

DOI: 10.5846/stxb202104130959

马进鹏, 庞丹波, 陈林, 万红云, 陈高路, 李学斌. 贺兰山东坡不同海拔典型植被带土壤微生物磷酸脂肪酸分析. 生态学报, 2022, 42(12): 5045-5058.

Ma J P, Pang D B, Chen L, Wan H Y, Chen G L, Li X B. Phospholipid fatty acid analysis of soil microbes in typical vegetation types at different elevation on the east slope of Helan Mountain. Acta Ecologica Sinica, 2022, 42(12): 5045-5058.

贺兰山东坡不同海拔典型植被带土壤微生物磷酸脂肪酸分析

马进鹏^{1,2,4}, 庞丹波^{1,2,4}, 陈林^{1,2,4}, 万红云^{1,2,4}, 陈高路^{1,2,3}, 李学斌^{1,2,4,*}

1 宁夏大学西北退化生态系统恢复与重建教育部重点实验室, 银川 750021

2 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 银川 750021

3 宁夏大学农学院, 银川 750021

4 宁夏大学生态环境学院, 银川 750021

摘要: 土壤微生物在维持干旱区森林生态系统功能稳定方面具有重要作用, 但有关干旱区微生物群落结构及多样性沿海拔分布规律研究较少, 采用磷酸脂肪酸 (PLFA) 法定量分析贺兰山自然保护区东坡不同海拔典型植被带 (荒漠草原 HM、蒙古扁桃 MG、油松林 YS、混交林 HJ、青海云杉林 QH) 土壤微生物群落结构特征及多样性。结果表明, 不同海拔植被带土壤中共检测出 59 种 PLFA 生物标记, YS 土壤中生物标记的含量明显高于其他植被类型, 5 个植被带共有且含量较高的 PLFA 生物标记为 16:0、18:1 ω 9c、18:1 ω 7c、10Me 16:0 和 18:2 ω 6c, 特征微生物的含量在不同植被带土壤中分布不同, 细菌分布数量最大, 其次是真菌、放线菌, 原生动物分布数量最小。聚类分析发现, 不同植被带土壤 PLFA 生物标记可分成不同的类群, 16:0、18:1 ω 9c 和 18:1 ω 7c 基本在每个植被带都会单独聚为一类。对不同植被带所共有的 PLFA 生物标记绘制热图, 发现不同的 PLFA 生物标记在不同植被带分布不同, YS 植被带 PLFA 生物标记分布最高。不同植被带土壤微生物群落多样性显示, HJ 土壤中微生物多样性指数大于其他植被类型, HM 土壤中微生物多样性指数最小, 说明土壤微生物多样性与植被多样性密切相关。主成分分析表明, 与土壤微生物群落相关的 2 个主成分解释量为 78.01% 和 8.80%, 对第 1 主成分起主要作用的微生物类群有非特异性细菌、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、真菌、放线菌和原生动物等, 对第 2 主成分起主要作用的微生物类群为厌氧细菌。土壤微生物与土壤因子相关性分析表明, 土壤有机碳 (SOC)、全氮 (TN) 与微生物类群及多样性指数正相关, pH、容重 (BD) 与微生物类群及多样性指数负相关, 海拔引起土壤因子的改变是影响土壤微生物群落结构及多样性的重要因素。研究表明 YS 土壤中微生物含量最大, HJ 土壤中微生物多样性最高, 与山地生态系统中中部区域生物多样性高的其他研究结果相吻合, 可为贺兰山自然保护区土壤微生物的研究及保护区的管理提供科学依据。

关键词: 磷酸脂肪酸; 土壤微生物; 群落结构; 海拔; 植被带; 贺兰山

Phospholipid fatty acid analysis of soil microbes in typical vegetation types at different elevation on the east slope of Helan Mountain

MA Jinpeng^{1,2,4}, PANG Danbo^{1,2,4}, CHEN Lin^{1,2,4}, WAN Hongyun^{1,2,4}, CHEN Gaolu^{1,2,3}, LI Xuebin^{1,2,4,*}

1 Breeding Base for State Key Laboratory of Land Degradation and Ecological Restoration in Northwest China, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

2 Key Laboratory for Restoration and Reconstruction of Degraded Ecosystem in Northwest China of Ministry of Education, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

3 School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

基金项目: 宁夏自然科学基金项目 (2020AAC03102); 宁夏重点研发计划项目 (2018BFG02015, 2021BGF02005); 国家自然科学基金项目 (31960359)

收稿日期: 2021-04-13; 网络出版日期: 2022-02-11

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lixuebin@nxu.edu.cn

4 College of Ecological Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

Abstract: Soil microorganisms play an important role for maintaining the functional stability of forest ecosystem in arid areas. However, distribution of soil microbial community structure and diversity along an elevation gradient remains poorly understood, especially in the arid areas. In this study, the phospholipid fatty acid analysis (PLFA) was used to examine variations in soil microbial community diversity along an elevational eastern slope in the Helan Mountain (*Desert Steppe* (HM), *Amygdalus mongolica* (*Maxim*) *Ricker* (MG), *Pinus tabulaeformis* forest (YS), *Mixed* forest (HJ), *Picea crassifolia* Kom forest (QH)). The results showed that, there existed 59 PLFAs which were significantly different in the soil samples from different vegetation types. The YS soil exhibited richer PLFAs distribution amount than the other vegetation types. The PLFAs biomarkers of five vegetation types with the highest contents were 16:0, 18:1 ω 9c, 18:1 ω 7c, 10Me 16:0 and 18:2 ω 6c, respectively. The amount of characteristic microorganisms was different in soil of different vegetation types, the bacteria had the richest distribution, followed by fungi, actinomycetes and protozoa. Cluster analysis showed that soil PLFAs could be divided into different groups in different vegetation types, 16:0, 18:1 ω 9c and 18:1 ω 7c could be divided into one group in different vegetation types. The heat map of the common PLFAs in different vegetation types was drawn. It was found that the distribution of different PLFAs was different in different vegetation types, and the distribution of PLFAs in YS vegetation was the highest. The diversity of soil microbial communities in different vegetation types showed that the microbial diversity index in HJ was higher than the other vegetation types, and the HM was the lowest, indicating that soil microbial diversity was closely related to vegetation diversity. Component analysis (PCA) identified 2 principal component factors in relation to microbial community diversity, explaining 78.01% and 8.80% of the variation, respectively. The microorganisms, which play a major role on first principal component, are nonspecific bacteria; Gram-positive bacteria and Gram-negative bacteria, fungi, actinomycetes and protozoa, which play a major role on second principal component, are anaerobic bacteria. Correlation analysis between soil microorganisms and soil factors showed that soil organic carbon (SOC) and total nitrogen (TN) were positively correlated with soil microbial groups and diversity index, while pH and bulk density (BD) were negatively correlated with microbial groups and diversity index. The change of soil factors caused by altitude was an important factor affecting soil microbial community structure and diversity. The results show that YS soil has the highest microbial content, and HJ soil has the highest microbial diversity, which accords with the theory of high biodiversity in the central region of mountain ecosystem, and can provide scientific basis for the study of soil microorganisms and the management of Helan Mountain Nature Reserve.

Key Words: phospholipid fatty acid analysis; soil microorganism; community structure; altitude; vegetation type; Helan Mountain

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成成分,在土壤形成、发育和土壤养分转化等方面发挥重要作用^[1],此外,土壤微生物也被认为是评价土壤质量的重要指标^[2]。森林生态系统作为陆地生态系统的重要组成部分,其功能很大程度上依赖于植物与土壤生物之间的相互关系,其中土壤微生物的数量多、生物量大、多样性高^[3],在陆地生态系统的生物地球化学循环中具有不可替代的作用^[4]。植物-微生物相互作用是土壤养分循环、能量流动等生态系统过程的重要驱动力,植物群落特征及多样性对土壤微生物群落组成存在很大影响^[5]。

在山地森林生态系统中,海拔变化很大程度上改变了土壤微环境,是影响土壤微生物组成和多样性的重要因素^[6],近年来受到越来越多的学者关注。王颖等^[7]研究青藏高原高寒草甸海拔 4300—5100m 土壤微生物群落结构,发现在中部海拔地区(4800m)土壤微生物多样性及微生物活性最高,表明土壤微生物多样性是多因素综合结果。孟苗婧等^[8]采用 PLFA 法研究海拔的变化对凤阳山土壤微生物群落的影响,发现海拔变化引起土壤性质的改变,对土壤微生物相对丰度影响程度不同。进一步说明,不同的微生物类群在不同的海拔

适应程度不同。冯晓川等^[9]利用高通量测序技术分析庐山国家级自然保护区森林土壤细菌群落特征,发现细菌群落多样性沿海拔并未表现出差异。可见在不同研究区域土壤微生物特征有较大差异,一定区域土壤微生物的研究能很好的揭示该区域生态系统功能的稳定性。早期刘秉儒等^[10-11]利用 Biolog 微平板法和磷酸脂肪酸甲酯法系统的研究了贺兰山不同海拔植被带微生物群落特征及分布规律,而对贺兰山自然保护区局部区域土壤微生物群落的定量分析研究较少。土壤微生物群落功能及多样性在维持生态系统功能和稳定、土壤质量检测、植被恢复等方面起着重要作用^[12],由此可见,研究贺兰山自然保护区东坡土壤微生物群落特征及多样性具有十分重要的科学意义。

