

DOI: 10.5846/stxb202001070053

杨寅, 邱钰明, 王中斌, 曲来叶. 不同主伐方式对兴安落叶松 (*Larix gmelinii*) 根际土壤理化性质及微生物群落的影响. 生态学报, 2020, 40(21): 7621-7629.

Yang Y, Qiu Y M, Wang Z B, Qu L Y. Effects of different harvest methods on physicochemical properties and microbial community of *Larix gmelinii* rhizosphere soil. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(21): 7621-7629.

不同主伐方式对兴安落叶松 (*Larix gmelinii*) 根际土壤理化性质及微生物群落的影响

杨 寅^{1,2}, 邱钰明³, 王中斌¹, 曲来叶^{1,2,*}

1 中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室, 北京 100085

2 中国科学院大学, 北京 100049

3 北京林业大学, 北京 100083

摘要:对内蒙古根河大兴安岭林区 1987 年(恢复后期)、2013 年(恢复前期)的皆伐与渐伐样地以及未采伐对照样地兴安落叶松的根际土壤理化性质、微生物群落结构和多样性进行了分析,旨在揭示不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落的影响。结果表明,主伐后兴安落叶松根际土壤的理化性质以及微生物群落的变化特征与非根际土壤存在区别,且不同主伐方式在不同恢复时期会对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落产生不同的影响:(1)根际与非根际土壤微生物群落中真菌均比细菌更容易受到土壤理化性质的影响,但是单一种理化性质的改变对根际与非根际土壤微生物群落均不能造成显著影响。(2)相较于未采伐对照样地,皆伐样地恢复前期兴安落叶松根际土壤理化性质、微生物群落结构和多样性没有显著变化。皆伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤理化性质(总碳、总氮、速效氮、pH)发生了显著变化,导致了微生物量碳氮、真菌磷脂脂肪酸(PLFA)含量显著降低、细菌/真菌显著升高,辛普森多样性指数显著降低。(3)渐伐样地恢复前期兴安落叶松根际土壤总碳、总氮、速效氮含量以及含水量均显著降低,总钾、速效磷含量显著上升,根际土壤微生物量碳含量显著降低。恢复后期,兴安落叶松根际土壤总磷含量显著升高,根际土壤微生物量碳的含量已恢复到渐伐前水平。渐伐干扰对根际土壤各微生物类群 PLFA 含量、微生物群落结构以及多样性没有显著影响。

关键词:主伐方式;根际土壤;理化性质;微生物群落;兴安落叶松

Effects of different harvest methods on physicochemical properties and microbial community of *Larix gmelinii* rhizosphere soil

YANG Yin^{1,2}, QIU Yuming³, WANG Zhongbin¹, QU Laiye^{1,2,*}

1 State Key Laboratory of Urban and Regional Ecology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3 Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

Abstract: Timber harvesting is common disturbances of forest ecosystem and different harvest methods have different effects on forest ecosystem. The unreasonable harvest method will cause soil nutrient loss, reduce soil water holding capacity, and lead to serious consequences such as soil erosion and forest degradation. The Great Xingan Mountain forest ecosystem has the largest forest area and the largest forest stock in China. *L. gmelinii* is the main zonal vegetation in this area. Therefore, the restoration of *L. gmelinii* is of great importance to the Great Xingan Mountain forest ecosystem after harvesting. Clear

基金项目:国家重点研发计划(2017YFC0504003);城市与区域生态国家重点实验室项目(SKLURE2017)

收稿日期:2020-01-07; 网络出版日期:2020-09-02

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lyqu@rcees.ac.cn

cutting and shelter-wood cutting sites in 1987 and 2013 and uncut contrast site in the Great Xingan Mountain, Genghe, Inner Mongolia were selected as the research area. We sampled the rhizosphere soil of *L. gmelinii* in sites and analyzed its physicochemical properties and microbial community characteristics. The results showed that change of physical and chemical properties and characteristics of microbial community of rhizosphere soil after timber harvesting were different from that of non-rhizosphere soil, and the physical and chemical properties and microbial community of rhizosphere soil of *L. gmelinii* would be affected differently by different harvest methods in different stage of restoration. (1) Fungi in rhizosphere and non-rhizosphere soil microbial communities were both more susceptible to the effects of soil physical and chemical properties than bacteria, but the change of single physical and chemical properties could not significantly affect the rhizosphere and non-rhizosphere soil microbial communities. (2) Compared with the uncut contrast site, in the early stage of restoration of clear cutting, no significant changes were found in the physical and chemical properties, microbial community structure and diversity of the rhizosphere soil of *L. gmelinii*. In the late stage of restoration of clear cutting, the physical and chemical properties (total carbon, total nitrogen, available nitrogen and pH) of the rhizosphere soil of *L. gmelinii* changed significantly, resulting in a significant decrease in microbial biomass carbon and nitrogen, the content of phospholipid fatty acid (PLFA) of fungi, a significant increase in bacteria/fungi, and a significant decrease in Simpson diversity index. (3) For shelter-wood cutting sites, in the early stage of restoration, the contents of total carbon, total nitrogen, available nitrogen and water content in the rhizosphere of *L. gmelinii* were significantly reduced. The content of total potassium and available phosphorus were significantly increased, the microbial biomass was significantly lower than that of the contrast site. At the late stage of restoration, the ratio of carbon to nitrogen and the content of total phosphorus increased significantly, and the microbial biomass carbon returned to the level before shelter-wood cutting. Shelter-wood cutting had no significant effect on PLFA content, microbial community structure and diversity of all microbial groups in rhizosphere soil.

