厌氧菌、16:1ω5c 和 SEM 真菌)在各海拔梯度之间的差异,使用单向方差分析(ANOVA)和最小显著性差异(LSD)分析,数据不满足正态分布时,采用 K 检验。土壤理化性质与土壤微生物群落结构之间的差异采用非度量多维标度(NMDS),所用分析使用 R 语言进行(“vagan”软件包)^[39]。

2 结果与分析

2.1 海拔变化对黄山松林地土壤理化性质的影响

随海拔升高,土壤理化性质出现了显著变化(表 2)。土壤 pH 值、容重及土壤含水量无明显的变化规律,但在各海拔之间有显著性差异($P<0.05$)。土壤有机碳、总氮、总磷及有效磷含量在中海拔(1100—1500 m)处较高,在海拔 1700 m 处均显著降低($P<0.05$)。但各指标最大值并不出现在同一海拔高度。

表 2 土壤理化性质

Table 2 Soil Physical and chemical properties

海拔 Elevation/m	pH	容重 Bulk density/ (g/cm ³)	含水量 Water content /%	总有机碳 TOC/%	总氮 TN/ (g/kg)	总磷 TP/ (g/kg)	有效磷 AP/ (mg/kg)
900	4.54±0.06c	0.85±0.06a	23.34±1.96b	2.68±0.24b	1.95±0.07ab	0.61±0.09ab	6.72±0.48b
1100	4.72±0.08abc	0.76±0.03bc	26.26±1.42ab	2.99±0.14ab	2.19±0.26a	0.68±0.07a	6.99±0.17b
1300	4.84±0.25ab	0.79±0.04ab	24.89±2.82b	3.59±0.37a	2.44±0.35a	0.55±0.16ab	7.03±0.25b
1500	4.64±0.09bc	0.68±0.02d	29.90±1.75a	3.65±0.21a	2.26±0.31a	0.56±0.13b	8.14±0.31a
1700	4.95±0.20a	0.71±0.05cd	23.28±2.23b	2.69±0.86b	1.84±0.33b	0.42±0.00b	6.66±0.12b

TOC: total organic carbon; TN: total nitrogen; TP: total phosphorus; AP: available phosphorus, 同列不同字母表示差异显著 $P<0.05$, $n=3$

2.2 海拔变化对黄山松林地土壤微生物群落结构的影响

随海拔变化,黄山松阔叶林土壤微生物各群落均显示出一定差异(图 1)。高海拔处(1300—1700 m)革兰氏阴性细菌丰度显著低于低海拔(900—1100 m, $P<0.05$, 图 1a),而相对丰度最高的革兰氏阴性细菌则表现

出相反的特征,高海拔处(1500—1700 m)相对丰度显著高于其它海拔($P<0.05$,图 1b)。1500 m 海拔的放线菌和丰度显著低于其它海拔($P<0.05$),其中 900 m 处的丰度值最高(图 1c)。厌氧菌相对丰度同样在 1500 m 处最低,但只显著低于 1100 m 和 1300 m 处的丰度值(图 1d)。16:1 ω 5c 和真菌的相对丰度则是随着海拔先升高后下降,在 1300 m 海拔处达到最高值。