贺兰山是我国西北地区的一道生态屏障^[13],是我国重要的气候和植被过渡带,山地植物群落垂直分异明显^[14],随着海拔升高,依次有荒漠化草原、山地疏林草原、山地针叶林和亚高山灌丛草甸或高山草地等植被类型^[10]。贺兰山自然保护区东坡植被面积差异较大、优势度高、植被景观连通性好^[15]。本研究选取海拔 1300—2500m 之间 5 个典型植被带,采用 PLFA 法测定土壤微生物群落组成及多样性,旨在为贺兰山自然保护区东坡的管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

贺兰山位于阿拉善高原和银川平原之间(地处北纬 38°27′—39°30′,东经 105°41′—106°41′之间),山体孤立,主峰海拔 3556m。由于地处典型大陆性气候范围,具有明显山地气候特征,年均气温 -0.8℃,年均降水量 420mm,年均蒸发量 2000mm,降水量具有明显垂直分异现象,平均每上升 100m,降水量增加 13.2mm,降水量主要集中在 6—8 月份,占全年降水量的 60%—80%。贺兰山东坡植被有明显垂直分布规律,从上至下依次为高山草甸、山地针叶林、山地疏林草原和荒漠化草原^[16-17]。

1.2 样品采集

于 2020 年 7 月中旬在贺兰山东坡海拔 1300—2500m 之间,沿海拔选取以短花针茅为建群种的荒漠草原(HM),以蒙古扁桃为建群种的山地旱生灌丛(MG),以油松为建群种的温性针叶林(YS),以油松、杜松、山杨为优势种的针阔混交林(HJ),以青海云杉为建群种的寒温针叶林(QH)等 5 种典型植被带,每个植被带内选取海拔 1380、1650、2139、2249、2438m,按等高线设置 3 个取样点(样地基本情况见参考文献^[18]),每个取样点去除地表枯落物和腐殖质或剥离表土后用直径 4cm 的土壤取样器按五点取样法取 0—10cm 土壤样品 5 个,混合后作为该样点土壤样品并用自封袋密封后装入冰盒带回实验室。去除土壤样品中的植物根系和石块,过 2mm 筛后分成 2 份,1 份放入 -80℃ 冰箱进行土壤微生物测定,另 1 份自然风干进行土壤理化性质测定。

1.3 测定方法

1.3.1 土壤理化性质测定

采用 pH 计测定土壤 pH;采用烘干法测定土壤容重(BD);采用环刀法测定土壤含水量(WC);采用重铬酸钾外加热法测定土壤有机碳(SOC);采用凯氏定氮法测定土壤全氮(TN);采用 HClO₄-浓 H₂SO₄外加热消煮法、分光光度法测定土壤全磷(TP)^[19]。

1.3.2 土壤微生物群落结构测定

采用磷酸脂肪酸(PLFA)法^[20]测定土壤微生物群落组成,用修正的 Bligh-Dyer 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醇化,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)^[21],含量用 nmol/g 表示。

1.3.3 磷酸脂肪酸的命名

脂肪酸链长以碳原子总数计算,从羧基开始,冒号后数字代表双键数目, ω 后数字代表双键的位置(从羧基端算起)。c 表示顺式双键,t 表示反式双键,i 表示顺式支链,a 表示反式支链,br 表示不确定支链位置,Me

表示甲基位置, cy 表示环丙基。由于不同菌群的 PLFA 特征图谱不同, 在高度专一性基础上具有多样性, 因此可以作为微生物群落中不同群体的标记物^[22]。磷脂的不同可以说明土壤样品中微生物群落结构的不同, 进一步对微生物进行识别和定量描述, 为进一步研究提供信息。脂肪酸 12:0, 13:0, 14:0, 15:0, 16:0, 22:0, 24:0 等表示细菌; i13:0, a13:0, i14:0, a14:0, i15:0, a15:0, i17:1 ω 9c, i15:1 ω 6c 等表示革兰氏阳性细菌 (G^+); 14:1 ω 5c, 16:1 ω 7cDMA, 17:1 ω 8c, 17:0cyclo ω 7c, 19:0cyclo ω 7c, 10:0 2OH, 16:0 2OH 等表示革兰氏阴性细菌 (G^-); 18:1 ω 9c, 21:0, 23:0, 18:2 ω 6c 等表示真菌; 10Me 17:0, 10Me 18:1 ω 7c, 10Me 19:1 ω 7c, 10Me 17:1 ω 7c, 10Me 18:0 等表示放线菌; 20:4 ω 6c, 20:3 ω 6c, 20:5 ω 3c, 19:3 ω 6c 等表示原生动物的^[23-29]。

1.4 数据处理

用 Excel 进行数据处理, 用 SPSS 进行方差分析 (ANOVA) ($P < 0.05$) (选择最小差异性显著 (LSD) 检验), 用 Origin 2018 进行聚类分析 (cluster analysis) (选择欧氏距离-最小距离法系统聚类)、相关性分析和绘制热图, 用 Canoco5 进行主成分分析 (PCA)。

微生物多样性分析采用 Shannon-Wiener (H)、Brillouin 多样性指数 (B) 和 Pielou 均匀度指数 (J)、Simpson 优势度指数 (D)、Mcintosh 多样性指数 (M) 等方法。

(1) Shannon-Wiener 多样性指数 (H), 计算公式为:

$$H = - \sum P_i \ln P_i \quad (1)$$

式中, $P_i = N_i/N$, N_i 为处理 i 的特征脂肪酸个数, N 为实验中总特征脂肪酸个数。

(2) Brillouin 多样性指数 (B), 计算公式为:

$$B = N^{-1} \lg \frac{N!}{n_1! n_2! \cdots n_i!} \quad (2)$$

式中, n_1 为第 1 个 PLFAs 生物标记的个体数量, n_2 为第 2 个 PLFAs 生物标记的个体数量, n_i 为第 i 个 PLFAs 生物标记的个体数量, N 为所有处理中 PLFAs 生物标记出现的个体总和。

(3) Pielou 均匀度指数 (J), 计算公式为:

$$J = - \sum P_i \ln P_i / \ln S \quad (3)$$

式中, S 为群落中 PLFA 总数。

(4) Simpson 优势度指数 (D), 计算公式为:

$$D = 1 - \sum P_i^2 \quad (4)$$

式中, P_i 为 i 种特征 PLFA 占该试验中总的特征脂肪酸个数比例。

(5) McIntosh 多样性指数 (M), 计算公式为:

$$M = \frac{N - \sqrt{\sum N_i^2}}{N - \sqrt{N}} \quad (5)$$

式中, N 为特征 PLFA 总数。

2 结果分析

2.1 不同海拔植被带土壤基本性质的比较

分析不同海拔土壤因子 (图 1), 可以得出土壤有机碳 (SOC)、土壤全氮 (TN)、土壤全磷 (TP)、pH、土壤容重 (BD)、土壤含水量 (WC) 在不同海拔植被带之间差异性显著 ($P < 0.001$), 其中 SOC、TN、WC 均随海拔升高而增大, pH、BD 随海拔升高而降低。

2.2 不同海拔植被带土壤微生物 PLFA 含量比较

从不同海拔植被带土壤中共检测到 59 种 PLFA 生物标记 (表 1)。其中 HM 土壤中 PLFA 生物标记有 50 种, 总含量为 (57.99 ± 5.31) nmol/g, MG 土壤中 PLFA 生物标记有 56 种, 总含量为 (84.58 ± 28.73) nmol/g, YS 土