Key Words: harvest methods; rhizosphere soil; physical and chemical properties; microbial community; *Larix gmelinii*

主伐是指在林木成熟时为了生产而进行的采伐,对森林生态系统的影响较大,不同主伐方式对森林生态系统的影响不同^[1]。土壤对保持森林生态系统生产力和可持续性至关重要,合理的主伐方式对土壤结构稳定性、水分、孔隙状况和养分含量等的影响可以在短期内恢复,并有所改善,不合理的主伐方式会造成土壤有机质、氮、磷、钾的损失,降低土壤持水能力^[2],进而造成土壤侵蚀和森林退化等严重后果^[3]。

大兴安岭林区的森林面积、蓄积量以及采伐量都居全国首位,其森林生态系统健康对我国林业生产具有重要战略意义。兴安落叶松(*Larix gmelinii*)为松科落叶松属落叶乔木,是大兴安岭地区的地带性植被,其耐寒耐瘠薄,木材蓄积丰富,是该地区荒山造林和森林更新的主要树种^[4-5]。因此,兴安落叶松主伐样地的恢复是大兴安岭森林系统恢复以及生产力提升的关键。

目前,关于主伐对兴安落叶松土壤影响研究的年限选择多为主伐后当年或者主伐后十年之内^[6-7],随着恢复年限的增加以及植被的恢复,主伐对土壤的长期影响往往被忽略。同时,关于主伐后土壤的研究大多针对非根际土壤进行,而植物在生长过程中会通过根系向土壤输入有机质与根系分泌物,改变根际土壤理化性质与微生物的群落,导致根际与非根际土壤的理化性质以及微生物群落特征存在差异^[8],关于大兴安岭林区兴安落叶松在不同主伐方式下根际土壤理化性质与微生物群落长期动态变化的研究还未见报道。

综上,本研究选取主伐5年与31年后以及未采伐对照样地中的兴安落叶松,通过对其根际土壤理化性质、微生物群落结构和多样性的分析,探究兴安落叶松根际土壤相较于非根际土壤对不同主伐方式的响应有哪些异同,同时利用根际土壤微生物对环境变化更为敏感的特点来揭示不同主伐方式对兴安落叶松的长期影响。本研究结果将为森林主伐后的恢复提供数据参考,为大兴安岭林区主伐林地的恢复以及管理提供理论支撑。

1 研究地与研究方法

1.1 研究区概况

本研究于 2018 年 7 月选取内蒙古根河林业区内 2013 年与 1987 年的皆伐与渐伐样地以及附近未采伐样地(对照),地理坐标 121°30′30.10″—121°55′20.86″E, 50°50′49.63″—50°54′48.52″N。该地区地处寒温带大陆性季风气候,年降水量 450—500 mm,海拔 600—1300 m,年均温-5.4℃。林区内土壤以棕色针叶林土和暗棕壤为主,主要树种为兴安落叶松(*Larix gmelinii*)、白桦(*Betula platyphylla*)、樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongolica*)等。

1.2 研究方法

1.2.1 样地选择

在 2018 年 7 月,选取 2013 年(恢复 5 年代表恢复前期)、1987 年(恢复 31 年代表恢复后期)的皆伐与渐伐样地以及未采伐对照样地,3 块样地中主要树种为兴安落叶松(*Larix gmelinii*)和白桦(*Betula platyphylla*),树种组成相似。其中,每块样地分别随机设置 3 个 20 m×20 m 的样方,每个样方间隔 100 m 以上。在每个样方中选取生长状况和树龄大致相同的兴安落叶松 3 株,选取 0—10 cm 的根际土壤进行采集,共采集 45 份土样。采样时,扫去地表的枯枝落叶等杂物,用铁锹挖土并找到根,抖落根际土并采集。在每株兴安落叶松根部 4 个方向取土,混合为一个土样,作为该兴安落叶松的根际土壤。

新鲜土壤过 2 mm 筛后放于 4℃ 冰盒里短暂保存,带回实验室。将新鲜土样分为 3 份,前两份分别保存于-4℃ 和-20℃ 冰箱用于微生物量碳氮的测定以及磷脂脂肪酸(PLFA)的提取。第三份土样风干,用于土壤理化性质的测定。

1.2.2 测定方法

理化性质:土壤 pH 采用酸度计进行测定,土水比为 1:5。土壤总碳(TC, Total carbon)、总氮(TN, Total nitrogen)采用元素分析仪测定(德国 Elementar 公司 Vario MAX cube)。总磷(TP, Total phosphorus)、总钾(TK, Total potassium)采用微波消解法测定(ICP—OES)。速效磷(AP, Available phosphorus)采用碳酸氢钠法测定。速效氮(AN, Available nitrogen)采用碱解扩散法测定^[9]。