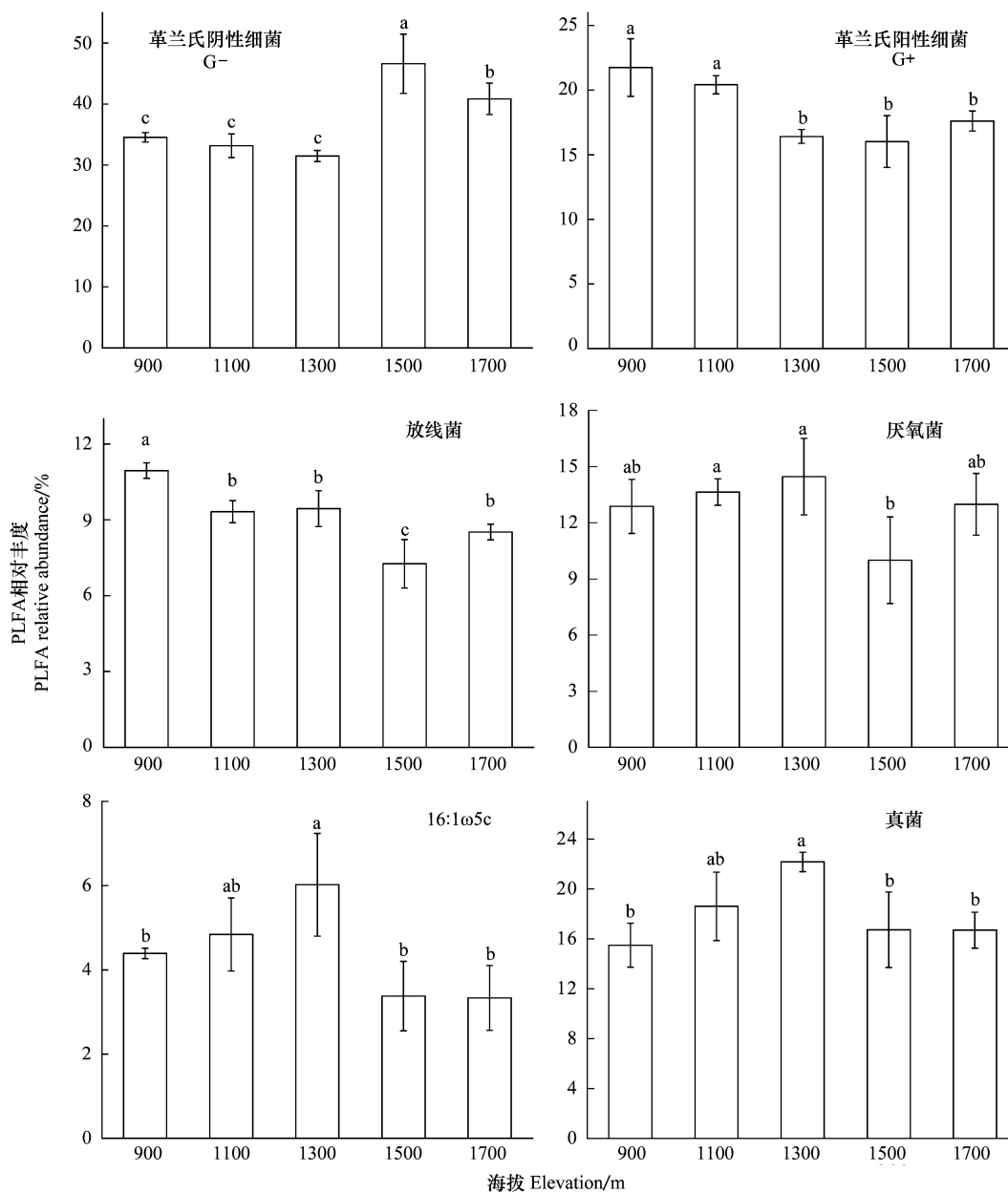


图 1 5 个海拔梯度不同微生物类群的相对丰度

Fig.1 Relative abundance of different microbial groups at different elevations

不同字母表示 $P<0.05$ 时差异显著

非度量多维标度(NMDS)排序结果显示(图 2)。从整个 NMDS 排序图中(图 2)可以看出 5 个海拔梯度针阔混交林地土壤微生物群落结构被划分为 3 个类群,即海拔 900、1100 m 为主的较低海拔土壤微生物群落类群;海拔 1300 m 的中海拔土壤微生物群落类群及以海拔 1500、1700 m 为主的高海拔土壤微生物群落类群。从空间角度来看,地理空间上相近的样点聚为一类。

对各海拔梯度样点在 NMDS 两轴上得分进行分析(表 3)。沿 NMDS 1 轴,海拔 900、1100、1300 m 与海拔

1500、1700 m 处得分有显著差异 ($P<0.05$)。而海拔 1300 m 处得分则与海拔 900、1500、1700 m 处沿 NMDS 2 轴有显著差异 ($P<0.05$)。