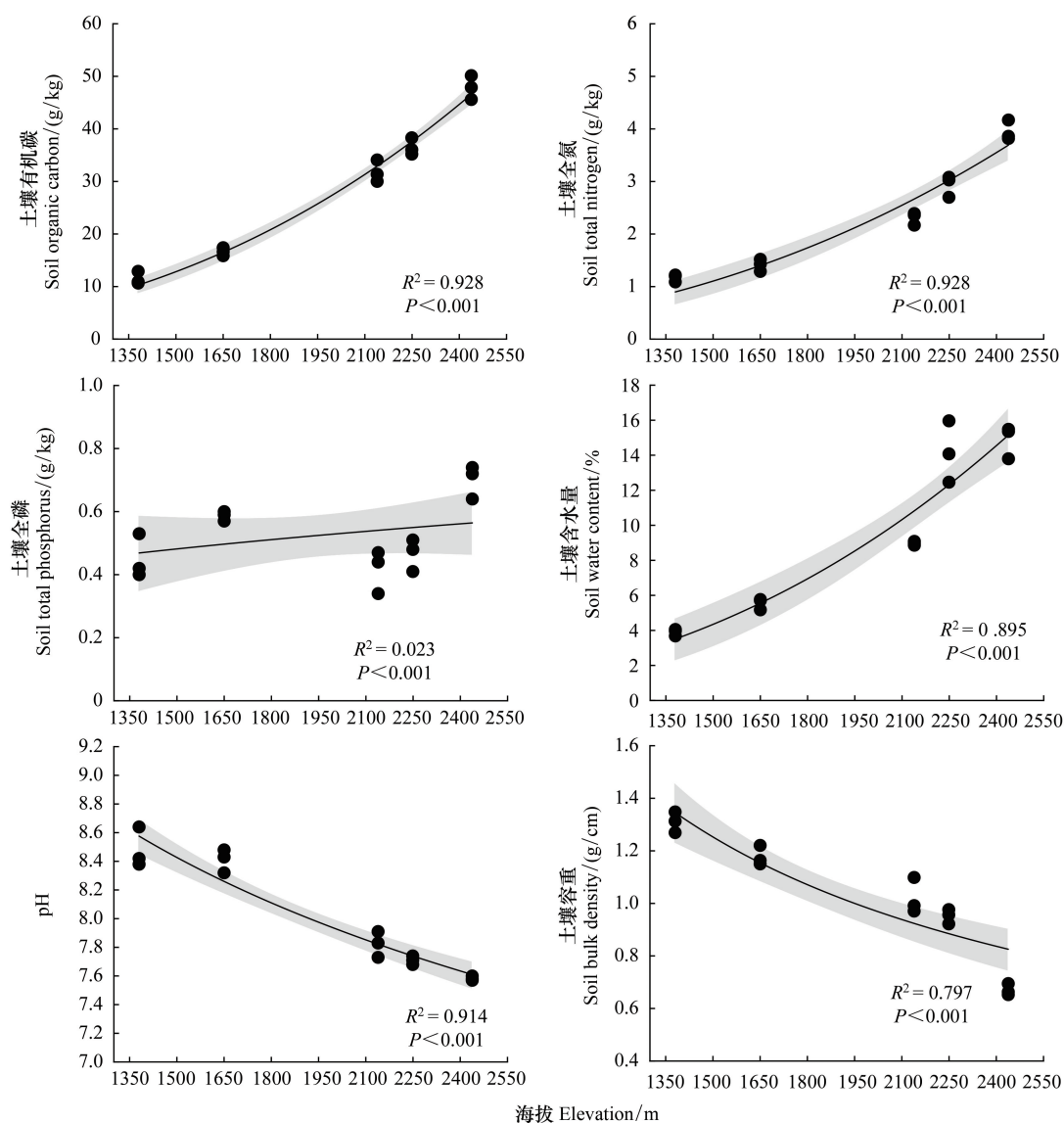


图1 不同海拔植被带土壤理化性质

Fig.1 Physical and chemical properties of soil in typical vegetation types at different altitudes

壤中 PLFA 生物标记有 55 种,总含量为 (96.64 ± 16.78) nmol/g, HJ 土壤中 PLFA 生物标记有 54 种,总含量为 (83.97 ± 38.52) nmol/g, QH 土壤中 PLFA 生物标记有 57 种,总量为 (86.02 ± 21.75) nmol/g。不同海拔植被带土壤微生物的 PLFA 种类差别不大,而不同类型微生物的 PLFA 含量有明显差异,YS 土壤中 PLFA 生物标记总含量最高,QH 土壤中 PLFA 生物标记种类最多,每种类型土壤中均有不同的生物标记,代表着不同类型的微生物。在 5 种植被带土壤中完全分布的 PLFA 生物标记有 49 种,而有些 PLFA 生物标记只在某种植被带土壤中有分布,属于不完全分布,此类 PLFA 生物标记有 10 种,如生物标记 13:0, 21:0, 10Me 19:1 ω 7c 仅在 HM 土壤中未出现,i19:0 仅出现在 MG 和 QH 土壤中,15:1 ω 6c 仅出现在 YS 和 HJ 土壤中,17:0 DMA 仅出现在 QH 土壤中,10:0 2OH, 16:0 2OH 仅在 HM 和 HJ 土壤中未出现,10:0 3OH 仅出现在 HJ 和 QH 土壤中,18:2 DMA 仅出现在 HM 和 MG 土壤中。

5 种植被带土壤微生物中 PLFA 生物标记含量较高的是 16:0, 18:0(细菌), i15:0, i16:0, a15:0, a17:0, a11:0, a12:0, i17:1 ω 9c (G^+), 16:1 ω 5c(丛枝菌根真菌), 17:0cyclo ω 7c, 19:0cyclo ω 7c, 16:1 ω 7c (G^-), 18:1 ω 9c(真菌), 18:1 ω 7c(甲烷氧化菌), 10Me 16:0(脱硫杆菌/放线菌), 18:2 ω 6c(腐生真菌), 10Me 18:0

(放线菌),在土壤 PLFA 生物标记总量中占有一定优势,所占百分比依次为 80.29%,78.27%,75.40%,79.17%,78.61%,说明其在土壤中起主要作用。由此可见在不同的海拔植被带土壤中微生物的种类和含量存在差异,表明不同的土壤环境中微生物起着不同的作用。

表 1 不同海拔植被带土壤微生物的 PLFA 类型及含量/(nmol/g)

Table 1 Types and contents of PLFA in soils with different vegetation

序号 No.	标记 Biomarkers	微生物类型 Microbial group	不同植被带 Different vegetation types				
			HM	MG	YS	HJ	QH
1	12:0	细菌	0.13±0.02b	0.29±0.04ab	0.34±0.02a	0.27±0.13ab	0.27±0.09ab
2	13:0	细菌	—	0.09±0.01a	0.14±0.04a	0.11±0.05a	0.11±0.05a
3	14:0	细菌	0.47±0.06b	0.89±0.01ab	1.23±0.21a	0.81±0.38ab	0.90±0.17ab
4	15:0	细菌	0.22±0.02b	0.37±0.15ab	0.54±0.10a	0.44±0.20ab	0.47±0.10ab
5	16:0	细菌	4.93±0.63a	8.13±3.04a	8.04±1.40a	7.07±3.34a	7.88±2.31a
6	17:0	细菌	0.25±0.04a	0.41±0.15a	0.38±0.07a	0.33±0.16a	0.36±0.09a
7	18:0	细菌	1.76±0.05a	2.58±0.75a	2.20±0.20a	1.88±0.93a	2.04±0.52a
8	20:0	细菌	0.27±0.03b	0.50±0.17ab	0.60±0.09a	0.46±0.16ab	0.46±0.14ab
9	22:0	细菌	0.14±0.03b	0.45±0.02ab	0.56±0.09a	0.52±0.26a	0.50±0.12a
10	24:0	细菌	0.14±0.02b	0.36±0.12ab	0.36±0.06ab	0.41±0.16a	0.44±0.12a
11	i13:0	革兰氏阳性细菌	0.10±0.02b	0.21±0.01ab	0.27±0.02a	0.23±0.09a	0.24±0.07a
12	a13:0	革兰氏阳性细菌	0.87±0.12a	0.96±0.12a	0.99±0.07a	0.84±0.27a	1.12±0.17a
13	i14:0	革兰氏阳性细菌	0.23±0.03b	0.42±0.12ab	0.61±0.09a	0.58±0.23a	0.62±0.10a
14	a14:0	革兰氏阳性细菌	0.56±0.07a	0.63±0.04a	0.57±0.04a	0.51±0.13a	0.70±0.12a
15	i15:0	革兰氏阳性细菌	1.74±0.19a	2.95±1.25a	3.13±0.56a	2.80±1.30a	2.85±0.76a
16	a15:0	革兰氏阳性细菌	1.20±0.08b	2.07±0.75ab	3.04±0.58a	2.68±1.20ab	2.61±0.57ab
17	i16:0	革兰氏阳性细菌	1.51±0.18a	2.13±0.80a	2.02±0.39a	1.77±0.75a	2.01±0.53a
18	a16:0	革兰氏阳性细菌	0.30±0.01a	0.35±0.05a	0.35±0.01a	0.32±0.08a	0.40±0.04a
19	i17:0	革兰氏阳性细菌	0.79±0.11a	1.07±0.38a	0.91±0.15a	1.81±0.37a	0.83±0.21a
20	a17:0	革兰氏阳性细菌	1.06±0.13a	1.38±0.47a	1.24±0.18a	1.14±0.48a	1.26±0.27a
21	i18:0	革兰氏阳性细菌	0.54±0.05a	0.81±0.26a	0.99±0.11a	0.85±0.44a	1.15
22	i19:0	革兰氏阳性细菌	—	0.03	—	—	0.04
23	a11:0	革兰氏阳性细菌	1.26±0.45a	1.45±0.31a	1.46±0.12a	1.10±0.56a	1.48±0.10a
24	a12:0	革兰氏阳性细菌	1.55±0.39a	1.52±0.25a	1.72±0.15a	1.39±0.55a	1.80±0.28a
25	i17:1ω9c	革兰氏阳性细菌	2.62±0.17a	2.51±0.33a	2.56±0.26a	1.99±0.68a	2.60±0.28a
26	i15:1ω6c	革兰氏阳性细菌	0.32±0.01a	0.58±0.24a	0.79±0.17a	0.70±0.31a	0.61±0.10a
27	14:1ω5c	假单胞杆菌	0.05	0.11	0.10	0.11±0.02	0.14±0.05
28	15:1ω6c	好氧细菌	—	—	0.56±0.17	0.38	—
29	16:1ω5c	丛枝菌根真菌	1.24±0.19a	2.21±0.91a	2.33±0.44a	2.08±0.99a	1.71±0.47a
30	16:1ω7c DMA	革兰氏阴性细菌	0.24±0.02a	0.28±0.11a	0.26±0.02a	0.18±0.09a	0.18±0.03a
31	17:1ω8c	革兰氏阴性细菌	0.67±0.11a	1.25±0.49a	1.46±0.40a	1.26±0.60a	1.05±0.26a
32	17:0cyclo ω7c	革兰氏阴性细菌	1.48±0.22a	1.22±0.46a	1.78±0.34a	1.40±0.67a	1.33±0.39a
33	19:0cyclo ω7c	革兰氏阴性细菌	1.18±0.15a	1.80±0.57a	2.91±0.48a	2.82±1.22a	2.81±0.88a
34	22:1ω9c	革兰氏阴性细菌	0.07±0.01b	0.11±0.01ab	0.14±0.02a	0.12±0.03ab	0.12±0.02ab
35	10:02OH	革兰氏阴性细菌	—	0.07	0.09	—	0.13
36	16:02OH	革兰氏阴性细菌	—	0.09	0.10	—	0.07
37	18:1ω9c	真菌	4.24±0.70a	5.95±2.25a	7.11±1.46a	5.81±2.72a	5.85±1.89a
38	20:1ω9c	革兰氏阴性细菌	0.41±0.05a	0.60±0.21a	0.55	0.51±0.24a	0.60±0.23a
39	16:1ω7c	革兰氏阴性细菌	2.74±0.40a	4.46±1.77a	6.86±1.62a	6.19±2.98a	6.14±1.82a
40	10:03OH	革兰氏阴性细菌	—	—	—	0.27	0.21±0.11
41	17:0 DMA	革兰氏阴性细菌	—	—	—	—	0.08