微生物量:土壤微生物量碳氮用氯仿熏蒸法提取,浸提液用德国 Elementar 公司 Vario TOC 仪测定^[10]。

磷脂脂肪酸(PLFA, Phospholipid fatty acids)^[11-12]:(1)提取:取冷冻干燥后的土样 4 g,加入磷酸缓冲液(0.1 mol/L)、甲醇(色谱纯)、氯仿,超声波 10 min,震荡 1—2 h,离心 10 min(2500 rpm/min);取上清液加入氯仿、磷酸缓冲液,混匀,分层过夜(避光)。收集下层氯仿相,N₂吹干。(2)分离:过硅胶柱(用 5 mL 仿润湿柱子),用氯仿分 2 次洗脱转移吹干的样品,加 15 mL 丙酮过柱、加入 10 mL 甲醇(色谱纯)过柱,收集甲醇相,N₂吹干。(3)甲酯化:使用甲醇—甲苯(1:1,体积分数)溶液溶解吹干的脂类物质,加入 0.2 mol/L KOH(甲醇作溶剂)1 mL,混匀,37℃ 温水浴 15 min;冷却至室温,加入 2 mL 氯仿—正己烷(1:4, v/v)、0.3 mL 醋酸(1 mol/L)、2 mL 超纯水,混匀,离心 5 min(2000 rpm/min),收集上层正己烷相。加 2 mL 氯仿—正己烷(1:4, v/v)重复提取一次,合并两次提取的正己烷相,N₂吹干,-20℃ 保存。(4)上机测定:用 19C 做内标,通过气相色谱仪得到 PLFA 特征图谱,根据内标计算含量,单位用 nmol/g 表示。

1.3 数据处理

根据已有研究成果中的磷脂脂肪酸标记物^[13-18],对根际土壤微生物群落的革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria, GP(i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0, i18:0)、革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria, GN(16:1ω7c, 17:0 cyclo ω7c, 17:1ω8c, 18:1ω7c, 18:1ω5c, 19:0 cyclo ω7c)、放线菌 Actinomycete(16:0 10-methyl, 17:0 10-methyl, 18:0 10-methyl)、真菌 Fungi(18:2ω6c, 18:1ω9c)、细菌 Bacteria(i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0, i18:0, 16:1ω7c, 17:0 cyclo ω7c, 17:1ω8c, 18:1ω7c, 18:1ω5c, 19:0 cyclo ω7c)的含量进行表征。

通过 R 3.5.1 版本中的 $\text{diversity}()$ 函数利用 PLFA 数据计算香农维纳多样性指数与辛普森多样性指数,公式如下:

$$\text{Shannon-Wiener} \quad H = -\sum (P_i) (\ln P_i) \quad (3)$$

式中, H 为香农维纳多样性指数; P_i 为第 i 种磷脂脂肪酸标记物在磷脂脂肪酸标记物总量中的比例

$$\text{Simpson} \quad D = 1 - \sum (N_i/N)^2 \quad (4)$$

式中, D 为辛普森多样性指数, N_i 为第 i 种磷脂脂肪酸标记物的含量, N 磷脂脂肪酸标记物的总量。

用一些常见的磷脂脂肪酸含量的比值来分析根际土壤微生物群落结构的变化,如细菌/真菌 (Bacteria/Fungi)、革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌 (GP/GN)。微生物压力指数 (Stress level) 用单链不饱和脂肪酸 (cyc17: 0+cyc19: 0)/环丙烷脂肪酸 (16: 1ω7c+18: 1ω7c) 来计算,压力指数越高代表着细菌群落受到更高的生理压力^[19]。

利用 SPSS 24.0 对兴安落叶松根际土壤理化性质、微生物量碳氮含量、PLFA 含量、微生物群落结构指标、多样性指数、压力指数进行单因素方差分析,并用 LSD 方法比较不同组之间的差异。

利用 R 3.5.1 版本中的 $\text{vif.cca}()$ 函数计算方差膨胀因子,筛选并去除多重共线性较强环境因子(方差膨胀因子大于 20)^[20],之后利用 vegan 包中 $\text{rda}()$ 函数的对根际土壤理化性质以及各微生物类群生物量以及微生物群落结构进行冗余分析。

作图通过 Origin 9.1、R 3.5.1、Microsoft Office Visio 完成。

2 结果与分析

2.1 不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤理化性质的影响

如表 1 所示,皆伐样地恢复前期,兴安落叶松根际土壤速效磷含量显著高于对照样地,其余理化性质与对照样地无显著差异。皆伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤总碳、总氮、速效氮含量降低,显著低于对照样地,速效磷含量仍显著高于对照样地,pH 显著高于渐伐样地和对照样地,含水量显著低于对照样地,总磷、总钾含量与对照样地差异均不显著。

渐伐样地恢复前期,兴安落叶松根际土壤的总碳、总氮、速效氮含量以及含水量均显著低于对照样地,总钾、速效磷含量显著上升,其余理化指标没有显著变化。渐伐样地恢复后期,根际土壤总碳、总氮、速效氮以及含水量仍显著低于对照样地,总磷、总钾、速效磷含量均显著高于对照样地。

表 1 兴安落叶松根际土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of rhizosphere soil of *Larix gmelinii*