2.3 土壤微生物群落组成与土壤理化性质间的关系

对各海拔针阔混交林土壤微生物群落组成与土壤因子渐进进行冗余分析 (RDA), RDA 轴 1 和轴 2 能共同解释所有变量的 71.3%, 模拟效果较好 (图 3)。冗余分析中, 向量的长度与该因子的重要性成正比; 土壤理化性质向量与微生物对碳源的利用向量之间的夹角余弦值表示他们之间的相关系数^[40]。结果表明, 土壤微生物群落结构组成与土壤理化性质之间相关性较好。土壤革兰氏阳性细菌与放线菌正相关; 土壤厌氧菌与革兰氏阴性细菌丰度负相关。土壤 pH 值、有机碳含量与总氮含量显著正相关; 但是这些因子与容重和总磷含量负相关; 土壤有效磷含量与含水量之间存在显著正相关; 海拔高度的变化影响了土壤环境因子的变化。土壤微生物群落组成中, 放线菌、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌及厌氧菌受土壤环境因子的影响较大。海拔高度的变化主要影响土壤放线菌及革兰氏阳性细菌丰度, 与其显著负相关, 此外还与革兰氏阴性细菌正相关, 对其他微生物群落丰度的影响较小。

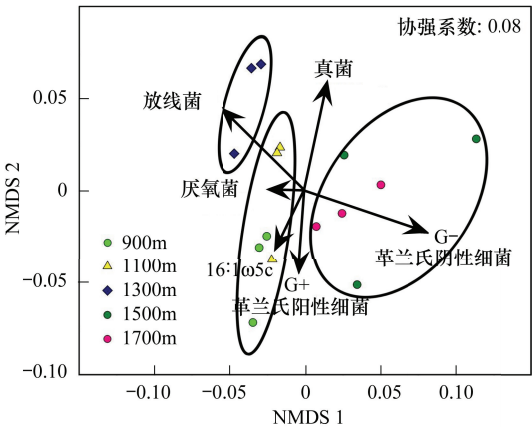


图 2 土壤微生物群落丰度的非度量多维尺度分析
Fig. 2 Nonmetric multidimensional scaling analysis (NMDS) showing the overall composition of microbial communities

表 3 各海拔梯度样点在 NMDS 轴上的得分

海拔 Elevation/m	NMDS 1		NMDS 2	
	得分 Score	标准差 Standard	得分 Score	标准差 Standard
900	-0.030b	0.005	-0.042b	0.026
1100	-0.019b	0.003	0.002ab	0.034
1300	-0.037b	0.009	0.052a	0.027
1500	0.058a	0.049	-0.003b	0.042
1700	0.027a	0.022	-0.009b	0.011

3 讨论

海拔高度的变化通常会在较短的地理距离内引起气候环境因子的变化及物质周转的剧烈变化^[19]。土壤微生物群落结构作为土壤生态系统中较为敏感的指标, 对周围环境的变化会产生极为迅速的响应。本文研究发现, 随海拔的升高, 凤阳山针阔混交林地土壤微生物群落组成也发生了变化。

通过 NMDS 降维分析, 将 5 个海拔梯度的微生物群落组成为 3 个类型类群。海拔 900 m 及 1100 m 处, 土壤微生物群落中, 革兰氏阳性菌、放线菌及厌氧菌丰度较高; 海拔 1500 m 及 1700 m 处, 土壤革兰氏阳性菌丰度显著高于其他海拔; 海拔 1300 m 处则拥有较低的细菌丰度。仅从土壤微生物群落组成的海拔效应上看, 海拔变化主要影响土壤细菌及放线菌丰度的变化, 对其他微生物群落影响较小。朱文杰研究了太白山北坡土壤放线菌的垂直分布, 发现海拔 800—1845 m 范围内, 土壤放线菌 最高含量出现在 1845 m, 这与本文的研究结果相似^[41]。土壤革兰氏阳性与阴性细菌变化趋势相反, 随海拔升高, 革兰氏阳性与阴性细菌的相对丰度分别呈现下降和升高趋势, 革兰氏阴性细菌对高海拔环境的适应更有优势^[42]。

