

DOI: 10.20103/j.stxb.202304120744

刘顺, 许格希, 陈健, 陈森, 史作民, 周庆宏, 蒋冬梅. 云南金沙江干热河谷土壤微生物群落结构特征及影响因素. 生态学报, 2024, 44(16): 7172-7182.

Liu S, Xu G X, Chen J, Chen M, Shi Z M, Zhou Q H Jiang D M. Soil microbial community structure and influencing factors in dry-hot valley region of Jinsha River, Yunnan Province. Acta Ecologica Sinica, 2024, 44(16): 7172-7182.

云南金沙江干热河谷土壤微生物群落结构特征及影响因素

刘 顺^{1,2}, 许格希^{1,2}, 陈 健^{1,2}, 陈 森^{1,2}, 史作民^{1,2,3,*}, 周庆宏⁴, 蒋冬梅⁴

1 中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护研究所, 国家林业和草原局森林生态环境重点实验室, 北京 100091

2 四川米亚罗森林生态系统国家定位观测研究站, 理县 623100

3 南京林业大学南方现代林业协同创新中心, 南京 210037

4 楚雄彝族自治州林业和草原科学研究所, 楚雄 675005

摘要:金沙江干热河谷区是长江上游重要的生态屏障和典型生态脆弱区, 对金沙江干热河谷土壤微生物群落结构变异特征及其驱动因素的了解仍不清楚。沿着金沙江选择 5 个地点的典型干热河谷植被, 采用磷脂脂肪酸法研究了土壤微生物生物量和群落结构的变异, 并探讨了气候、植被因子和土壤性质等对土壤微生物群落结构的影响。结果表明: 不同研究点土壤总微生物生物量介于 4.30—13.20 nmol/g, 以细菌为主, 其中革兰氏阳性菌(G⁺)占 26.22%—33.65%, 革兰氏阴性菌(G⁻)占 18.35%—23.67%; 真菌占 9.02%—15.13%。不同研究点土壤微生物生物量、真菌/细菌和 G⁺/G⁻ 差异显著, 并且非度量多维尺度分析形成不同聚类, 表明土壤微生物群落结构在研究点间发生了变化。方差分解结果揭示了土壤微生物群落结构的变异主要受土壤因子的驱动, 其次是植被和气候因素。草本生物量、土壤硝态氮、全碳、pH 和含水量对土壤微生物群落结构具有显著影响。气候因素中年均降雨量对微生物生物量呈负影响效应。揭示了不同研究点通过土壤性质驱动了土壤微生物群落结构的变异, 并发现了草本生物量在其中的重要作用, 对干热河谷区植被恢复具有重要的意义。

关键词: 磷脂脂肪酸; 河谷型萨王纳植被; 草本生物量; 金沙江

Soil microbial community structure and influencing factors in dry-hot valley region of Jinsha River, Yunnan Province

LIU Shun^{1,2}, XU Gexi^{1,2}, CHEN Jian^{1,2}, CHEN Miao^{1,2}, SHI Zuomin^{1,2,3,*}, ZHOU Qinghong⁴, JIANG Dongmei⁴

1 Key Laboratory of Forest Ecology and Environment of National Forestry and Grassland Administration, Ecology and Nature Conservation Institute, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China

2 Sichuan Miyaluo Forest Ecosystem National Observation and Research Station, Lixian 623100, China

3 Co-Innovation Center for Sustainable Forestry in Southern China, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

4 Chuxiong Research Institute of Forestry and Grassland, Chuxiong 675005, China

Abstract: Soil microbial communities play an important regulatory role in soil structural formation, nutrient cycling, and plant growth in terrestrial ecosystems, which are of great significance to the reestablishment of functions in degraded ecosystems. The dry-hot valley region of Jinsha River is an important ecological barrier in the upper reaches of the Yangtze River, and a typical ecologically fragile area. However, the understanding of variations in soil microbial community structure and driving factors in this region remains unclear. Here, the variations in soil microbial biomass and community structure of typical dry-hot valley across five sites along the Jinsha River basin were investigated using phospholipid fatty acid (PLFA)

基金项目: 云南省科技人才与专家计划“史作民专家工作站”项目(202305AF150100); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(CAFYBB2021ZA002-2)

收稿日期: 2023-04-12; 网络出版日期: 2024-06-18

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: shizm@caf.ac.cn

analysis. Further, the effects of climatic, vegetation and edaphic factors on soil microbial community structure were explored. The results showed that total soil microbial biomass ranged from 4.30 nmol/g to 13.20 nmol/g across the five sites. Bacterial biomass accounted for the largest proportion of total microbial biomass, with gram-positive bacterial (G+) and gram-negative bacterial (G-) biomass accounting for 26.22%—33.65% and 18.35%—23.67%, respectively. The proportion of fungal biomass in total microbial biomass was between 9.02% and 15.13%. These sites had significant difference in microbial biomass of total and specific functional group microorganisms, fungi/bacteria, G+/G-, cyclopropane fatty acids/monoenoic precursors, normal saturated fatty acids/monounsaturated fatty acids. Moreover, their soil microbial community structure formed different clusters based on the non-metric multidimensional scale (NMDS) analysis, suggesting significant differences among the sites. The results of variation partitioning analysis (VPA) revealed that the variation of soil microbial community structure was mainly driven by edaphic factors, followed by vegetation and climatic factors with the pure effects being 37%, 16% and 2%, respectively. Specifically, herb biomass ($P=0.002$), soil NO_3^- ($P=0.002$), soil total carbon ($P=0.003$), pH ($P=0.013$) and soil water content ($P=0.029$) had significant effects on soil microbial community structure. Generally, herb biomass, soil total carbon and NO_3^- content had positive effects, while soil water content and pH had negative effects on the PLFAs contents of total microbes and specific functional groups. In addition, the microbial PLFAs of various functional groups were also affected by the ratios of total carbon to total nitrogen and the ratio of total nitrogen to total phosphorus. The mean annual precipitation of climate factors had a negative impact on soil microbial biomass. Overall, the results revealed site-induced shifts in edaphic factors drove the variations in soil microbial community structure, and found the important role of herb biomass, which had vital implications for vegetation restoration in dry-hot valley region.