样地 Sample site	总碳 (TC) /(g/kg)	总氮 (TN) /(g/kg)	总磷 (TP) /(g/kg)	总钾 (TK) /(g/kg)	速效磷 (AP) /(mg/kg)	速效氮 (AN) /(mg/kg)	pH	含水量 SM/%
对照 Control	88.41±10.40a	5.03±0.33a	0.59±0.06b	15.10±0.61b	2.41±0.09b	168.00±19.63a	4.42±0.13bc	0.45±0.03a
2013 年皆伐 Clear cutting	123.40±18.28a	5.74±0.80a	0.76±0.06ab	17.59±1.23ab	3.28±0.24a	156.33±13.45a	4.37±0.09c	0.47±0.04a
2013 年渐伐 Shelter-wood cutting	46.18±6.69b	2.30±0.36b	0.69±0.08ab	20.07±1.38a	4.01±0.52a	84.75±13.52b	4.77±0.13ab	0.26±0.03b
1987 年皆伐 Clear cutting	46.49±14.26b	2.74±0.42b	0.61±0.05ab	18.52±1.42ab	3.42±0.21a	78.22±8.36b	5.03±0.07a	0.31±0.03b
1987 年渐伐 Shelter-wood cutting	57.86±7.23b	2.35±0.24b	0.82±0.10a	19.85±0.77a	4.79±0.51a	80.44±11.49b	4.69±0.03b	0.34±0.02b

数值为平均值±标准误差,字母不同代表处理间差异显著 ($P < 0.05$); TC: 总碳 Total carbon; TN: 总氮 Total nitrogen; TP: 总磷 Total phosphorus; TK: 总钾 Total potassium; AP: 速效磷 Available phosphorus; AN: 速效氮 Available nitrogen SM: 含水量 Soil moisture

2.2 不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤微生物量碳氮的影响

兴安落叶松根际土壤微生物量碳含量变化如图 1 所示。恢复前期,皆伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量碳含量与对照样地没有显著差异。渐伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量碳含量显著低于皆伐样地和对

照样地。恢复后期,皆伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量碳含量显著降低,渐伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量碳含量已与未采伐对照样地无显著差异。

兴安落叶松根际土壤微生物量氮含量变化如图 1 所示。恢复前期,皆伐、渐伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量氮含量与对照样地没有显著差异。恢复后期,皆伐样地兴安落叶松根际土壤微生物量氮含量显著低于渐伐样地以及对照样地。渐伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤微生物量氮含量与对照样地没有显著差异。

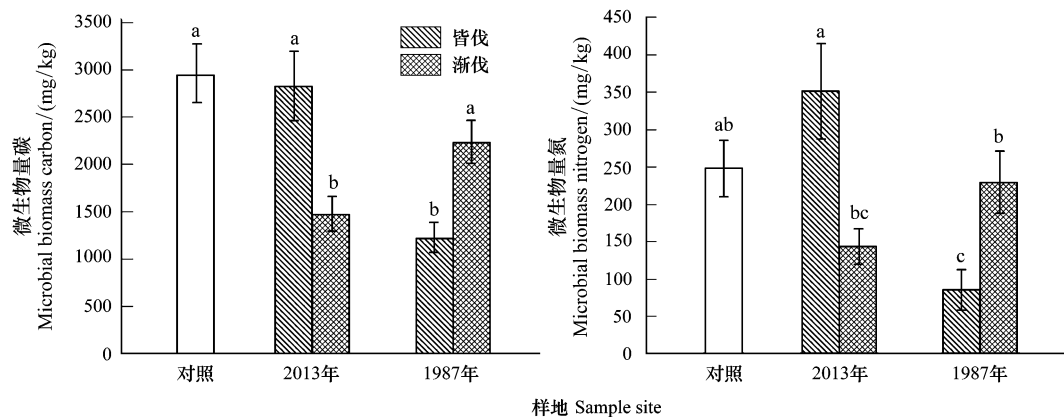


图 1 兴安落叶松根际土壤微生物量

Fig.1 Biomass of rhizosphere soil microorganisms of *Larix gmelinii*

字母不同代表处理间差异显著 ($P < 0.05$)

2.3 不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤微生物 PLFA 含量以及微生物群落结构的影响

兴安落叶松根际土壤微生物 PLFA 含量的变化如表 2 所示。皆伐样地的恢复前期,兴安落叶松根际土壤革兰氏阳、阴性细菌、真菌、细菌、放线菌、总 PLFA 含量与对照样地均无显著差异。皆伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤真菌 PLFA 含量显著降低,其余各微生物类群 PLFA 含量与对照样地没有显著差异。渐伐样地恢复前期与后期,各微生物类群 PLFA 含量与对照样地均不存在显著差异。

表 2 兴安落叶松根际土壤微生物类群磷脂脂肪酸含量

Table 2 Microbial group PLFA contents in rhizosphere soil of *Larix gmelinii*

微生物类群 Microbial group	磷脂脂肪酸含量 Phospholipid fatty acid content/(nmol/g)				
	2013 年			1987 年	
	对照 Control	皆伐 Clear cutting	渐伐 Shelter-wood cutting	皆伐 Clear cutting	渐伐 Shelter-wood cutting
革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria	13.39±2.99a	22.40±4.33a	16.67±3.69a	13.63±2.49a	12.98±1.70a
革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria	34.96±6.72ab	52.49±10.60a	38.89±8.40ab	27.97±5.77b	30.07±4.26ab
真菌 Fungi	26.71±7.48a	22.98±4.33ab	15.92±2.86ab	12.22±2.11b	14.82±3.06ab
细菌 Bacteria	50.03±9.55ab	74.90±14.75a	55.57±12.04ab	41.60±8.15b	43.05±5.90ab
放线菌 Actinomycetes	6.91±1.10a	9.89±1.80a	6.6±1.60a	6.68±1.20a	6.03±0.70a
总磷脂脂肪酸 Total PLFA	86.68±18.78a	111.78±21.11a	82.54±17.00a	62.20±11.30a	66.00±9.77a