作为土壤生态系统中的重要组成部分, 土壤微生物直接参与森林生态系统的物质循环和能量转化, 同时对稳定团粒结构等方面也有明显作用^[43]。土壤微生物种类、群落结构、生物量等受气候环境、植被群落结构

及土壤性质等环境因子的影响。根据 RDA 分析的结果,海拔变化引起的土壤性质的变化一定程度上导致了土壤微生物群落的变化^[44],由于森林土壤的异质性及植被类型的差异,各土壤因子对微生物群落的影响不同^[45-46]。土壤性质对不同土壤微生物类群的作用不同^[47]:土壤革兰氏阳性细菌与放线菌丰度几乎受到所有土壤因子的影响,这说明影响它们丰度的因素较复杂;土壤革兰氏阴性细菌丰度则主要受到土壤容重、含水量及土壤有效磷含量的影响,其中容重为负相关,含水量及有效磷含量为正相关。许多研究都证明土壤 N, P 含量是影响土壤微生物群落的重要因素^[48],但是在不同的研究区域影响效果有所差异。良好的土壤物理性质,也对土壤微生物群落结构的丰富作用显著^[49]。土壤微生物群落结构受土壤性质的影响,大都是多个因子的综合作用结果^[50]。

植物群落组成也显著影响土壤微生物群落结构组成。一方面,大量研究探讨了植物群落结构多样性与土壤微生物群落组成及丰度之间的相互关系,发现较高的植物群落结构多样性多伴随着大的土壤微生物群落结构多样性^[14]。另一方面,有学者认为每种植物对生态系统的贡献都是不同的,植物通过根系形态、分泌物及枯落物的分解影响着土壤微生物群落结构组成^[51]。这些观点都说明植物群落组成是影响土壤微生物群落结构的重要因素。海拔变化后,针阔混交林内部植物种类及组成均发生改变,这种差异及其引起土壤环境差异也是土壤微生物群落结构不同的重要因素^[52-53]。

本研究利用磷脂脂肪酸 (PLFA) 技术测定土壤微生物群落组成,因为它可以直接提取原位土壤的 PLFA,但是该方法的准确性对实验条件要求较高,同时无法区分植物体与土壤的 PLFA,因此利用分子生物学技术深入探讨土壤微生物群落多样性或许是我们进一步研究方向。

5 结论

凤阳山不同海拔梯度土壤理化性质及土壤微生物群落组成均有差异。随海拔升高,土壤养分含量大致呈现先升高后降低的变化特征,在海拔 1100—1500 m 范围内养分含量较高。土壤 pH 值及容重分别与海拔高度呈正、负相关关系。土壤微生物群落组成中,土壤革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌及放线菌丰度与海拔高度的变化相关关系显著,其他类群的土壤微生物丰度与海拔的相关性较弱。

土壤理化性质对土壤微生物群落丰度有一定的影响,土壤革兰氏阳性细菌及放线菌丰度收土壤理化性质各因子的综合影响,革兰氏阴性细菌丰度则主要受到土壤含水量及有效磷含量的关系密切。

参考文献 (References):

- [1] Brejda J J, Moorman T B, Karlen D L, Dao T H. Identification of regional soil quality factors and indicators I. Central and southern high Plains. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64(6): 2115-2124.
- [2] 时向东, 耿伟, 焦枫, 石秋环, 张雪. 不同覆盖方式下烤烟根际土壤微生物数量动态变化. *华北农学报*, 2010, 25(3): 221-224.
- [3] 路鹏, 苏以荣, 牛铮, 吴金水. 土壤质量评价指标及其时空变异. *中国生态农业学报*, 2007, 15(4): 190-194.
- [4] 于树, 汪景宽, 李双昇. 应用 PLFA 方法分析长期不同施肥处理对玉米地土壤微生物群落结构的影响. *生态学报*, 2008, 28(9): 4221-4227.
- [5] Chaparro J M, Sheflin A M, Manter D K, Vivanco J M. Manipulating the soil microbiome to increase soil health and plant fertility. *Biology and*