Key Words: phospholipid fatty acid; Savanna of valley type; herb biomass; Jinsha River

土壤微生物是土壤系统的重要组成部分,驱动土壤有机质分解、养分循环等一系列生物地球化学循环过程^[1-2],进而影响土壤养分可利用性、植物存活和生长、植被生产力等生态系统过程和功能,并在调控生态系统对气候变化的响应和反馈方面发挥着核心作用^[2-5]。土壤微生物生物量和群落结构是影响土壤微生物功能的重要因素^[6],并在不同尺度上受到了越来越多的关注。比如,在中国东部南北森林样带上,土壤微生物生物量随着纬度的增加而增加^[7],而对中国东部栓皮栎林研究发现土壤微生物群落存在纬度梯度上没有明显的变化趋势^[1]。此外,在青藏高原高寒草地发现土壤微生物生物量与年均温度正相关^[8],与在中国北方干旱半干旱区草地的研究^[9]和全球草地整合分析得出的结果相反^[8]。这些不一致的结果表明土壤微生物群落结构的变异及其驱动因子可能存在研究区域特异性^[10]。

区域气候状况通过水热因子对土壤微生物生物量和群落结构产生影响^[8,11],但一些区域尺度的研究发现气候因子对土壤微生物生物量和群落结构的解释较弱,其主要受土壤性质的影响^[12-13],一定程度表明土壤微生物受气候因子的间接影响,受土壤性质的直接影响^[14],如土壤 pH、养分含量及碳氮比等^[15-16]。植物群落可以通过物种组成、凋落物输入量和性质等影响土壤性质和微生物群落结构,表明土壤微生物群落与植被因子密切相关^[17],但也有一些研究发现植被因子只能单独解释土壤微生物群落较小的变异^[18],可能是区域气候、特异的植物群落导致了植被因子对土壤微生物群落结构变异的贡献不同^[19]。尽管土壤微生物群落结构与这些因子单独的相互关系得到了较好的阐述,同时关注气候、植被和土壤因子对土壤微生物群落结构影响的研究还较少^[9,20]。因此,对特定区域/气候条件下土壤微生物群落结构变异及其受气候、植被和土壤性质的直接和间接影响仍有待深入地研究。

干热河谷是由特殊的地理位置结合独特的地形地貌形成的一类独特的生态景观,具有“干”和“热”的气候特征,并孕育了具有独特植物区系组成和群落外观的植被类型^[21],尤其以金沙江流域低山地区的干热河谷区具有代表性和典型性^[22]。该区域是长江上游重要的生态屏障和生态脆弱区。受气候条件及人为活动干扰的影响,该区域面临生态系统退化等问题,严重制约了生态系统功能的发挥,并对区域生态安全构成威胁。目前关于金沙江干热河谷的研究多集中于干热河谷成因、植物群落组成特征、土壤养分特征、土地退化及恢复措

施等方面^[21,23-25],对土壤微生物群落结构,尤其是区域尺度下土壤微生物群落结构变异特征尚缺乏探讨。基于此,本研究在金沙江云南段沿岸 5 个地点选择干热河谷植被群落进行调查、采样,基于磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid, PLFA)法研究了土壤微生物生物量和群落结构的变化特征及影响因素。由于水分是干热河谷的限制因子,假设(1)土壤微生物生物量随着年均降雨量的增加而增加。最近对热带萨王纳植被的研究发现草本植物在维持土壤功能方面的突出作用^[26],因此假设(2)草本生物量的增加能促进土壤微生物生物量。研究结果可为了解干热河谷土壤质量状况,从土壤恢复角度制定退化生态系统恢复措施提供科学的依据,并对评估和预测干热河谷土壤功能对气候变化的响应等具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

金沙江干热河谷主要分布于云南省鹤庆县—四川省布拖县之间,全长 850 km,其中云南省境内分布于 25°40'—28°15'N, 100°30'—103°30'E 间,河谷区面积约 1.5 万 km²^[24]。本研究区域位于金沙江云南段(永胜县—禄劝县),区域内表现为季风型河谷干热气候,年均气温介于 20—23 °C(最冷月均气温>12 °C,最暖月均气温在 24—28 °C 之间),日均气温高于 10 °C 的天数超过 350 d;年均降雨量 600—800 mm,主要集中在 6—10 月,年蒸发量约为降雨量的 3—6 倍^[24]。干热河谷区形成了独特的河谷型萨王纳植被(或称半萨王纳植被),多为稀树灌草丛,以草本为主,其间散生灌木和乔木^[23]。土壤以燥红土为主,另外还有褐红壤、赤红壤等。

1.2 样地设置与样品采集

2018 年 10 月在金沙江云南段(永胜县—禄劝县)沿岸选择 5 处人为干扰较少的干热河谷植物群落,每处植物群落随机设置 5 个 10 m × 10 m 的样地作为重复。对样地中的木本植物进行调查,记录物种名称、地径、高度、冠幅等指标,从生灌木同时记录株丛数。在每个样地中设置 4 个 1 m × 1 m 的样方进行草本植物的调查和凋落物现存量的测定,记录草本植物的种名、平均高度、盖度等。随后对样方内的草本和凋落物进行收获、称量鲜重,采用随机抽样方式对草本和凋落物进行抽样,并带回实验室置于烘箱中烘干至恒重,计算样品含水率及草本植物生物量和凋落物现存量。研究地点基本信息见表 1。

表 1 不同研究点植物群落基本信息

Table 1 The basic information on plant communities at different study sites

信息指标 Information indicators	研究点 Study sites				
	永胜 YS	华坪 HP	永仁 YR	元谋 YM	禄劝 LQ
纬度 Latitude/(°)	26.20	26.37	26.40	25.72	26.30
经度 Longitude/(°)	100.62	101.23	101.46	101.78	102.64
海拔 Elevation/m	1297	1307	1496	1217	1023
年均温 MAT/°C	18.3	20.5	18.5	20.2	21.3
年均降雨量 MAP/mm	825.0	857.8	925.6	827.9	879.6
优势物种 Dominant species					
乔木 Tree	—	—	锥连栎	—	—
灌木 Shrub	车桑子	余甘子	车桑子	车桑子、余甘子	黄荆、车桑子
草本 Herb	扭黄茅	短梗苞茅、扭黄茅	扭黄茅、细柄草	刺芒野古草、扭黄茅、芸香草	扭黄茅、芸香草
种密度 Species density/(种/100 m ²)	4	10	12	6	6
断面积 Basal area/(cm ² /m ²)	5.85	20.42	34.51	2.70	3.42
草本盖度 Herb cover/%	90	88	93	92	95
草本生物量 Herb biomass/(g/m ²)	207.86	369.31	260.01	828.97	393.43

锥连栎 *Quercus franchetii*; 车桑子 *Dodonaea viscosa*; 余甘子 *Phyllanthus emblica*; 黄荆 *Vitex negundo*; 扭黄茅 *Heteropogon contortus*; 短梗苞茅 *Hyparrhenia diplandra*; 细柄草 *Cillipedium parviflorum*; 刺芒野古草 *Arundinella setosa*; 芸香草 *Cymbopogon distans*; MAT: 年均温 Mean annual temperature; MAP: 年均降雨量 Mean annual precipitation; YS: 永胜 Yongsheng; HP: 华坪 Huaping; YR: 永仁 Yongren; YM: 元谋 Yuanmou; LQ: 禄劝 Luquan

在每个样地中按照“S”型取样法选择 5 个采样点,在每个采样点使用土钻采集 0—10 cm 土层土壤,随后将 5 个采样点的土壤充分混合,置于放有冰袋的保温箱中带回实验室,挑去土壤中的根系、石砾和其他植物碎屑,过 2 mm 筛后分成 2 份,其中 1 份存于-80 °C 冰箱中,用于土壤磷脂脂肪酸测定,另一份置于阴凉处风干,供土壤理化性质的测定。同时在每个采样点周边,使用环刀(100 cm³)采集 0—10 cm 土层土壤,用于测定土壤容重。