数值为平均值±标准误差,字母不同代表处理间差异显著 ($P < 0.05$)

兴安落叶松根际土壤微生物群落结构的变化如图 2 所示。皆伐样地恢复前期,兴安落叶松根际土壤革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌 (GP/GN) 以及细菌/真菌 (Bacteria/Fungi) 与未采伐对照样地没有显著差异。皆

伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤 Bacteria/Fungi 显著高于未采伐对照样地(图 2)。渐伐样地恢复前期与后期,兴安落叶松根际土壤 GP/GN、Bacteria/Fungi 与未采伐对照样地均不存在显著差异。

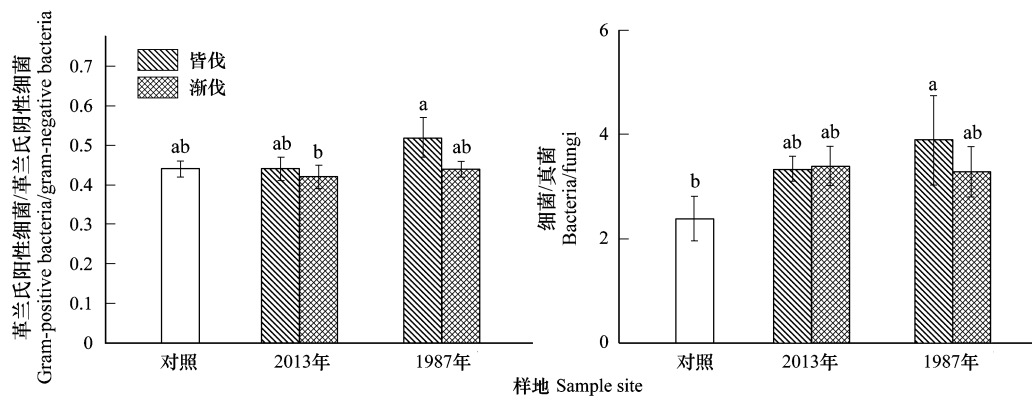


图 2 兴安落叶松根际土壤不同微生物类群脂肪酸比值

Fig.2 Ratios of phospholipid fatty acids in different microbial groups in rhizosphere soil of *Larix gmelinii*

字母不同代表处理间差异显著 ($P < 0.05$)

2.4 不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤微生物群落多样性指数与压力指数的影响

兴安落叶松根际土壤微生物群落的多样性指数与压力指数的变化如表 3 所示。皆伐样地恢复后期,兴安落叶松根际土壤微生物群落辛普森多样性指数显著低于对照样地。除此之外,不同主伐方式样地恢复前期与后期的压力指数、香农维纳多样性指数、辛普森多样性指数均与对照样地不存在显著差异。

表 3 兴安落叶松根际土壤微生物压力指数与多样性指数

Table 3 Soil microbial stress index and diversity index in rhizosphere soil of *Larix gmelinii*

样地 Sample site	对照 Control	2013 年		1987 年	
		皆伐 Clear cutting	渐伐 Shelter-wood cutting	皆伐 Clear cutting	渐伐 Shelter-wood cutting
压力指数 Stress level	0.47±0.04a	0.49±0.03a	0.48±0.06a	0.42±0.02a	0.43±0.01a
香农维纳多样性指数 Shannon	2.96±0.05a	2.93±0.09a	3.02±0.06a	2.83±0.18a	3.09±0.03a
辛普森多样性指数 Simpson	0.93±0.006a	0.92±0.01ab	0.93±0.008a	0.88±0.03b	0.94±0.001a

数值为平均值±标准误差,字母不同代表处理间差异显著 ($P < 0.05$)

2.5 兴安落叶松根际土壤理化性质与微生物群落的冗余分析(RDA)

为了进一步确定主伐后引起兴安落叶松根际土壤微生物群落中细菌、真菌相对含量发生显著变化的主要环境因子,首先计算土壤理化性质的方差膨胀因子。其中,总碳、总氮的方差膨胀因子均大于 20,具有较强的多重共线性,故将其去除。筛选环境因子后,选择 pH、含水量(SM)、总磷(TP)、总钾(TK)、速效磷(AP)、速效氮(AN)与细菌、真菌磷脂脂肪酸(PLFA)含量进行冗余分析。

分析结果如图 3 所示,两个排序轴对兴安落叶松根际土壤微生物群落中细菌、真菌相对含量变化的解释率达 33.88%,其中,第一第二约束轴分别解释了变化的 33.21%和 0.67%。

环境因子中,兴安落叶松根际土壤 pH 与真菌 PLFA 含量显著正相关($P < 0.05$),与细菌 PLFA 含量显著负相关($P < 0.05$)。速效氮(AN)与真菌 PLFA 含量显著负相关($P < 0.05$),与细菌 PLFA 含量显著正相关($P < 0.05$)。含水量(SM)、总磷(TP)、总钾(TK)、速效磷(AP)与细菌、真菌 PLFA 含量也具有一定的相关性,但并不显著($P > 0.05$)。可见,pH 与速效氮(AN)是引起兴安落叶松根际土壤微生物群落中细菌、真菌相对含量发生显著变化的最主要环境因子。