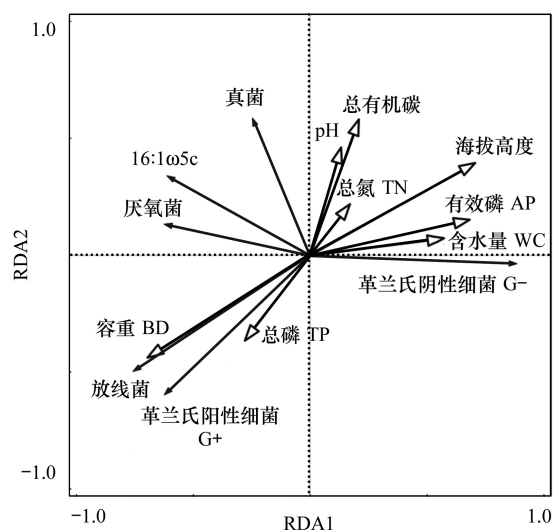


图 3 不同海拔针阔混交林地土壤微生物群落结构与土壤因子冗余分析

Fig. 3 Redundancy analysis (RDA) between soil microbial community and soil properties

- Fertility of Soils, 2012, 48(5): 489-499.
- [6] Simpson A J, Simpson M J, Smith E, Kelleher B P. Microbially derived inputs to soil organic matter: are current estimates too low? Environmental Science & Technology, 2007, 41(23): 8070-8076.
- [7] 陈冬梅, 柯文辉, 陈兰兰, 黄锦文, 吴文祥, 陈婷, 张重义, 林文雄. 连作对白肋烟根际土壤细菌群落多样性的影响. 应用生态学报, 2010, 21(7): 1751-1758.
- [8] 张伟, 许俊杰, 张天宇. 土壤真菌研究进展. 菌物研究, 2005, 3(2): 52-58.
- [9] Rillig M C, Mardatin N F, Leifheit E F, Antunes P M. Mycelium of arbuscular mycorrhizal fungi increases soil water repellency and is sufficient to maintain water-stable soil aggregates. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(7): 1189-1191.
- [10] Brandan C P, Chavarría D, Huidobro J, Meriles J M, Brandan C P, Gil S V. Influence of a tropical grass (*Brachiaria brizantha* cv. Mulato) as cover crop on soil biochemical properties in a degraded agricultural soil. European Journal of Soil Biology, 2017, 83: 84-90.
- [11] Thiet R K, Frey S D, Six J. Do growth yield efficiencies differ between soil microbial communities differing in fungal: bacterial ratios? Reality check and methodological issues. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(4): 837-844.
- [12] Young I M, Ritz K. Tillage, habitat space and function of soil microbes. Soil and Tillage Research, 2000, 53(3/4): 201-213.
- [13] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning. Nature, 2014, 515(7528): 505-511.
- [14] Lange M, Eisenhauer N, Sierra C A, Bessler H, Engels C, Griffiths R I, Mellado-Vázquez P G, Malik A A, Roy J, Scheu S, Steinbeiss S, Thomson B C, Trumbore S E, Gleixner G. Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage. Nature Communications, 2015, 6: 6707.
- [15] 刘贤德, 赵维俊, 张学龙, 敬文茂, 范莉梅. 祁连山排露沟流域青海云杉林土壤养分和 pH 变化特征. 干旱区研究, 2013, 30(6): 1013-1020.
- [16] 张桐. 六盘山林区坡面土壤物理性质时空变化及尺度效应[D]. 北京: 北京林业大学, 2016.
- [17] 张巧明, 王得祥, 龚明贵, 张丽楠. 秦岭火地塘林区不同海拔森林土壤理化性质. 水土保持学报, 2011, 25(5): 69-73.
- [18] Körner C. The use of 'altitude' in ecological research. Trends in Ecology & Evolution, 2007, 22(11): 569-574.
- [19] Yuan Y L, Si G C, Wang J, Luo T X, Zhang G X. Bacterial community in alpine grasslands along an altitudinal gradient on the Tibetan Plateau. FEMS Microbiology Ecology, 2014, 87(1): 121-132.