1.3 土壤微生物群落结构

土壤微生物群落结构的测定采用磷脂脂肪酸法,主要参照 Bossio 和 Scow^[27]的方法。主要步骤包括称取相当于 8g 干重的新鲜土壤,采用氯仿、甲醇和磷酸缓冲液(1:2:0.8, *v/v/v*)提取,经活性硅胶柱分离磷脂后,加入甲醇甲苯混合液(1:1, *v/v*)和 KOH 甲醇溶液进行甲基化形成脂肪酸甲酯,并用正己烷溶液进行萃取得到甲酯化的脂肪酸样品;磷脂脂肪酸的测定以正十九烷酸甲酯(19:0)为内标,采用气相色谱仪(Hewlett-Packard 6890 series GC, FID)测定,运用 MIDI Sherlock 软件系统鉴定磷脂脂肪酸成分。PLFAs 含量用每克干土中的含量(nmol/g)表示。

测定的 PLFAs 被用以表征不同区系的微生物类群^[28]: i13:0、i14:0、i15:0、a15:0、i16:0、a16:0、i17:0、a17:0、i18:0 和 i19:0 用以表征革兰氏阳性菌(G+); 16:0 2OH、14:1 ω 5c、16:1 ω 7c、17:1 ω 8c、18:1 ω 7c、18:1 ω 5c、cy17:0 和 cy19:0 用以表征革兰氏阴性菌(G-); 15:0 和 17:0 用来表征一般细菌^[14]; 细菌生物量为 G+、G-和一般细菌生物量之和; 18:1 ω 9c、18:2 ω 6,9c 和 20:1 ω 9c 用以表征真菌; 16:1 ω 5c 用以表征丛枝菌根真菌(AMF); 10Me16:0、10Me17:0 和 10Me18:0 用以表征放线菌。14:0、16:0 和 18:0 等未分类 PLFAs 同样被用于分析微生物群落结构^[29]。计算真菌/细菌比(F/B)和革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌比(G+/G-)作为指示土壤微生物群落结构变化指标,并根据不同区系微生物类群的相对丰度来反映微生物的群落组成^[4]。计算环丙基脂肪酸/前体脂肪酸比(cy/pre)和饱和脂肪酸/单不饱和脂肪酸比(sat/mono)等指标表征微生物的环境压力^[28]。

1.4 土壤理化性质

将环刀内的土壤样品放于 105 °C 的烘箱中烘至恒重,计算土壤容重和含水量。土壤 pH 值采用哈纳 HI2221 酸度计(Hanna, Italy)测定,水土比为 2.5:1。全碳(TC)和全氮(TN)采用元素分析仪测定(Elementar Analysensysteme GmbH, Germany)。全磷(TP)采用 H₂SO₄-HClO₄溶液消解浸提,电感耦合等离子原子发射光谱仪测定(iCAP 6300, Thermo Fisher, USA)。铵态氮(NH₄⁺)和硝态氮(NO₃⁻)使用 KCl 溶液浸提,连续流动分析仪(Seal AA3)测定。

1.5 统计分析

采用单因素方差分析检验研究地点对土壤理化性质、不同类群微生物生物量、相对丰度和比值的影响,并对具有显著影响的变量进行 Tukey HSD 多重比较(显著性水平为 $\alpha = 0.05$)。采用基于 Bray-Curtis 距离的非度量多维尺度分析(Non-metric multidimensional scaling, NMDS)和群落相似性检验(Analysis of similarities, ANOSIM)比较不同研究地点土壤微生物群落结构的差异及显著性。利用变差分解(Variation partitioning analysis, VPA)量化气候、土壤和植被因子对土壤微生物群落结构变化的解释率。通过前向选择蒙特卡洛检验(MonteCarlo permutation test)后显著的解释变量进行冗余分析(Redundancy analysis, RDA),以确定显著的解释变量对土壤微生物群落结构变异的贡献。利用随机森林模型(Random forest model)计算气候、土壤和植被因子对土壤总微生物生物量和各类群微生物生物量的相对重要性。所有的统计分析在 SPSS 22.0 软件和 R 4.2.2 软件中完成。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

不同研究点间仅土壤容重、全碳和铵态氮含量无显著差异($P > 0.05$, 表 2)。土壤含水量以 YR 最高, YM

最低,HP 和 LQ 分别与 YS 和 YM 无显著差异。土壤 pH 值和全磷在 LQ 最高,YM 最低。TN 含量以 LQ 最高,YR 最低,YS 与其他研究点均无显著差异,但 LQ 显著高于 HP 和 YR。YR 的 C:N 最高,显著高于 YM 和 LQ,HP 则与其他研究点无显著差异。土壤 C:P 和 N:P 以 YM 最高,其次分别为 YS、HP、YR 和 LQ。 NO_3^- 含量以 YM 最高,HP 和 YR 最低。

表 2 不同研究点植物群落土壤理化性质

Table 2 Soil physicochemical properties of plant communities at different study sites

植标 Indicators	研究点 Study site					方差分析 ANOVA	
	YS	HP	YR	YM	LQ	F	P
容重 SBD/(g/cm ³)	1.44±0.03	1.36±0.01	1.39±0.04	1.36±0.05	1.28±0.07	1.70	0.190
含水量 WC/(%)	6.89±0.55ab	4.95±0.52bc	8.00±0.76a	2.78±0.29c	4.89±1.01bc	8.94	<0.001
pH	7.38±0.10a	6.18±0.12b	5.95±0.19b	5.42±0.08c	7.78±0.03a	74.35	<0.001
全碳 TC/(g/kg)	31.43±12.22	13.34±0.95	11.42±0.93	37.11±10.04	39.33±11.23	2.32	0.092
全氮 TN/(g/kg)	1.67±0.50abc	0.80±0.08bc	0.58±0.06c	2.48±0.80ab	2.94±0.84a	5.94	0.003
全磷 TP/(g/kg)	0.34±0.04b	0.24±0.03b	0.22±0.03b	0.17±0.01b	1.86±0.10a	184.36	<0.001
碳氮比 C:N	17.72±1.25ab	16.85±0.46abc	20.00±0.91a	16.04±1.00bc	13.77±0.66c	6.49	0.002
碳磷比 C:P	83.04±21.24ab	60.61±9.10b	55.31±5.83b	212.66±49.86a	22.08±6.51c	13.07	<0.001
氮磷比 N:P	4.53±0.81ab	3.66±0.63bc	2.75±0.19bc	14.14±4.02a	1.66±0.49c	10.31	<0.001
铵态氮 NH_4^+ /(mg/kg)	24.90±0.85	25.68±0.72	27.01±0.86	24.19±0.59	25.99±1.34	1.40	0.269
硝态氮 NO_3^- /(mg/kg)	1.51±0.17ab	0.43±0.19c	0.61±0.07c	2.06±0.24a	1.36±0.08b	16.89	<0.001

$n=5$;SBD:容重 Soil bulk density;WC:含水量 Soil water content;pH:酸碱度 Potential of hydrogen;TC:全碳 Total carbon;TN:全氮 Total nitrogen;TP:全磷 Total phosphorus;C:N:碳氮比 Ratio of total carbon to total nitrogen;C:P:碳磷比 Ratio of total carbon to total phosphorus;N:P:氮磷比 Ratio of total nitrogen to total phosphorus; NH_4^+ :铵态氮 Ammonium nitrogen; NO_3^- :硝态氮 Nitrate nitrogen;ANOVA:方差分析 Analysis of variance