续表

序号 No.	标记 Biomarkers	微生物类型 Microbial group	不同植被带 Different vegetation types				
			HM	MG	YS	HJ	QH
42	18:1 ω 7c	甲烷氧化菌	4.36 $\pm$ 0.70a	7.97 $\pm$ 3.08a	9.85 $\pm$ 1.90a	8.07 $\pm$ 3.91a	7.66 $\pm$ 2.58a
43	18:1 ω 6c	甲烷氧化菌	0.09 $\pm$ 0.01a	0.12 $\pm$ 0.03a	4.47	0.09 $\pm$ 0.04a	0.16
44	18:1 ω 5c	甲烷氧化菌	0.57 $\pm$ 0.08a	0.88 $\pm$ 0.42a	0.85 $\pm$ 0.13a	0.74 $\pm$ 0.37a	0.56 $\pm$ 0.14a
45	16:2 DMA	厌氧细菌	0.10	0.08 $\pm$ 0.01a	0.08 $\pm$ 0.01a	0.09 $\pm$ 0.01a	0.09 $\pm$ 0.03a
46	18:2 DMA	厌氧细菌	0.11	0.09	—	—	—
47	10Me 16:0	脱硫杆菌	3.50 $\pm$ 0.56a	4.44 $\pm$ 1.67a	4.82 $\pm$ 1.01a	4.91 $\pm$ 2.42a	4.43 $\pm$ 1.37a
48	21:0	真菌	—	0.15	0.15	0.12 $\pm$ 0.01	0.11 $\pm$ 0.02
49	23:0	真菌	0.07	0.15 $\pm$ 0.06b	0.17 $\pm$ 0.02ab	0.20 $\pm$ 0.06ab	0.27 $\pm$ 0.04a
50	18:2 ω 6c	腐生真菌	1.50 $\pm$ 0.32b	2.80 $\pm$ 1.11ab	4.87 $\pm$ 1.11a	3.23 $\pm$ 1.62ab	3.80 $\pm$ 1.36ab
51	10Me 17:0	放线菌	0.32 $\pm$ 0.05a	0.49 $\pm$ 0.18a	0.55 $\pm$ 0.15a	0.59 $\pm$ 0.27a	0.63 $\pm$ 0.19a
52	10Me 18:1 ω 7c	放线菌	0.17 $\pm$ 0.03a	0.30 $\pm$ 0.12a	0.50 $\pm$ 0.09a	0.47 $\pm$ 0.22a	0.50 $\pm$ 0.17a
53	10Me 19:1 ω 7c	放线菌	—	0.26 $\pm$ 0.10a	0.14 $\pm$ 0.01ab	0.16 $\pm$ 0.06ab	0.12 $\pm$ 0.04b
54	10Me 17:1 ω 7c	放线菌	0.57 $\pm$ 0.09a	0.61 $\pm$ 0.22a	0.54 $\pm$ 0.12a	0.47 $\pm$ 0.21a	0.64 $\pm$ 0.19a
55	10Me 18:0	放线菌	1.66 $\pm$ 0.23a	1.24 $\pm$ 0.51a	1.23 $\pm$ 0.26a	1.10 $\pm$ 0.46a	1.34 $\pm$ 0.37a
56	20:4 ω 6c	原生动物	0.18 $\pm$ 0.03b	0.50 $\pm$ 0.19ab	0.41 $\pm$ 0.04a	0.33 $\pm$ 0.15ab	0.38 $\pm$ 0.10ab
57	20:3 ω 6c	原生动物	0.06 $\pm$ 0.01b	0.20 $\pm$ 0.08a	0.15 $\pm$ 0.01ab	0.09 $\pm$ 0.06ab	0.14 $\pm$ 0.06ab
58	20:5 ω 3c	原生动物	0.45 $\pm$ 0.27a	0.68 $\pm$ 0.21a	0.70 $\pm$ 0.07a	0.50 $\pm$ 0.31a	0.56 $\pm$ 0.05a
59	19:3 ω 6c	原生动物	0.23 $\pm$ 0.01a	0.34 $\pm$ 0.12a	0.30 $\pm$ 0.05a	0.24 $\pm$ 0.08a	0.31 $\pm$ 0.06a

同行不同字母表示不同植被带间差异显著 ($P<0.05$) ; HM: 荒漠草原 Desert steppe; MG: 蒙古扁桃 Amygdalus mongolica (maxim) ricker; YS: 油松林 Pinus tabulaeformis forest; HJ: 混交林 Mixed forest; QH: 青海云杉林 Picea crassifolia Kom forest; PLFA: 磷酸脂肪酸 Phospholipid fatty acid analysis

2.3 不同海拔植被带土壤特征微生物类群 PLFA 含量比较

不同海拔植被带土壤特征微生物 PLFA 含量存在差异,总含量及其相互之间比值(图 2)。可见土壤微生物中细菌的种类最多且含量最高,其次是真菌和放线菌,而原生动物的含量相对较少。细菌、真菌之间,革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌之间 PLFA 含量有明显差异,相互之间比值较大。YS 土壤中真菌、细菌、原生动物、放线菌 PLFA 含量最多,而 HM 土壤中含量最低,革兰氏阳性细菌 PLFA 含量表现为 $YS>MG>QH>HJ>HM$,革兰氏阴性细菌表现为 $YS>HJ>QH>MG>HM$ 。真菌/细菌表现为 $YS>HJ>QH>MG>HM$,革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌表现为 $HM>MG>QH>YS>HJ$ 。

2.4 不同海拔植被带土壤微生物群落结构比较

以不同海拔植被带土壤中 PLFA 标记的生物量为指标构建矩阵,以欧式距离为尺度,用最小距离法进行系统聚类分析(图 3)。不同植被带的土壤 PLFA 生物标记可分成不同的类群。如表征甲烷氧化菌的 18:1 ω 7c 和 18:1 ω 6c,表征非特异性细菌的 16:0,表征脱硫杆菌的 10Me 16:0,表征革兰氏阴性细菌的 16:1 ω 7c,表征真菌的 18:1 ω 9c 和腐生真菌的 18:2 ω 6c,其特征表现为完全分布且含量高,其余的生物标记则表现为分布不完全且含量低。可以看出在不同的海拔植被带下有的微生物类群组成和含量并不会随环境变化而发生变化,而有的微生物类群可能更适合在某种特定的环境条件下生存。

选取不同海拔植被带共有的 PLFA 生物标记含量绘制热图(图 4),由图可知不同的 PLFA 生物标记在不同的海拔植被带分布不同,有的 PLFA 生物标记在某一植被带的含量明显高于其他植被带,可见其表征的微生物在该区域有着更好的生境条件,整体可以看出在 YS 土壤中 PLFA 生物标记含量要高于其他植被带。