- [20] Valéry A, Andréassian V, Perrin C. Regionalization of precipitation and air temperature over high-altitude catchments-learning from outliers. Hydrological Sciences Journal, 2010, 55(6): 928-940.
- [21] 赵艳艳. 高寒草甸典型植物对增温和模拟放牧的生理生态响应的研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2016.
- [22] 马元岫, 王中生, 余华, 王志科, 杨琳璐. 不同海拔梯度下黄山松与马尾松针叶形态·光合生理特性的研究. 安徽农业科学, 2012, 40(29): 14155-14158, 141473-14173.
- [23] Collins H P, Cavigelli M A. Soil microbial community characteristics along an elevation gradient in the Laguna Mountains of Southern California. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(8): 1027-1037.
- [24] Guo X P, Chen H Y H, Meng M J, Biswas S R, Ye L X, Zhang J C. Effects of land use change on the composition of soil microbial communities in a managed subtropical forest. Forest Ecology and Management, 2016, 373: 93-99.
- [25] Tagawa H. Distribution of lucidophyll oak-laurel forest formation in Asia and Other Areas. Tropics, 1995, 5(1/2): 1-40.
- [26] Guo X P, Meng M J, Zhang J C, Chen H Y H. Vegetation change impacts on soil organic carbon chemical composition in subtropical forests. Scientific Reports, 2016, 6: 29607.
- [27] 李淑娟, 谭艳, 陈颖, 尹冬明. 黄山松不同生理生化指标随海拔高度变化趋势. 东北林业大学学报, 2010, 38(6): 9-10, 34-34.
- [28] 苏松锦, 刘金福, 兰思仁, 洪伟, 李文周. 黄山松研究综述(1960-2014)及其知识图谱分析. 福建农林大学学报: 自然科学版, 2015, 44(5): 478-486.
- [29] 刘金福, 朱德煌, 兰思仁, 洪伟, 郑世群, 何中声, 徐道炜. 戴云山黄山松群落与环境的关联. 生态学报, 2013, 33(18): 5731-5736.
- [30] 陈茂铨, 王根轩, 刘术新, 白燕远, 应俊辉, 陈兵红, 王东明. 合成革主要化学污染物对黄山松生理生态特性的浓度效应研究. 植物生态学报, 2011, 35(1): 66-72.
- [31] 毕晓丽, 洪伟, 吴承祯, 闫淑君, 蓝斌. 黄山松种群统计分析. 林业科学, 2002, 38(1): 61-67.
- [32] 张利锐, 彭艳玲, 任广朋, 周永峰, 李忠虎, 刘建全. 马尾松和黄山松两个核基因位点的群体遗传多样性和种间分化. 植物生态学报, 2011, 35(5): 531-538.
- [33] Zhang X Y, Dong W Y, Dai X P, Schaeffer S, Yang F T, Radosevich M, Xu L L, Liu X Y, Sun X M. Responses of absolute and specific soil enzyme activities to long term additions of organic and mineral fertilizer. Science of the Total Environment, 2015, 536: 59-67.
- [34] Peverill K I, Sparrow L A, Reuter D J. Soil Analysis: An Interpretation Manual. Collingwood, Vic: CSIRO Publishing, 1999.
- [35] Faithfull N. Methods in Agricultural Chemical Analysis. Oxford: Oxford University Press, 2003.