2.2 土壤微生物生物量

不同研究点间土壤总 PLFAs 及各类群 PLFAs 含量差异显著 ($P<0.05$,图 1)。土壤总 PLFAs 含量介于

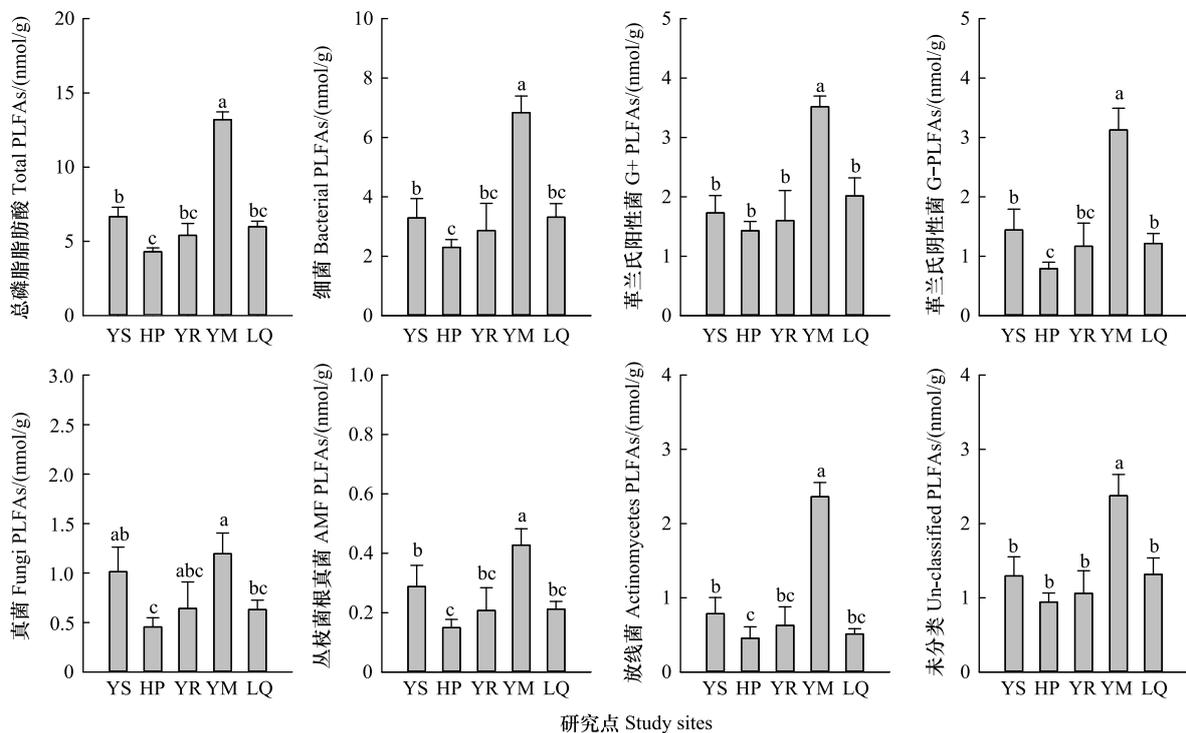


图 1 不同研究点土壤微生物功能群 PLFAs 含量

Fig.1 PLFAs concentrations of soil microbial functional groups at different study sites

不同字母表示不同研究点间差异显著 ($P<0.05$);YS:永胜 Yongsheng;HP:华坪 Huaping;YR:永仁 Yongren;YM:元谋 Yuanmou;LQ:禄劝 Luquan;PLFAs:磷脂脂肪酸 Phospholipid fatty acids;G+:革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria;G-:革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria;AMF:丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi

4.30—13.20 nmol/g,以 YM 显著最高,YS 显著高于 HP。土壤细菌、AMF 和放线菌 PLFAs 含量在研究点间的变化模式与总 PLFAs 一致。G+和未分类 PLFAs 含量为 YM 显著高于其他研究点。G- PLFAs 含量以 YM 显著最高,且 YS 和 LQ 显著高于 HP,而 YR 仅显著小于 YM。真菌 PLFAs 含量为 YM 显著高于 LQ 和 HP,YS 显著高于 HP。

2.3 土壤微生物区系组成及群落结构特征

土壤总 PLFAs 含量以细菌 PLFAs 为主(图 2),其中,G+占总 PLFAs 的比例最大,介于 26.22%—33.65%,表现为 HP 和 LQ 显著最高,YS 显著低于 YR。G-相对丰度介于 18.35%—23.67%,表现为 YM 显著最高,依次为 YR、YS、LQ 和 HP。一般细菌相对丰度表现为 HP 显著高于 YM 和 LQ。真菌相对丰度在 YS 最高,YR 显著高于 YM。YS 的 AMF 相对丰度显著高于 HP、YM 和 LQ。放线菌相对丰度表现为 YM 显著高于 YS,均显著高于 LQ。未分类 PLFAs 相对丰度介于 17.96%—21.97%间,在 HP 和 LQ 显著最高,在 YM 显著最低。

不同研究点土壤微生物类群 PLFAs 比例具有显著差异($P<0.05$,图 3)。真菌/细菌在 YS 显著最高,YR 显著高于 YM。HP 和 LQ 的 G+/G-和 sat/mono 显著最高,YR 的 G+/G-显著高于 YM,YR 的 sat/mono 显著高于 YS。cy/pre 表现为 HP 和 LQ 显著高于其他研究点。

非度量多维度分析结果显示不同研究点土壤样品在排序空间图中形成了不同聚类(图 4),表明土壤微生物群落结构在不同研究点间发生了变化。YM 与其他研究点在 NMDS 轴上有明显的区分,HP 和 LQ 与 YS 和 YR 在 NMDS 轴上有明显的区分。ANOSIM 检验结果证实,不同研究点土壤微生物群落结构发生了显著变化($R=0.676,P=0.001$)。

2.4 土壤微生物群落结构的影响因素

方差分解结果表明土壤微生物群落结构主要受土壤因子的影响,其单独解释了土壤微生物群落结构变异的 37%,其次为植被因子(16%)和气候因子(2%,图 5)。冗余分析得出土壤微生物群落结构受草本生物量($P=0.002$)、 NO_3^- ($P=0.002$)、TC($P=0.003$)、pH($P=0.013$)和土壤含水量($P=0.029$)的显著影响,轴 1 和轴 2 的方差贡献率分别为 74.60%和 1.36%,表明所选解释变量共同解释了 75.96%的土壤微生物群落结构变异(图 5)。

随机森林模型结果显示土壤含水量和 pH 对土壤总 PLFAs 和各类群 PLFAs 含量主要呈负效应,草本生物量、土壤 TC 和 NO_3^- 含量对土壤总 PLFAs 和各类群 PLFAs 含量主要呈正效应。除此之外,土壤 C:P 和 N:P 对土壤总 PLFAs 和各类群 PLFAs 含量具有正的影响效应(图 6)。

3 讨论

本研究区干热河谷土壤微生物生物量介于 4.30—13.20 nmol/g(图 1),明显低于中国东部南—北样带森林土壤(16.4—403.8 nmol/g)^[30]、青藏高原高寒草原(30 nmol/g)和高寒草甸(50 nmol/g)^[8],接近中国北方干旱和半干旱草地变化范围的下边界(1.77—129 nmol/g)^[9],与云南元谋不同海拔车桑子根际土壤(7.67 nmol/g 和