2.5 不同海拔植被带土壤微生物群落多样性指数

不同海拔植被带土壤微生物群落多样性指数(表 2),在 Shannon-Wiener 多样性指数上 HJ 要高于其海拔植被带,在 Brillouin 多样性指数上 QH 和 HJ 要高于其他海拔植被带,从均匀度指数看 HJ 要高于其他海拔植被带,在 Simpson 多样性指数上 HJ 要高于其他海拔,在 McIntosh 多样性指数上 HJ 高于其他海拔植被带。

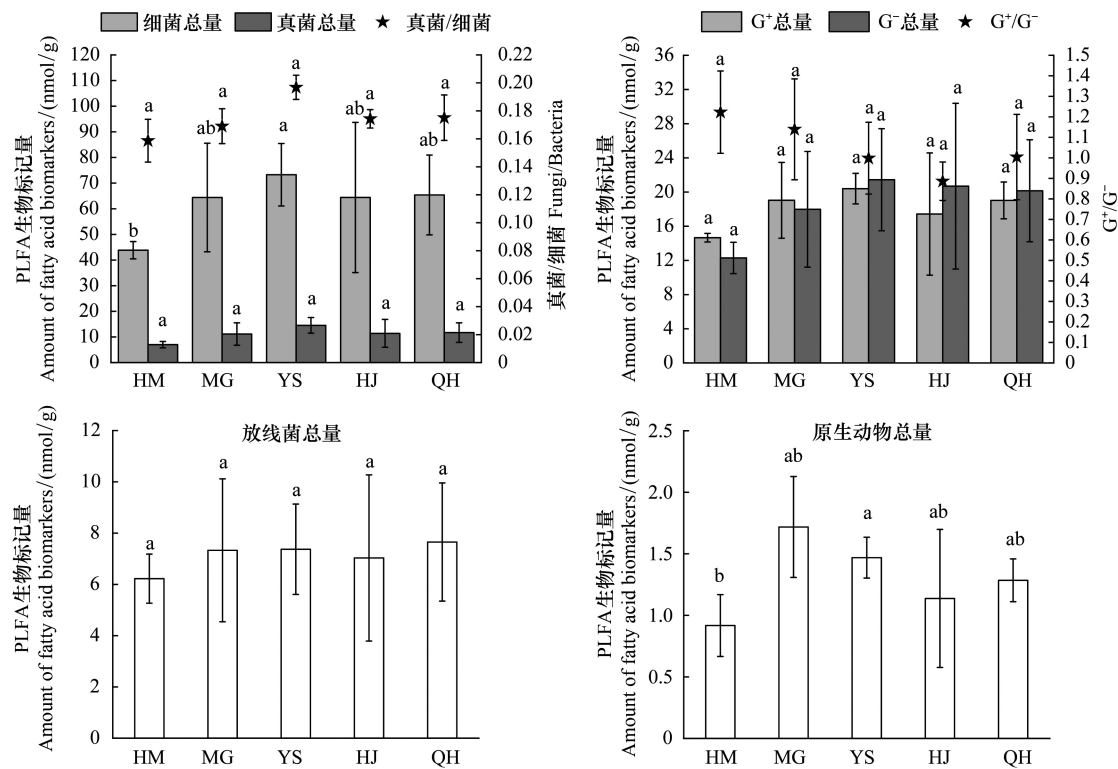


图2 不同海拔植被带土壤中的特征微生物类群 PLFA 总量 (nmol/g) 及比值

Fig.2 Contents and ratio of Microbial groups PLFA in soils with different vegetation

HM:荒漠草原 Desert steppe;MG:蒙古扁桃 *Amygdalus mongolica* (maxim) ricker;YS:油松林 *Pinus tabulaeformis* forest;HJ:混交林 Mixed forest; QH:青海云杉林 *Picea crassifolia* Kom forest

表2 不同海拔植被带土壤微生物类群多样性指数

Table 2 Soil microbial communities' diversity indices in soils with different vegetation

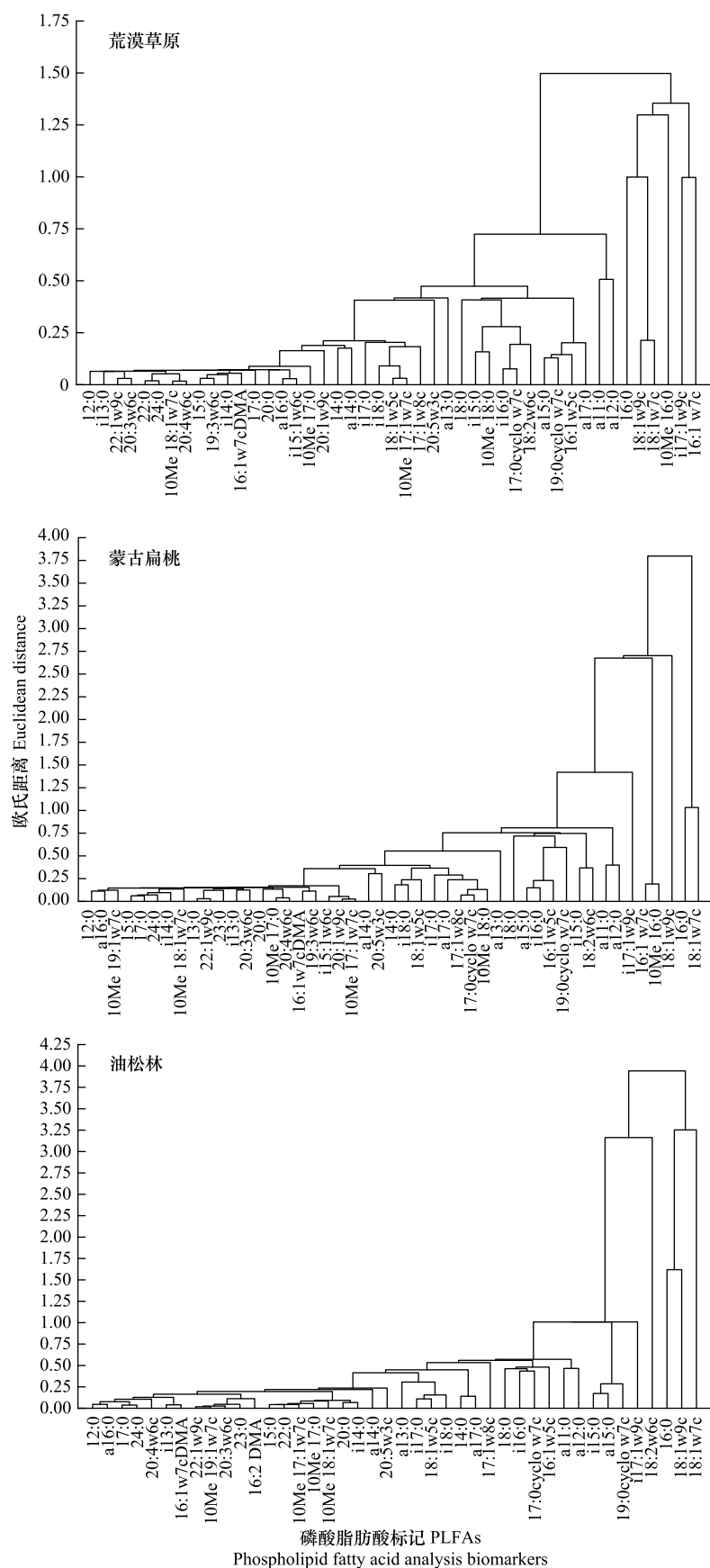
植被类型 Vegetation types	Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	Brillouin 指数 Brillouin index	均匀度指数 Pielou index	Simpson 指数 Simpson index	Mcintosh 指数 Mcintosh index
HM	1.2533	1.2633	0.5800	0.5300	0.3433
MG	1.2767	1.3000	0.5920	0.5677	0.3877
YS	1.2933	1.2833	0.5883	0.5473	0.3817
HJ	1.3167	1.3033	0.5953	0.5680	0.3930
QH	1.2867	1.3033	0.5867	0.5460	0.3797

2.6 不同海拔植被带土壤 PLFA 种类、含量及多样性指数相关分析

对不同海拔植被带土壤 PLFA 种类、含量及多样性指数 Pearson 相关性分析(表3),PLFA 种类与 PLFA 含量和 Brillouin 指数显著正相关;PLFA 含量与 Brillouin 指数显著正相关;Shannon-Wiener 指数与均匀度指数、Simpson 指数和 McIntosh 指数显著正相关;均匀度指数和 Simpson 指数均与 McIntosh 指数显著正相关。

2.7 不同海拔植被带土壤微生物类群分析

由不同海拔植被带特征土壤微生物类群主成分分析(图5)表明,与土壤微生物群落相关的2个主成分累计贡献率为86.81%,其中,第1主成分(PC1)和第2主成分(PC2)解释量为78.01%和8.80%,对第1主成分起主要作用的微生物类群有非特异性细菌、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、真菌、放线菌和原生动物等,对第2主成分起主要作用的微生物类群为厌氧细菌。不同海拔植被带土壤微生物类群分布在主成分坐标平面的不同位置,可见不同海拔植被带的土壤微生物群落存在差异。取样点距离的远近代表着取样点微生物群