- [36] Frostegård Å, Tunlid A, Bååth E. Microbial biomass measured as total lipid phosphate in soils of different organic content. *Journal of Microbiological Methods*, 1991, 14(3): 151-163.
- [37] 李范, 周星梅, 蒋海波, 李娜, 陈建中. 磷脂脂肪酸分析中内标物的使用及数据处理建模. *微生物学通报*, 2014, 41(12): 2574-2581.
- [38] Massaccesi L, Bardgett R D, Agnelli A, Ostle N, Wilby A, Orwin K H. Impact of plant species evenness, dominant species identity and spatial arrangement on the structure and functioning of soil microbial communities in a model grassland. *Oecologia*, 2015, 177(3): 747-759.
- [39] Oksanen J, Blanchet FG, Kindt R, Legendre P, Minchin PR, O'Hara R, Simpson G L, Solymos P, Stevens M H H, Wagner H. Package 'vegan'. *Community ecology package*, version 2. 2013.
- [40] 于健, 徐倩倩, 刘文慧, 罗春旺, 杨君珑, 李俊清, 刘琪璟. 长白山东坡不同海拔长白落叶松径向生长对气候变化的响应. *植物生态学报*, 2016, 40(1): 24-35.
- [41] 朱文杰. 秦岭主峰太白山北坡土壤放线菌研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
- [42] 张地, 张育新, 曲来叶, 张霜, 马克明. 海拔对辽东栎林地土壤微生物群落的影响. *应用生态学报*, 2012, 23(8): 2041-2048.
- [43] 隋心, 张荣涛, 钟海秀, 倪红伟. 森林生态系统中主要功能微生物的研究进展. *中国农学通报*, 2014, 30(28): 1-5.
- [44] Zhang B, Liang C, He H B, Zhang H D. Variations in soil microbial communities and residues along an altitude gradient on the northern slope of Changbai Mountain, China. *PLoS One*, 2012, 8(6): e66184.
- [45] 曾清苹, 何丙辉, 毛巧芝, 吴耀鹏, 黄祺, 李源. 缙云山马尾松林和柑橘林土壤微生物 PLFA 沿海拔梯度的变化. *环境科学*, 2015, 36(12): 4667-4675.
- [46] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 刘金福, 方长句, 张志兴, 吴林坤, 陈婷. 武夷山不同海拔植被带土壤微生物 PLFA 分析. *林业科学*, 2014, 50(7): 105-112.
- [47] Kaiser C, Koranda M, Kitzler B, Fuchslueger L, Schnecker J, Schweiger P, Rasche F, Zechmeister-Boltenstern S, Sessitsch A, Richter A. Belowground carbon allocation by trees drives seasonal patterns of extracellular enzyme activities by altering microbial community composition in a beech forest soil. *New Phytologist*, 2010, 187(3): 843-858.
- [48] 陈法霖, 郑华, 阳柏苏, 欧阳志云, 张凯, 肖焱, 屠乃美. 中亚热带几种针、阔叶树种凋落物混合分解对土壤微生物群落碳代谢多样性的影响. *生态学报*, 2011, 31(11): 3027-3035.
- [49] 王冰冰, 曲来叶, 宋成军, 宫渊波. 岷江干旱河谷优势灌丛对土壤微生物群落组成的影响. *生态学报*, 2015, 35(8): 2481-2493.
- [50] 马玲, 马琨, 汤梦洁, 代晓华. 间作与接种 AMF 对连作土壤微生物群落结构与功能的影响. *生态环境学报*, 2013, 22(8): 1341-1347.
- [51] Naeem S, Loreau M, Inchausti P. Biodiversity and ecosystem functioning: the emergence of a synthetic ecological framework//Loreau M, Naeem S, Inchausti P, eds. *Biodiversity and Ecosystem Functioning: Synthesis and Perspectives*. Oxford: Oxford University Press, 2002.
- [52] Grayston S J, Griffith G S, Mawdsley J L, Campbell C D, Bardgett R D. Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(4/5): 533-551.
- [53] Prober S M, Leff J W, Bates S T, Borer E T, Firn J, Harpole W S, Lind E M, Seabloom E W, Adler P B, Bakker J D, Cleland E E, DeCrappeo N M, DeLorenze E, Hagenah N, Hautier Y, Hofmockel K S, Kirkman K P, Knops J M H, La Pierre K J, MacDougall A S, McCulley R L, Mitchell C E, Risch A C, Schuetz M, Stevens C J, Williams R J, Fierer N. Plant diversity predicts beta but not alpha diversity of soil microbes across grasslands worldwide. *Ecology Letters*, 2015, 18(1): 85-95.