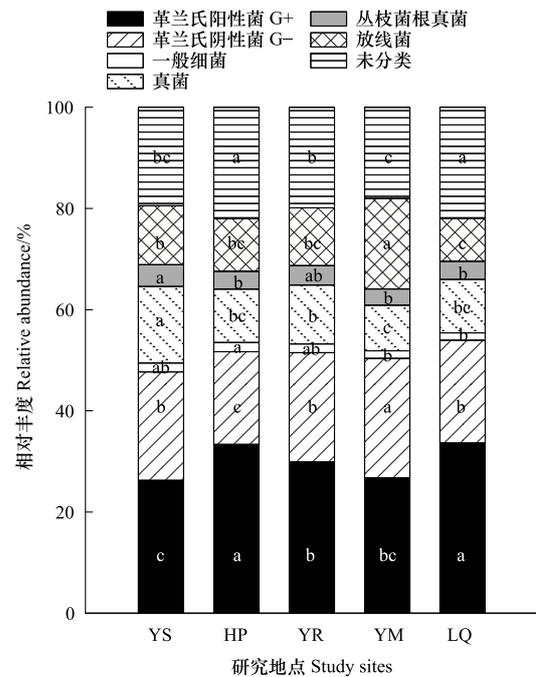


图 2 不同研究点土壤微生物功能群 PLFAs 的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of PLFAs in soil microbial functional groups at different study sites

不同字母代表土壤微生物功能群 PLFAs 相对丰度在不同研究点间差异显著($P<0.05$)

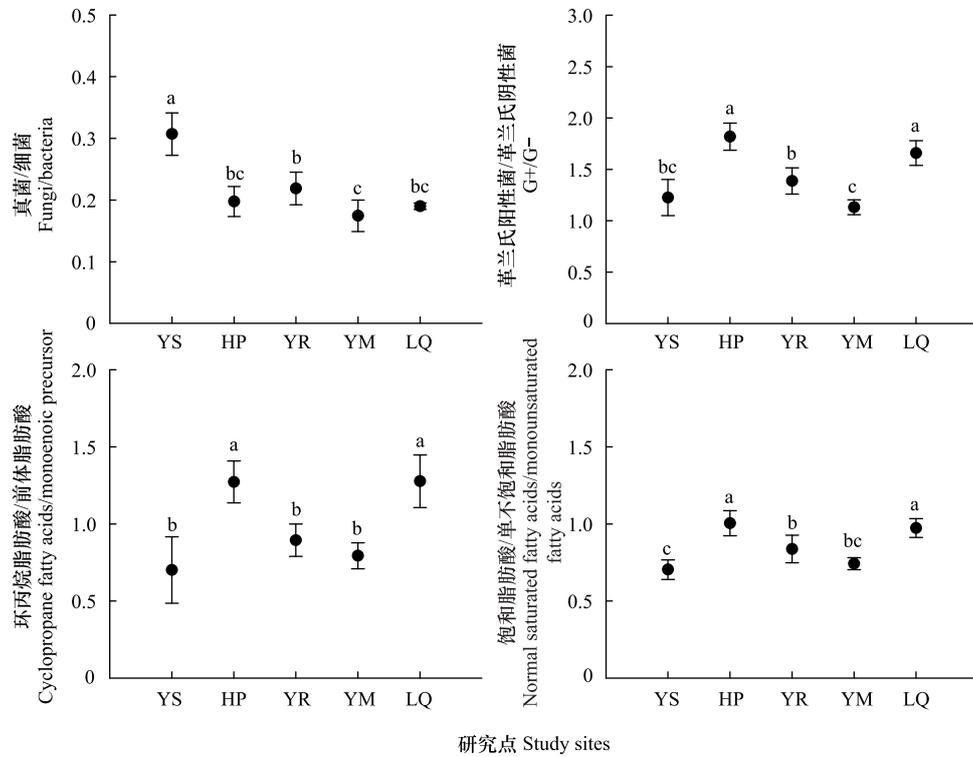


图3 不同研究点土壤微生物类群 PLFAs 比例

Fig.3 The ratios of PLFAs in soil microbial groups at different study sites

不同字母代表土壤微生物类群 PLFAs 比例在不同研究点间差异显著 ($P < 0.05$)

12.00 nmol/g)^[31]和四川理县岷江干旱河谷区岷江柏人工林土壤(11.33—16.23 nmol/g)^[32]相近。与其他区域尺度上的研究结果一致^[1,7],土壤总微生物生物量及各类群微生物生物量在研究点间差异显著(图1),并且在研究点间的变化趋势基本一致,总体以YM最高,HP最低(图1),这可能与不同地点土壤微生物所处环境条件下生理胁迫程度不同有关。cy/pre和sat/mono通常被用作表征土壤微生物生理胁迫的指标,较高的比值表明微生物遭受较严重的养分限制或环境胁迫^[28,33]。本研究土壤中总微生物生物量与cy/pre($r = -0.53, P = 0.007$)和sat/mono($r = -0.60, P = 0.002$)显著负相关,表明生理胁迫加剧会抑制微生物生长和繁殖。土壤微生物生物量总体呈现随着生境年均降雨量增加而下降的规律,但与年均温关系不明显。这不支持假设1,并与较大尺度或跨气候区研究得出的温度主导效应不同^[34],可能是因为年均降雨量增加通过提高土壤水分含量和改变植物群落(如增加木本植物,表1),加剧了植物与微生物间的水分竞争,进而抑制微生物的生长。这种负效应在减雨实验^[35]和旱季与雨季的对比研究^[36-37]中同样有发现。因此,本研究区土壤微生物生物量较低可能是干热的环境条件限制了微生物增殖生长和群落构建^[2]。

不同研究点土壤微生物群落组成以细菌生物量占绝对优势(49.45%—55.43%),这与对林地、灌丛和草地

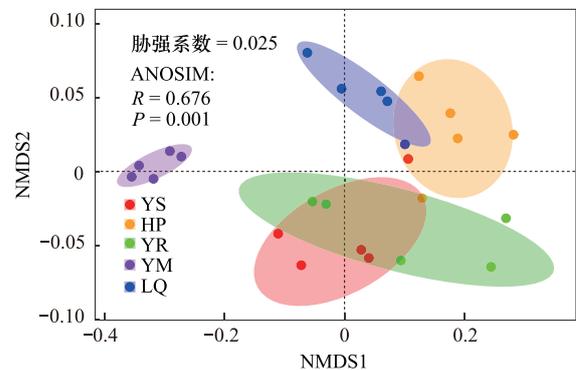


图4 基于非度量多维尺度(NMDS)分析和ANOSIM检验的不同研究点土壤微生物群落结构差异

Fig.4 Differences in soil microbial community structure among study sites based on non-metric multidimensional scale (NMDS) analysis and ANOSIM test

不同字母代表不同研究点间差异显著 ($P < 0.05$)