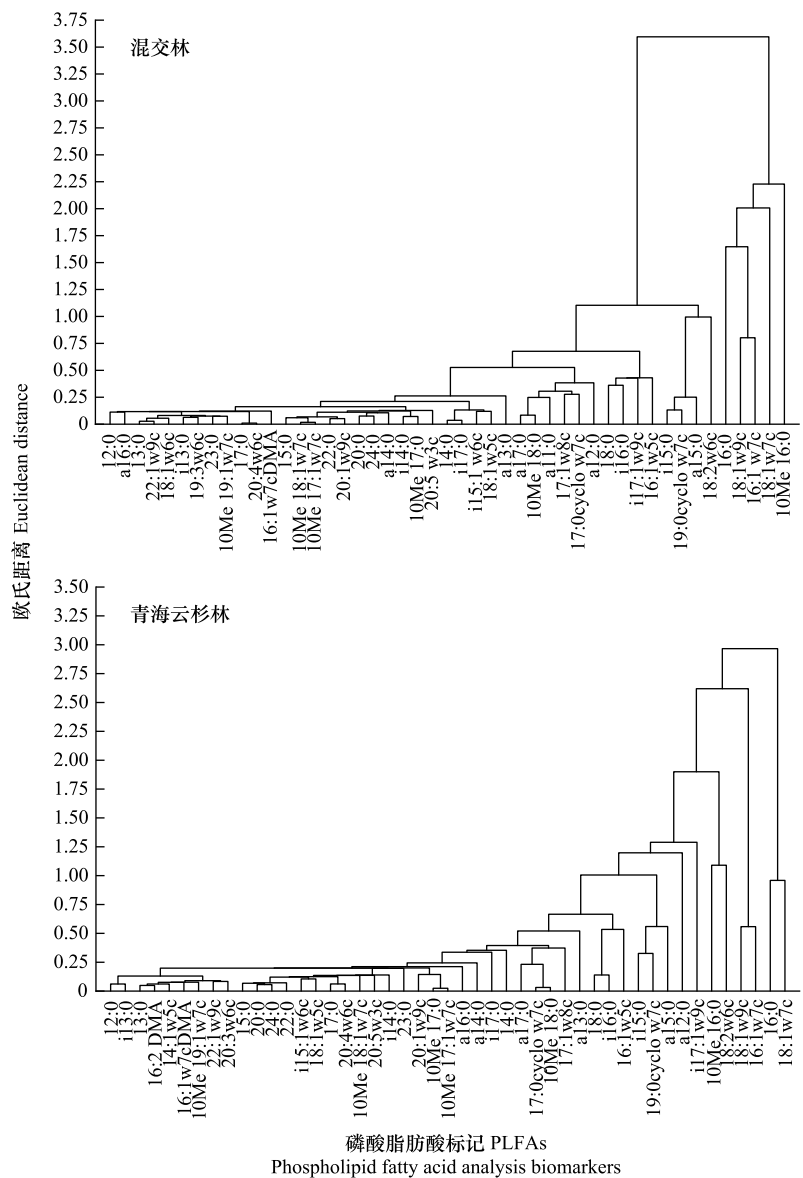


图3 不同海拔植被带土壤微生物群落 PLFAs 生物标记的聚类分析

Fig.3 Cluster analysis of PLFAs biomass of microbial community in soils with different vegetation

落结构的相似程度,距离越近则相似度越高,可见 HM 土壤微生物群落结构与 MG、QH 和 YS 土壤微生物群落结构相似度高,HJ 土壤微生物群落结构与其他植被带土壤微生物群落结构相似度低。

2.8 不同海拔植被带土壤微生物含量及多样性指数与土壤因子的关系

对不同海拔土壤性质与土壤微生物类群及多样性指数进行相关性分析(图 6),发现海拔及各土壤因子对微生物类群及多样性指数影响并不显著,其中海拔与腐生真菌有显著正相关关系,海拔、SOC、TN 与微生物类群及多样性指数正相关,pH、BD 与微生物类群及多样性指数负相关。可见海拔的变化引起土壤微环境的改变,对土壤微生物的群落组成及多样性存在影响。

3 讨论

3.1 不同海拔植被带土壤微生物含量变化特征

土壤微生物群落组成及多样性既可以反映土壤的生物活性也可以反映土壤的生态胁迫机制^[30]。本研究

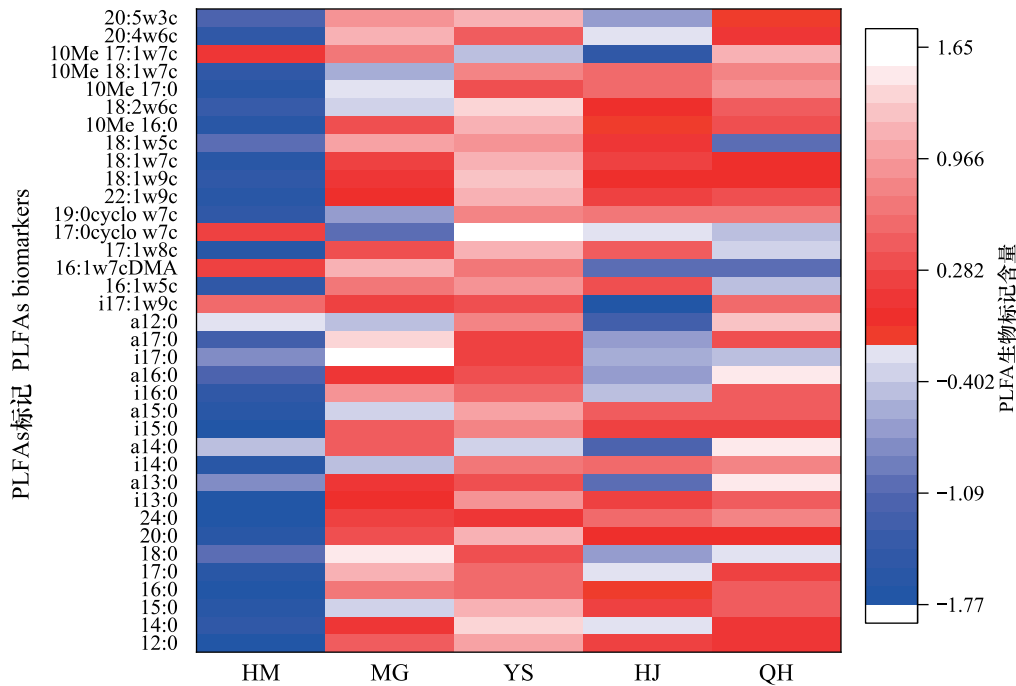


图 4 不同海拔植被带土壤微生物群落 PLFAs 生物标记热图

Fig.4 Heatmap of PLFAs biomass of microbial community in soils with different vegetation

表 3 土壤 PLFA 生物标记种类、含量及微生物多样性指数 Pearson 相关性分析

Table 3 Pearson's correlation analysis of soil PLFA biomarker species, content and microbial diversity index

项目 Item	PLFA 种类 Types of PLFA	PLFA 总量 Content of PLFA	Shannon- Wiener 指数 Shannon- Wiener index	Brillouin 指数 Brillouin index	均匀度指数 Pielou index	Simpson 指数 Simpson index
PLFA 总量 Content of PLFA	0.73657 *					
Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	0.48492	0.3173				
Brillouin 指数 Brillouin index	0.99433 *	0.70493 *	0.46037			
均匀度指数 Pielou index	0.21026	0.02552	0.19638 *	0.19756		
Simpson 指数 Simpson index	0.36503	0.193	0.62995 *	0.37668	0.45958	
Mcintosh 指数 Mcintosh index	0.42737	0.22943	0.80149 *	0.39539	0.71028 *	0.71103 *

* :相关性在 0.05 水平上显著

运用 PLFA 法定量研究了贺兰山自然保护区东坡不同海拔植被带土壤微生物群落结构及多样性,从不同海拔植被带共检测出 59 种 PLFA 生物标记,发现 QH 土壤中 PLFA 生物标记的种类最大,YS 土壤中 PLFA 生物标记的含量最大。赵银^[31]研究了青藏高原高寒草甸土壤微生物群落共检测出 70 种 PLFA 生物标记;郑洁^[24]研究闽江口红树林土壤微生物群落共检测出 22 种 PLFA 生物标记;吴则焰等^[32]研究了武夷山不同海拔植被带土壤微生物群落多样性共检测出 25 种 PLFA 生物标记;可见贺兰山自然保护区东坡土壤中 PLFA 生物标记种类较多,间接反映出自然保护区微生物较为丰富,这与刘秉儒等^[10]研究的贺兰山不同海拔典型植被带土壤微生物多样性所检测出 28 种 PLFA 生物标记的结果有所差异,微生物对环境的变化极为敏感,其差异原因可能与采样点的选择及测定方法存在不一有关。在不同海拔植被带土壤中,除了 PLFA 生物标记的种类和含量不