3 讨论

森林采伐是人类活动对森林生态系统的介入与干扰,必然会对森林生态系统产生影响^[21]。本文对皆伐与渐伐样地以及未采伐对照样地内兴安落叶松根际土壤的理化指标以及微生物指标进行测定,分析了不同主伐方式在恢复前期与恢复后期对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落的影响。研究表明,兴安落叶松根际土壤与非根际土壤的理化性质以及微生物群落对不同主伐方式的响应存在差异;不同主伐方式对兴安落叶松根际土壤的影响机制也有所不同,皆伐对兴安落叶松根际土壤的影响是长期且显著的,而渐伐对兴安落叶松根际土壤的影响则比较微弱,且持续时间较短;冗余分析结果表明,根际土壤 pH 和速效氮(AN)是主伐扰动后造成根际土壤微生物群落变化的环境因子。

相较于非根际土壤,皆伐对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落的影响主要体现在恢复后期。已有研究表明,森林皆伐初期非根际土壤的 pH、含水量、碳氮含量均发生了显著变化^[22-24],而本研究中皆伐恢复前期兴安落叶松根际土壤的 pH、含水量、碳氮含量与未采伐对照样地没有显著差异。这可能是由于皆伐恢复前期植被对雨水的截留以及蒸作用降低,所以根际土壤的 pH、含水量并没有发生显著变化;同时,由于皆伐后留下了大量采伐残留物,这些残留物以腐烂的形式为根际土壤补充了碳氮元素,使碳氮含量在皆伐后短期内不会显著降低^[25]。在皆伐恢复后期,兴安落叶松根际土壤的 pH、含水量、碳氮含量均发生了显著变化。这可能是由于皆伐样地根际土壤没有了植被的截流,且皆伐作业对土壤的压实作用使得土壤容重增加,孔隙减小,持水性能恶化,长期降水冲刷导致了酸性物质流失以及含水量的减少以及 pH 的显著升高;同时,随着恢复后期采伐残留物的减少,碳、氮输入量减少,分解和呼吸作用使根际土壤总碳含量减少,总氮含量减少则可能也与氮的长期淋溶流失有关^[26],皆伐后期兴安落叶松根际土壤微生物碳、氮含量均显著降低也与根际土壤碳氮含量的降低有关。

相较于非根际土壤,渐伐对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落的影响较为相似。已有研究表明在渐伐恢复前期非根际土壤理化性质均发生了显著变化^[27-31],本研究中渐伐样地恢复前期兴安落叶松根际土壤除 pH、总磷含量外均发生了显著变化,这说明在恢复初期渐伐对兴安落叶松根际与非根际土壤的影响具有一致性。渐伐样地在恢复前期与后期兴安落叶松根际土壤含水量均显著低于未采伐对照样地,这可能是由于在渐伐过程中减少了一部分林冠的截流且仍存在一部分植被的蒸腾作用^[32],导致恢复前期含水量即出现显著降低,且由于渐伐使土壤持水能力恶化,造成了长期的水土流失。水土流失的淋溶作用进一步造成了渐伐恢复前期与后期兴安落叶松根际土壤速效氮含量均显著小于未采伐对照样地。渐伐对兴安落叶松根际土壤理化性质的长期作用则表现在恢复后期总磷、总钾、速效磷含量均显著大于未采伐对照样地,在一定程度上改善了根际土壤养分条件,导致凋落物分解以及养分释放速率提高^[33],微生物可利用的底物充足^[34],促进了微生物生长和繁殖,根际土壤微生物量碳含量恢复到了采伐前的水平。

冗余分析结果表明,根际土壤 pH 与速效氮(AN)是影响真菌群落的主要环境因子,由于不同主伐方式下根际土壤 pH 与速效氮(AN)的变化显著程度不同,所以相应的微生物群落的变化特征也有所不同。不同主伐方式中,皆伐对兴安落叶松根际土壤理化性质的影响可能存在滞后效应。Liu 等^[35]在对中国南部马尾松林皆伐样地的研究中发现恢复初期非根际土壤真菌、放线菌以及微生物量氮的含量显著降低,本研究中皆伐恢复后期兴安落叶松根际土壤 pH 与速效氮均发生了显著改变,从而降低了微生物群落中真菌的含量,改变了

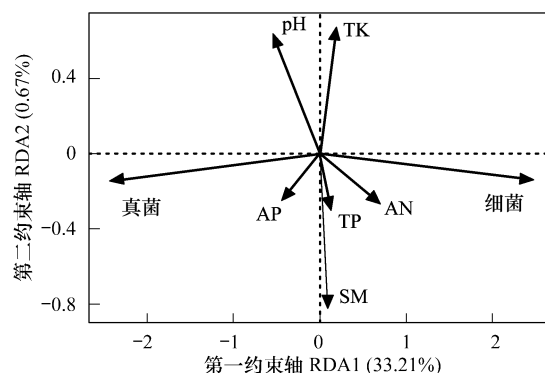


图3 根际土壤微生物群落结构与土壤理化指标的冗余分析

Fig. 3 Redundancy analysis for soil microbial community composition and soil physiochemical properties

SM: 含水量 Soil moisture; TP: 总磷 Total phosphorus; TK: 总钾 Total potassium; AP: 速效磷 Available phosphorus; AN: 速效氮 Available nitrogen