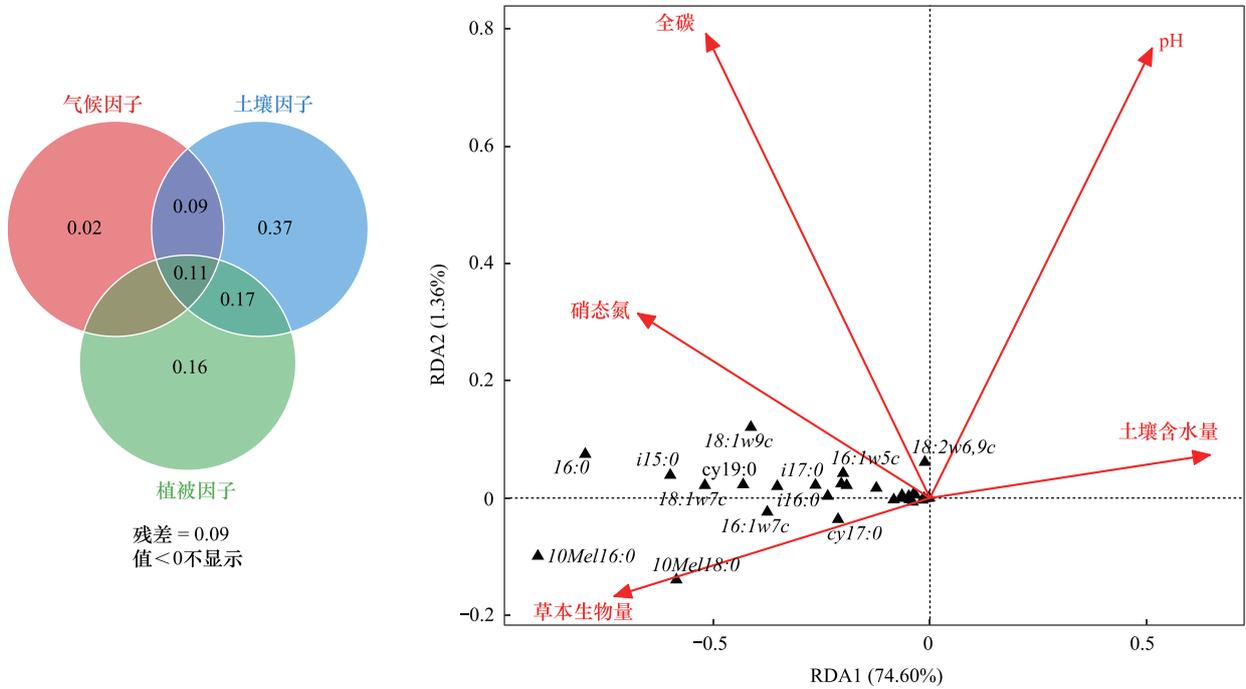


图 5 气候、土壤和植被因子对土壤微生物群落结构影响的变差分解(VPA)和冗余分析(RDA)

Fig.5 Variation partitioning (VPA) and redundancy analysis (RDA) showing the effects of climatic, edaphic and vegetation factors on soil microbial community structure

RDA 分析采用 PLFAs 单体表征微生物群落结构,PLFAs 单体以总碳数;双键数和双键距离分子末端位置命名;w 表示双键的位置 double bond location;10Mel;羧基末端第 10 个碳原子上有一个甲基分支 a methyl branch on the tenth C from the carboxyl end;i:支链异构 PLFA iso-PLFA;c:顺式异构体 cis-isomer;cy:环丙基脂肪酸 cyclopropane fatty acids

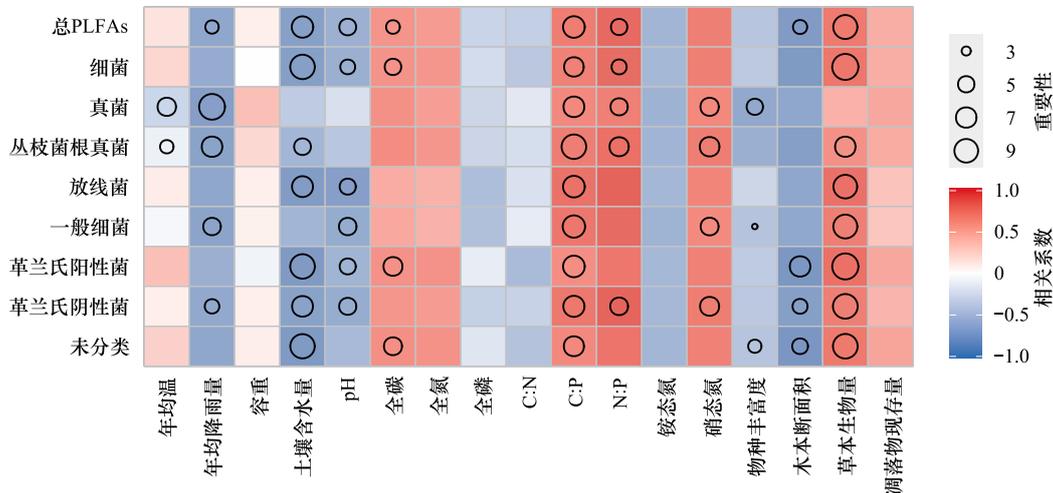


图 6 基于随机森林模型的气候、土壤和植被因子对土壤总微生物和各类群微生物 PLFAs 变化的相对贡献

Fig.6 Relative contributions of climatic, edaphic and vegetation factors to the changes in PLFAs contents of total microbes and specific functional groups based on random forest model

C:N:碳氮比 Ratio of total carbon to total nitrogen;C:P:碳磷比 Ratio of total carbon to total phosphorus;N:P:氮磷比 Ratio of total nitrogen to total phosphorus

等的研究结果一致[38]。土壤放线菌生物量在本研究中具有较高的比例(8.57%—17.91%),可能是因为放线菌能较好地适应干旱的环境条件[39]。此外,不同研究点土壤微生物具有较高的未分类微生物生物量占比,表

明以功能类群微生物的划分表征微生物群落结构具有一定的不确定性^[40]。虽然 PLFAs 法能够精确表征不同类群的微生物生物量,但其丰度仅能够相对宏观的表征土壤微生物群落结构^[41],进而导致不同研究点间各类群微生物生物量相对丰度差异显著,但土壤微生物群落组成相近(图 2)。真菌/细菌和 G+/G-可以反映土壤微生物群落结构的变化,其在研究点间具有显著差异,一定程度表明土壤微生物群落结构发生了变化。进一步通过非度量多维尺度分析显示不同研究点的样本具有分散性且 ANOSIM 检验显著($P=0.001$,图 4),能够有力表明不同研究点间土壤微生物群落结构存在明显差异^[40]。

方差分解结果显示土壤微生物群落变异受土壤性质(TC、含水量、 NO_3^- 和 pH)的影响最大(图 5),与 Chen 等^[8]对青藏高原高寒草地的研究结果相似。总微生物生物量与 TC 呈显著正相关,主要由 TC 对细菌生物量的影响决定,对真菌生物量的影响不显著(图 6),因为细菌更倾向于喜好养分较高的环境条件^[10]。需要注意的是细菌由多种特异性类群组成^[42](如 G+和 G-),其在养分利用策略中不尽相同^[43]。本研究中 G+和 G-分别受 TC 和 NO_3^- 的显著影响(图 6),因为 G+属寡营养型的 K-策略微生物,具有较高的底物亲和力,能够有效地从土壤有机质中获取营养,而 G-属富营养型的 r-策略微生物,喜好利用矿质态 N 和不稳定 C^[44-46]。以上结果表明不同类群微生物具有不同的养分偏好^[7]。除了养分含量外,养分计量比(如 C/P 和 N/P)也是影响土壤微生物生物量的重要因素,与 Shen 等^[47]研究结果一致。