同之外,研究发现特征微生物的含量也存在差异,细菌含量最大,其次是真菌、放线菌,原生动物含量最小。随着海拔的升高土壤微生物的含量先升高后降低,在YS土壤中微生物含量最高,可见随着海拔的升高,温度降低,湿度增加^[15],在该植被带较好的水热生存条件是微生物含量高的主要原因。QH植被带有着较厚的凋落物层,凋落物作为微生物生存所需能量来源的主要提供者,较厚的凋落物层增加了土壤-微生物之间的协同作用,这可能是该植被带 PLFA 生物标记种类多的原因^[33]。

3.2 不同海拔植被带土壤微生物结构及多样性特征

G^+ 和 G^- 是细菌群落的两大主要类群, G^+/G^- 可以反映细菌群落的多样性特征,同时其还可以表征土壤肥力^[34],研究发现HJ土壤中 G^+/G^- 最小说明该植被带营养胁迫小,这与该植被带丰富的物种多样性有很大关系,产生的丰富凋落物为微生物提供了更多资源条件^[35]。真菌和细菌作为土壤微生物最主要的类群,真菌/细菌可以间接反应土壤微生物的生存环境^[36],研究表明在YS土壤中真菌和细菌含量高于其他植被带,同时真菌/细菌最大,这与刘秉儒等^[10]研究结果发现贺兰山在海拔1900—2100m处真菌含量最高的结果一致,也有研究^[17]发现贺兰山东坡YS土壤微生物熵最大,而微生物熵可以反映土壤有机质的输入量、微生物碳的转化速率及土壤质量好坏,这也进一步说明该海拔植被带环境条件更适合土壤微生物生存^[37]。

目前应用较广的微生物多样性指数,如Shannon-Wiener多样性指数、均匀度指数和Mcintosh多样性指数等,基本可以表示土壤微生物多样性的特征^[38]。研究发现贺兰山自然保护区东坡不同海拔植被带微生物多样性指数在HJ植被带中最大,HJ植被带中植物群落类型多样,而植物物种组成及多样性能明显改变土壤微生物的群落结构及多样性,同时HJ植被带中丰富的凋落物层为土壤微生物提供生存所需的物质和能量,这是该海拔植被带微生物多样性高的主要原因^[23,39]。研究发现某些表征微生物的PLFA生物标记在各植被带含量较高,说明其并不会因为环境改变而发生变化,表明其在植被带土壤中起主要作用^[22]。而有的PLFA生物标记在某一植被带含量明显高于其他植被带,说明其表征的微生物在该植被带有独特的作用^[32]。不同海拔植被带土壤微生物多样性及其变化能很好指示该区域森林生态环境和系统功能变化,进一步为自然保护区土壤微生物的研究提供依据。

3.3 不同海拔植被带土壤微生物群落及多样性与土壤因子的关系

山地森林生态系统中,海拔的变化会导致温度、降水等气候因子的急剧变化^[8],而微生物对环境变化极为敏感,研究发现SOC、TN与微生物群落及多样性正相关,pH、BD与微生物群落及多样性负相关,这与谷晓楠等^[35,37]研究结果相似,森林生态系统中土壤有机碳与土壤全氮关系密切,同时土壤C、N为微生物提供能源,促进植物对养分的吸收利用。Tan等^[40]和Lauber等^[41]研究发现土壤全磷含量的变化会影响土壤细菌及真菌群落的多样性。也有研究表明^[42],植被类型、凋落物性质、土壤物理性质等对土壤微生物群落结构及多样性有显著影响。由此可见,一定区域土壤微生物群落结构及多样性受多因素综合影响^[43]。

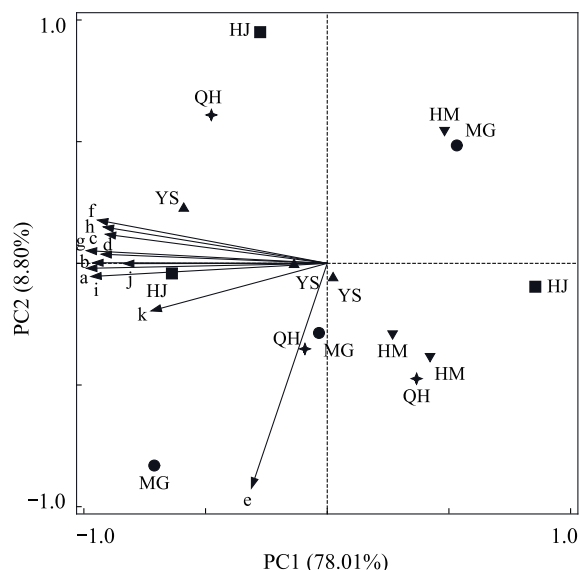


图5 不同海拔植被带土壤微生物群落主成分分析

Fig. 5 Principal components analysis of different microbial group's PLFA in soils with different vegetation

a: 非特异性细菌 Nonspecific bacteria; b: 革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria; c: 革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria; d: 甲烷氧化菌 Methanotrophs bacteria; e: 厌氧细菌 Anaerobic bacteria; f: 脱硫杆菌 Thiobacillus; g: 真菌 Fungi; h: 腐生真菌 Saprophytic fungi; i: 丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi; j: 放线菌 Actinomycetes; k: 原生动物 Protozoa

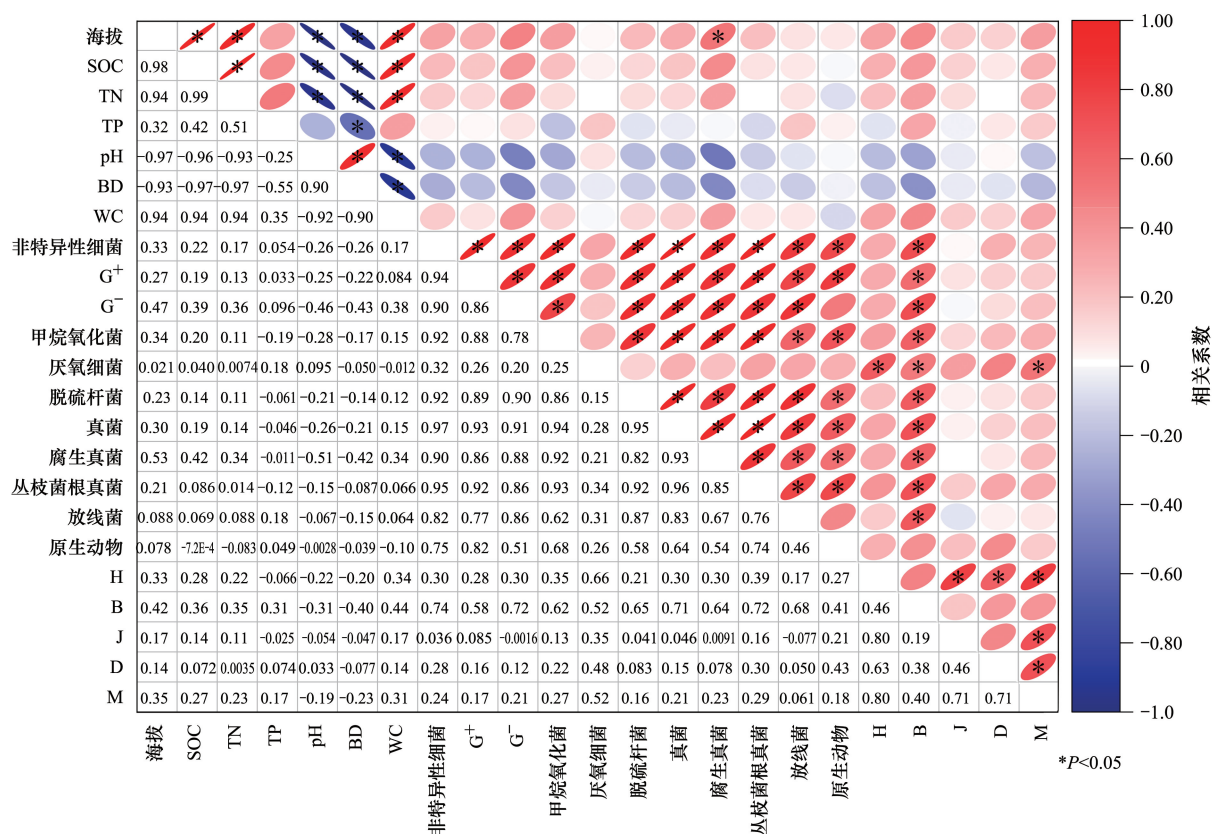


图6 不同海拔植被带土壤微生物含量及多样性指数与土壤因子的相关性分析

Fig.6 Correlation analysis between soil microbial content, diversity index and soil factors with different altitude vegetation

SOC: 土壤有机碳 Soil organic carbon; TN: 全氮 Total nitrogen; TP: 全磷 Total phosphorus; BD: 容重 Bulk density; WC: 土壤含水量 Water content; G⁺: 革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria; G⁻: 革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria; H: Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index; B: Brillouin 多样性指数 Brillouin index; J: Pielou 均匀度指数 Pielou index; D: Simpson 优势度指数 Simpson index; M: McIntosh 多样性指数 McIntosh index