兴安落叶松根际土壤的微生物群落结构,细菌占据了更大的优势。这种优势的变化直至皆伐恢复后期根际土壤真菌含量才显著降低,这说明根际与非根际土壤微生物群落中真菌均比细菌更容易受到土壤理化性质的影响,且由于根际土壤理化性质对皆伐的响应存在一定的滞后效应,所以根际土壤微生物的变化也较非根际土壤相对滞后。邓大豪等^[36]在对非根际土壤理化性质与微生物的冗余分析中发现,单一种土壤理化性质的显著改变并不能对微生物群落结构产生显著影响,本研究中渐伐只造成了兴安落叶松根际土壤 pH 的改变,没有对根际土壤微生物群落造成显著影响,与其研究结果一致。

皆伐干扰也对根际土壤微生物群落的多样性产生了显著影响,在皆伐恢复后期,兴安落叶松根际土壤微生物群落的辛普森多样性指数显著低于对照样地,土壤微生物群落的多样性显著降低。压力指数是反映微生物群落中细菌受到的生理压力的大小^[19],本研究中不同样地兴安落叶松根际土壤的压力指数均不存在差异,这可能有以下两方面原因:一是皆伐样地恢复后期 pH 显著升高,土壤碳氮含量降低、土壤持水能力下降、土壤压实,细菌对改变后的土壤环境适应性要高于真菌^[37-38],二是由于皆伐恢复后期死亡的根系分解以及植物吸收减少,导致可利用底物含量较高^[39],使得生长速度较快的细菌占据优势^[39-42],所以其压力指数没有发生显著改变。

4 结论

综上所述,根际土壤的伐后理化性质以及微生物群落的变化特征与非根际土壤存在区别,且不同主伐方式在不同恢复时期会对兴安落叶松根际土壤理化性质以及微生物群落产生不同的影响:相较于非根际土壤,皆伐对根际土壤理化性质造成了长期且显著的影响,从而显著抑制了根际土壤微生物群落中真菌的生长(其中 pH、速效氮是主要影响因素),使细菌/真菌显著升高,改变了根际土壤微生物群落结构,降低了微生物群落的多样性,且这些影响可能由于皆伐后存在的大量枯枝落叶而存在滞后效应,在恢复后期才会显现。渐伐则有利于林区的可持续发展,对根际土壤各微生物类群 PLFA 含量、微生物群落结构以及多样性没有显著影响,并且根际土壤养分条件在一定程度上得到了改善。

参考文献 (References):

- [1] 陈娜,杨栋武,张莉丽,车启龙. 浅析森林采伐对森林土壤的影响. 甘肃科技, 2018, 34(19): 157-158.
- [2] Rab M A. Soil physical and hydrological properties following logging and slash burning in the *Eucalyptus regnans* forest of southeastern Australia. Forest Ecology and Management, 1996, 84(1/3): 159-176.
- [3] Zhou X N, Zhou Y, Zhou C J, Wu Z L, Zheng L F, Hu X S, Chen H X, Gan J B. Effects of cutting intensity on soil physical and chemical properties in a mixed natural forest in southeastern China. Forests, 2015, 6(12): 4495-4509.
- [4] 李文华. 东北天然林研究. 北京: 气象出版社, 2011.
- [5] 徐化成. 中国大兴安岭森林. 北京: 科学出版社, 1998: 41-43.
- [6] 刘美爽,董希斌,郭辉,蒙宽宏,范煜婷. 小兴安岭低质林采伐改造后土壤理化性质变化分析. 东北林业大学学报, 2010, 38(10): 36-40.
- [7] 谷会岩,金靖博,陈祥伟,王恩姮,周一杨,柴亚凡. 采伐干扰对大兴安岭北坡兴安落叶松林土壤化学性质的影响. 土壤通报, 2009, 40(2): 272-275.
- [8] Ai C, Liang G Q, Sun J W, Wang X B, He P, Zhou W, He X H. Reduced dependence of rhizosphere microbiome on plant-derived carbon in 32-year long-term inorganic and organic fertilized soils. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 80: 70-78.
- [9] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [10] 黄巧云,林启美,徐建明. 土壤生物化学. 北京: 高等教育出版社, 2015.
- [11] Frostegård A, Tunlid A, Bååth E. Phospholipid fatty acid composition, biomass, and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(11): 3605-3617.
- [12] 王冰冰,曲来叶,宋成军,宫溯波. 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.
- [13] Zelles L, Bai Q Y, Rackwitz R, Chadwick D, Beese F. Determination of phospholipid- and lipopolysaccharide-derived fatty acids as an estimate of microbial biomass and community structures in soils. Biology and Fertility of Soils, 1995, 19(2/3): 115-123.
- [14] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. Biology and Fertility of Soils, 1996, 22(1/2): 59-65.
- [15] Bååth E, Anderson T H. Comparison of soil fungal/bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA-based techniques. Soil Biology