本研究结果印证了土壤 pH 是调控土壤微生物群落结构的重要因素^[1,48],主要影响细菌生物量,对真菌生物量的影响不显著(图 6),与 Rousk 等^[49]得出的结果相符,可能是因为真菌适宜生长的 pH 范围较细菌更广。Bååth 等指出 pH 在 3.0—7.2 范围内,真菌生物量与 pH 没有显著相关性,而本研究中土壤 pH 介于 5.42—7.78(表 2),可能是 pH 没有显著影响真菌生物量的重要原因。与土壤 pH 相似,土壤水分主要影响细菌生物量,而对真菌生物量的影响较弱(图 6),一方面是由于真菌的几丁质细胞壁使它们对湿度的变化更有弹性^[38],另一方面是因为真菌菌丝可以在低土壤湿度的条件下利用基质^[50]。

植被因子,主要是草本生物量也是影响土壤微生物群落变异的重要因子,表现为对土壤微生物生物量正向影响效应(图 6)。这支持了假设 2,并强调了草本植物在干热河谷生境下的重要生态作用^[51]。前人研究表明干热河谷区优势乡土草本植物能够有效增加土壤养分含量,为微生物生长繁殖提供了能量和物质来源^[52],而人工恢复的木本植物群落中,虽然能够快速增加林下物种多样性,但对土壤养分的恢复较慢^[53]。因此,在退化干热河谷地区植被恢复,尤其是土壤功能的恢复应注重发挥草本植物的重要作用,这是恢复和改善生态环境方面的基础^[54]。

4 结论

通过对云南金沙江流域干热河谷不同地点土壤微生物群落结构特征及其受气候、植被因子和土壤性质的相对影响进行研究,得出不同研究点土壤微生物生物量具有显著差异,可能与微生物所受生理胁迫程度不同有关。本研究揭示了研究点间土壤微生物群落结构具有显著差异,并主要受土壤性质的调控,其次为植被和气候因子,其中草本生物量、 NO_3^- 、TC、pH 和含水量对土壤微生物群落结构具有显著影响。土壤水分作为干热河谷区的生态限制因子,在不同研究地点间表现为对土壤微生物生物量负的影响效应,可能与植物群落的改变有关。草本生物量对土壤微生物生物量具有显著的正向效应,强调了草本植物在干热河谷生境下的重要生态作用。研究结果对退化干热河谷地区植被恢复措施的制定,尤其是土壤功能的恢复方面具有重要的科学价值。

参考文献(References):

- [1] Kang H Z, Yu W J, Dutta S, Gao H H. Soil microbial community composition and function are closely associated with soil organic matter chemistry along a latitudinal gradient. *Geoderma*, 2021, 383: 114744.
- [2] Wan X H, Chen X L, Huang Z Q, Chen H Y H. Global soil microbial biomass decreases with aridity and land-use intensification. *Global Ecology and Biogeography*, 2021, 30(5): 1056-1069.

- [3] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 2008, 11(3): 296-310.
- [4] Guo X, Chen H Y H, Meng M, Biswas S R, Ye L, Zhang J. 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.
- [5] 李茜, 王晖, 栾军伟, 高丙, 王一, 刘世荣. 树种多样性和土壤微生物多样性对人工林生产力的影响. *生态学报*, 2023, 43(12): 4984-4994.
- [6] Waring B G, Averill C, Hawkes C V. Differences in fungal and bacterial physiology alter soil carbon and nitrogen cycling: insights from meta-analysis and theoretical models. *Ecology Letters*, 2013, 16(7): 887-894.
- [7] Xu Z W, Yu G R, Zhang X Y, He N P, Wang Q F, Wang S Z, Xu X F, Wang R L, Zhao N. Biogeographical patterns of soil microbial community as influenced by soil characteristics and climate across Chinese forest biomes. *Applied Soil Ecology*, 2018, 124: 298-305.
- [8] Chen Y L, Ding J Z, Peng Y F, Li F, Yang G B, Liu L, Qin S Q, Fang K, Yang Y H. Patterns and drivers of soil microbial communities in Tibetan alpine and global terrestrial ecosystems. *Journal of Biogeography*, 2016, 43(10): 2027-2039.
- [9] Hu Y J, Xiang D, Veresoglou S D, Chen F L, Chen Y L, Hao Z P, Zhang X, Chen B D. Soil organic carbon and soil structure are driving microbial abundance and community composition across the arid and semi-arid grasslands in Northern China. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 77: 51-57.
- [10] Xu Z W, Yu G R, Zhang X Y, He N P, Wang Q F, Wang S Z, Xu X F, Wang R L, Zhao N. Divergence of dominant factors in soil microbial communities and functions in forest ecosystems along a climatic gradient. *Biogeosciences*, 2018, 15(4): 1217-1228.
- [11] Richter A, Schöning I, Kahl T, Bauhus J, Ruess L. Regional environmental conditions shape microbial community structure stronger than local forest management intensity. *Forest Ecology and Management*, 2018, 409: 250-259.
- [12] Herold N, Schöning I, Gutknecht J, Alt F, Boch S, Müller J, Oelmann Y, Socher S A, Wilcke W, Wubet T, Schrupf M. Soil property and management effects on grassland microbial communities across a latitudinal gradient in Germany. *Applied Soil Ecology*, 2014, 73: 41-50.
- [13] Xue P P, Carrillo Y, Pino V, Minasny B, McBratney A B. Soil properties drive microbial community structure in a large scale transect in south eastern Australia. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 11725.
- [14] Brockett B F T, Prescott C E, Grayston S J. Soil moisture is the major factor influencing microbial community structure and enzyme activities across seven biogeoclimatic zones in western Canada. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 44(1): 9-20.
- [15] Waldrop M P, Holloway J M, Smith D B, Goldhaber M B, Drenovsky R E, Scow K M, Dick R, Howard D, Wylie B, Grace J B. The interacting roles of climate, soils, and plant production on soil microbial communities at a continental scale. *Ecology*, 2017, 98(7): 1957-1967.
- [16] Ushio M, Wagai R, Balsler T C, Kitayama K. Variations in the soil microbial community composition of a tropical montane forest ecosystem: does tree species matter? *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(10): 2699-2702.
- [17] Dong R Z, Wang X L, Wang Y L, Ma Y S, Yang S H, Zhang L T, Zhang M, Qin J P, Quzha R Z. Differences in soil microbial communities with successional stage depend on vegetation coverage and soil substrates in alpine desert shrublands. *Plant and Soil*, 2023, 485(1): 549-568.
- [18] Chen D M, Cheng J H, Chu P F, Hu S J, Xie Y C, Tuvshintogtokh I, Bai Y F. Regional-scale patterns of soil microbes and nematodes across grasslands on the Mongolian Plateau: relationships with climate, soil, and plants. *Ecography*, 2015, 38(6): 622-631.
- [19] Chen D M, Mi J, Chu P F, Cheng J H, Zhang L X, Pan Q M, Xie Y C, Bai Y F. Patterns and drivers of soil microbial communities along a precipitation gradient on the Mongolian Plateau. *Landscape Ecology*, 2015, 30(9): 1669-1682.
- [20] Yang T H, Li X J, Hu B, Wei D D, Wang Z L, Bao W K. Soil microbial biomass and community composition along a latitudinal gradient in the arid valleys of southwest China. *Geoderma*, 2022, 413: 115750.
- [21] 杨济达, 张志明, 沈泽昊, 欧晓昆, 耿宇鹏, 杨明玉. 云南干热河谷植被与环境研究进展. *生物多样性*, 2016, 24(4): 462-474.
- [22] Yuan Y, Xiong D H, Wu H, Zhang S, Zhang B J, Dahal N M, Liu L, Li W X, Zhang W D, Shi L T. Spatial variation of soil physical properties and its relationship with plant biomass in degraded slopes in dry-hot valley region of Southwest China. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, 20(5): 2354-2366.
- [23] Zhu H, Tan Y H, Yan L C, Liu F Y. Flora of the savanna-like vegetation in hot dry valleys, southwestern China with implications to their origin and evolution. *The Botanical Review*, 2020, 86(3): 281-297.
- [24] 张建利, 沈蕊, 施雯, 柳小康, 欧晓昆. 金沙江流域干热河谷上中下游草地植物群落结构与相似性. *生态环境学报*, 2010, 19(6): 1272-1277.
- [25] Peng S L, Chen A Q, Fang H D, Wu J L, Liu G C. Effects of vegetation restoration types on soil quality in Yuanmou dry-hot valley, China. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2013, 59(3): 347-360.
- [26] Zhou Y, Bomfim B, Bond W J, Boutton T W, Case M F, Coetsee C, Davies A B, February E C, Gray E F, Silva L C R, Wright J L, Staver A C. Soil carbon in tropical savannas mostly derived from grasses. *Nature Geoscience*, 2023, 16: 710-716.
- [27] Bossio D A, Scow K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. *Microbial Ecology*, 1998, 35(3): 265-278.
- [28] Yan Y J, Dai Q H, Hu G, Jiao Q, Mei L N, Fu W B. Effects of vegetation type on the microbial characteristics of the fissure soil-plant systems in Karst rocky desertification regions of SW China. *Science of the Total Environment*, 2020, 712: 136543.
- [29] Canarini A, Carrillo Y, Mariotte P, Ingram L, Dijkstra F A. Soil microbial community resistance to drought and links to C stabilization in an