4 结论

采用磷酸脂肪酸(PLFA)法定量分析贺兰山自然保护区东坡不同海拔植被带土壤微生物 PLFA 的种类和含量。YS 植被带土壤微生物 PLFA 的总量以及特征微生物的含量最大,表明贺兰山自然保护区东坡在 YS 植被带具有更适合微生物生存的环境,这也符合山地生态系统中中部区域生物多样性高的理论。

研究自然保护区东坡不同海拔植被带土壤微生物多样性发现不同植被带土壤 PLFA 生物标记聚类不同, 16:0、18:1 ω 9c 和 18:1 ω 7c 基本在每个植被带都会单独聚为一类,可知其在该植被带含量高且有独特作用。多样性指数显示 HJ 植被带土壤微生物多样性更高,说明植物多样性与土壤微生物多样性密切相关。可见不同海拔植被带土壤微生物群落结构及多样性存在差异,可为贺兰山东坡自然保护区的高质量管理提供理论依据。

参考文献 (References):

- [1] Yang B, Pang X Y, Hu B, Bao W K, Tian G L. Does thinning-induced gap size result in altered soil microbial community in pine plantation in eastern Tibetan Plateau? Ecology and Evolution, 2017, 7(9): 2986-2993.
- [2] Comer J, Perkins L. Resistance of the soil microbial community to land-surface disturbances of high-intensity winter grazing and wildfire. Journal of Environmental Management, 2021, 279: 111596.
- [3] Goenster-Jordan S, Ingold M, Jannoura R, Buerkert A, Joergensen R G. Soil microbial properties of subalpine steppe soils at different grazing

- intensities in the Chinese Altai Mountains. Scientific Reports, 2021, 11(1): 1653.
- [4] Ma S H, Chen G P, Tang W G, Xing A J, Chen X, Xiao W, Zhou L H, Zhu J L, Li Y D, Zhu B, Fang J Y. Inconsistent responses of soil microbial community structure and enzyme activity to nitrogen and phosphorus additions in two tropical forests. Plant and Soil, 2021, 460(1): 453-468.
- [5] Wan X H, Chen X L, Huang Z Q, Chen H Y H. Contribution of root traits to variations in soil microbial biomass and community composition. Plant and Soil, 2021, 460(1): 483-495.
- [6] He X J, Hou E Q, Veen G F, Ellwood M D F, Dijkstra P, Sui X H, Zhang S, Wen D Z, Chu C J. Soil microbial biomass increases along elevational gradients in the tropics and subtropics but not elsewhere. Global Ecology and Biogeography, 2020, 29(2): 345-354.
- [7] 王颖, 宗宁, 何念鹏, 张晋京, 田静, 李良涛. 青藏高原高寒草甸不同海拔梯度下土壤微生物群落碳代谢多样性. 生态学报, 2018, 38(16): 5837-5845.
- [8] 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): 7057-7065.
- [9] 冯晓川, 曹新光, 居文华, 刘凯妹. 庐山国家级自然保护区森林土壤细菌群落特征研究. 林业资源管理, 2019, (6): 101-107.
- [10] 刘秉儒, 张秀珍, 胡天华, 李文金. 贺兰山不同海拔典型植被带土壤微生物多样性. 生态学报, 2013, 33(22): 7211-7220.
- [11] 刘秉儒, 璩向宁, 李志刚, 胡天华. 贺兰山森林生态系统长期定位研究的重大意义与研究内容. 宁夏农林科技, 2010, (1): 53-54, 28-28.
- [12] Alexander K, Bryans T. Evaluation of the sterility test for detection of microbial contaminants of allografts. Cell and Tissue Banking, 2006, 7(1): 23-28.
- [13] 张云飞. 怎样理解贺兰山是西北重要生态安全屏障. 学习时报, 2020-09-14(07).
- [14] 陈发虎, 吴绍洪. 为什么说贺兰山是我国重要地理分界线. 学习时报, 2020-09-14(07).
- [15] 金山. 宁夏贺兰山国家级自然保护区植物多样性及其保护研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2009.
- [16] 王涛, 郭洋, 苏建宇, 徐春燕. 贺兰山丁香对土壤理化性质、酶活性和微生物多样性的影响. 北京林业大学学报, 2020, 42(4): 91-101.
- [17] 刘秉儒. 贺兰山东坡典型植物群落土壤微生物量碳、氮沿海拔梯度的变化特征. 生态环境学报, 2010, 19(4): 883-888.
- [18] 吴梦瑶, 陈林, 庞丹波, 刘丽贞, 刘波, 祝忠有, 李学斌. 贺兰山不同海拔植被下土壤团聚体分布及其稳定性研究. 水土保持学报, 2021, 35(2): 210-216.
- [19] Guckert J B, Hood M A, White D C. Phospholipid ester-linked fatty acid profile changes during nutrient deprivation of *Vibrio cholerae*: increases in the *trans/cis* ratio and proportions of cyclopropyl fatty acids. Applied and Environmental Microbiology, 1986, 52(4): 794-801.
- [20] 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.
- [21] 姚晓东, 王妮, 曾辉. 磷脂脂肪酸法在土壤微生物群落分析中的应用. 微生物学通报, 2016, 43(9): 2086-2095.
- [22] 李新, 焦燕, 杨铭德. 用磷脂脂肪酸(PLFA)谱图技术分析内蒙古河套灌区不同盐碱程度土壤微生物群落多样性. 生态科学, 2014, 33(3): 488-494.
- [23] 李雪, 万晓华, 周富伟, 邹秉章, 王思荣. 南亚热带 6 种人工林土壤微生物生物量和群落结构特征. 亚热带资源与环境学报, 2020, 15(1): 33-40.
- [24] 郑洁. 闽江河口红树林根际土壤微生物群落对互花米草入侵的响应[D]. 福州: 福建农林大学, 2018.
- [25] 杜家颖. 基于磷脂脂肪酸(PLFA)法的喀斯特石漠化生态系统土壤微生物群落多样性研究[D]. 贵阳: 贵州师范大学, 2018.
- [26] 郑洁, 刘金福, 吴则焰, 洪伟, 何中声, 蓝亦琦, 刘思迪. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应. 生态学报, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [27] 刘海燕. 基于 PLFA 技术林地土壤微生物结构多样性分析[D]. 北京: 北京林业大学, 2016.
- [28] 吕笑非. PAHs 污染土壤修复植物的筛选及其根际微生态特征研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2010.
- [29] 李永山, 范巧兰, 陈耕, 柴永峰, 张冬梅, 李燕娥. 利用 PLFA 方法研究转 Bt 基因棉花对土壤微生物群落结构变化的影响. 棉花学报, 2009, 21(6): 503-507.
- [30] 张秋芳, 刘波, 林营志, 史怀, 杨述省, 周先治. 土壤微生物群落磷脂脂肪酸 PLFA 生物标记多样性. 生态学报, 2009, 29(8): 4127-4137.
- [31] 赵银. 青藏高原高寒草甸土壤微生物群落对增温和降雨变化的响应[D]. 兰州: 兰州大学, 2019.
- [32] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 刘金福, 方长旬, 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.
- [33] 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.
- [34] 杨林, 陈亚梅, 和润莲, 邓长春, 刘军伟, 刘洋. 高山森林土壤微生物群落结构和功能对模拟增温的响应. 应用生态学报, 2016, 27(9): 2855-2863.
- [35] 谷晓楠. 长白山西坡高山亚高山土壤微生物及酶活性随海拔的分布特征及其对氮沉降的响应[D]. 长春: 东北师范大学, 2018.
- [36] Camenzind T, Grenz K P, Lehmann J, Rillig M C. Soil fungal mycelia have unexpectedly flexible stoichiometric C:N and C:P ratios. Ecology Letters, 2021, 24(2): 208-218.
- [37] 谷晓楠, 贺红土, 陶岩, 靳英华, 张心昱, 徐志伟, 王钰婷, 宋祥霞. 长白山土壤微生物群落结构及酶活性随海拔的分布特征与影响因素. 生态学报, 2017, 37(24): 8374-8384.
- [38] 秦燕燕, 李金花, 王刚, 李文金. 添加豆科植物对弃耕地土壤微生物多样性的影响. 兰州大学学报: 自然科学版, 2009, 45(3): 55-60.
- [39] 魏安琪, 魏天兴, 刘海燕, 王莎. 黄土区刺槐和油松人工林土壤微生物 PLFA 分析. 北京林业大学学报, 2019, 41(4): 88-98.
- [40] Tan H, Barret M, Mooij M J, Rice O, Morrissey J P, Dobson A, Griffiths B, O'Gara F. Long-term phosphorus fertilisation increased the diversity of the total bacterial community and the *phoD* phosphorus mineraliser group in pasture soils. Biology and Fertility of Soils, 2013, 49(6): 661-672.
- [41] Lauber C L, Strickland M S, Bradford M A, Fierer N. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(9): 2407-2415.
- [42] 王冰冰, 曲来叶, 宋成军, 宫渊波. 岷江干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.
- [43] 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.