- and Biochemistry, 2003, 35(7): 955-963.
- [16] Bach E M, Baer S G, Meyer C K, Six J. Soil texture affects soil microbial and structural recovery during grassland restoration. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(12): 2182-2191.
- [17] Landesman W J, Dighton J. Response of soil microbial communities and the production of plant-available nitrogen to a two-year rainfall manipulation in the New Jersey Pinelands. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(10): 1751-1758.
- [18] Dempsey M A, Fisk M C, Yavitt J B, Fahey T J, Balser T C. Exotic earthworms alter soil microbial community composition and function. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 67: 263-270.
- [19] Chen H, Zhao X R, Lin Q M, Li G T, Kong W D. Using a combination of PLFA and DNA-based sequencing analyses to detect shifts in the soil microbial community composition after a simulated spring precipitation in a semi-arid grassland in China. *Science of the Total Environment*, 2019, 657: 1237-1245.
- [20] Borcard D, Gillet F, Legendre P. 数量生态学: R 语言的应用. 赖江山, 译. 北京: 高等教育出版社, 2014.
- [21] 张正雄, 周新年, 陈玉凤, 高山, 林海明. 皆伐对不同坡度及结构的林分土壤理化性状的影响. *中国生态农业学报*, 2008, 16(3): 693-700.
- [22] Entry J A, Stark N M, Loewenstein H. Effect of timber harvesting on extractable nutrients in a northern Rocky Mountain forest soil. *Canadian Journal of Forest Research*, 1987, 17(7): 735-739.
- [23] Giardina C P, Rhoades C C. Clear cutting and burning affect nitrogen supply, phosphorus fractions and seedling growth in soils from a Wyoming lodgepole pine forest. *Forest Ecology and Management*, 2001, 140(1): 19-28.
- [24] Hynes H M, Germida J J. Impact of clear cutting on soil microbial communities and bioavailable nutrients in the LFH and Ae horizons of Boreal Plain forest soils. *Forest Ecology and Management*, 2013, 306: 88-95.
- [25] Frazer D W, McColl J G, Powers R F. Soil nitrogen mineralization in a clearcutting chronosequence in a northern California conifer forest. *Soil Science Society of America Journal*, 1990, 54(4): 1145-1152.
- [26] 胡小飞, 陈伏生, 葛刚. 森林采伐对林地表层土壤主要特征及其生态过程的影响. *土壤通报*, 2007, 38(6): 1213-1218.
- [27] 张洪, 宋启亮, 董希斌. 不同采伐强度改造对小兴安岭低质林土壤理化性质的影响. *东北林业大学学报*, 2011, 39(11): 22-24, 49-49.
- [28] 高明, 朱玉杰, 董希斌. 采伐强度对大兴安岭用材林土壤化学性质的影响. *东北林业大学学报*, 2013, 41(12): 39-41, 76-76.
- [29] 宋启亮, 董希斌, 李勇, 刘继明. 采伐干扰和火烧对大兴安岭森林土壤化学性质的影响. *森林工程*, 2010, 26(5): 4-7.
- [30] 曾翔亮, 董希斌. 采伐强度对大兴安岭用材林解冻初期土壤呼吸的影响. *东北林业大学学报*, 2014, 42(4): 65-69.
- [31] 黄超, 贺红士, 梁宇, 吴志伟. 气候变化、林火和采伐对大兴安岭森林碳储量的影响. *应用生态学报*, 2018, 29(7): 2088-2100.
- [32] Keenan R J, Kimmins J P. The ecological effects of clear-cutting. *Environmental Reviews*, 1993, 1(2): 121-144.
- [33] 李雪峰, 张岩, 牛丽君, 韩士杰. 长白山白桦(*Betula platyphlla*)纯林和白桦山杨(*Populus davidiana*)混交林凋落物的分解. *生态学报*, 2007, 27(5): 1782-1790.
- [34] 刘爽, 王传宽. 五种温带森林土壤微生物生物量碳氮的时空格局. *生态学报*, 2010, 30(12): 3135-3143.
- [35] Liu F M, Toda H, Haibara K. Effects of clear-cutting and burning on characteristics of nitrogen mineralization and microbes in the forest soil of a *Pinus massoniana* plantation in Southern China. *Ecological Research*, 2001, 16(3): 531-542.
- [36] 邓大豪, 邓涛, 周游, 汪军, 杨腊英, 郭立佳, 黄俊生. 不同品种香蕉种植地土壤微生物多样性及其对土壤理化性质的响应. *热带作物学报*, 2019, 40(9): 1858-1864.
- [37] Foote J A, Boutton T W, Scott D A. Soil C and N storage and microbial biomass in US southern pine forests; influence of forest management. *Forest Ecology and Management*, 2015, 355: 48-57.
- [38] Trap J, Laval K, Akpa-Vinceslas M, Gangneux C, Bureau F, Decaëns T, Aubert M. Humus macro-morphology and soil microbial community changes along a 130-yr-old *Fagus sylvatica* chronosequence. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(7): 1553-1562.
- [39] Guo D L, Mou P, Jones R H, Mitchell R J. Spatio-temporal patterns of soil available nutrients following experimental disturbance in a pine forest. *Oecologia*, 2004, 138(4): 613-621.
- [40] Kaiser C, Franklin O, Dieckmann U, Richter A. Microbial community dynamics alleviate stoichiometric constraints during litter decay. *Ecology Letters*, 2014, 17(6): 680-690.
- [41] Fierer N, Schimel J P, Holden P A. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(1): 167-176.
- [42] 安然, 龚吉蕊, 尤鑫, 葛之葳, 段庆伟, 晏欣. 不同龄级速生杨人工林土壤微生物数量与养分动态变化. *植物生态学报*, 2011, 35(4): 389-401.