- Australian grassland. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 103: 171-180.
- [30] Chen G P, Ma S H, Tian D, Xiao W, Jiang L, Xing A J, Zou A L, Zhou L H, Shen H H, Zheng C Y, Ji C J, He H B, Zhu B, Liu L L, Fang J Y. Patterns and determinants of soil microbial residues from tropical to boreal forests. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 151: 108059.
- [31] 王雪梅, 闫帮国, 赵广, 史亮涛, 刘刚才, 方海东. 云南元谋不同海拔土壤微生物对车桑子碳、氮、磷化学计量特征及土壤特性的影响. *植物生态学报*, 2017, 41(3): 311-324.
- [32] 王卫霞, 罗达, 史作民, 李东胜, 唐敬超, 刘世荣, 刘千里, 何建社. 岷江干旱河谷造林对土壤微生物群落结构的影响. *生态学报*, 2014, 34(4): 890-898.
- [33] Wang S H, Mori T, Zou S, Zheng H F, Heděnc P, Zhu Y J, Wang W R, Li A D, Liu N, Jian S G, Liu Z F, Tan X P, Mo J M, Zhang W. Changes in vegetation types affect soil microbial communities in tropical islands of Southern China. *Global Ecology and Conservation*, 2022, 37: e02162.
- [34] 姜懿珊, 孙迎韬, 张干, 罗春玲. 中国不同气候类型森林土壤微生物群落结构及其影响因素. *生态环境学报*, 2023, 32(8): 1355-1364.
- [35] Liu Y C, Tian H M, Li J R, Wang H, Liu S R, Liu X J. Reduced precipitation neutralizes the positive impact of soil warming on soil microbial community in a temperate oak forest. *Science of the Total Environment*, 2022, 806(Pt 4): 150957.
- [36] Wang W, Cheng R, Shi Z, Ingwersen J, Luo D, Liu S. Seasonal dynamics of soil respiration and nitrification in three subtropical plantations in Southern China. *IForest-Biogeosciences and Forestry*, 2016, 9(5): 813-821.
- [37] Fu D G, Wu X N, Qiu Q T, Duan C Q, Jones D L. Seasonal variations in soil microbial communities under different land restoration types in a subtropical mountains region, Southwest China. *Applied Soil Ecology*, 2020, 153: 103634.
- [38] Zhang Q, Wu J J, Yang F, Lei Y, Zhang Q F, Cheng X L. Alterations in soil microbial community composition and biomass following agricultural land use change. *Scientific Reports*, 2016, 6: 36587.
- [39] Yao M J, Rui J P, Niu H S, Heděnc P, Li J B, He Z L, Wang J M, Cao W D, Li X Z. The differentiation of soil bacterial communities along a precipitation and temperature gradient in the eastern Inner Mongolia steppe. *CATENA*, 2017, 152: 47-56.
- [40] 方圆, 王妮, 姚晓东, 彭晓茜. 我国北方温带草地土壤微生物群落组成及其环境影响因素. *北京大学学报: 自然科学版*, 2017, 53(1): 142-150.
- [41] Frostegård Å, Tunlid A, Bååth E. Use and misuse of PLFA measurements in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(8): 1621-1625.
- [42] Pennanen T, Liski J, Bååth E, Kitunen V, Uotila J, Westman C J, Fritze H. Structure of the microbial communities in coniferous forest soils in relation to site fertility and stand development stage. *Microbial Ecology*, 1999, 38(2): 168-179.
- [43] Fanin N, Kardol P, Farrell M, Nilsson M C, Gundale M J, Wardle D A. The ratio of Gram-positive to Gram-negative bacterial PLFA markers as an indicator of carbon availability in organic soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 128: 111-114.
- [44] Zhou Z H, Wang C K, Jiang L F, Luo Y Q. Trends in soil microbial communities during secondary succession. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 115: 92-99.
- [45] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [46] Männistö M, Ganzert L, Tiirola M, Häggblom M M, Stark S. Do shifts in life strategies explain microbial community responses to increasing nitrogen in tundra soil? *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 96: 216-228.
- [47] Shen F F, Wu J P, Fan H B, Liu W F, Guo X M, Duan H L, Hu L, Lei X M, Wei X H. Soil N/P and C/P ratio regulate the responses of soil microbial community composition and enzyme activities in a long-term nitrogen loaded Chinese fir forest. *Plant and Soil*, 2019, 436(1): 91-107.
- [48] 张昊, 姜娜, 樊林染, 张思宇, 王慧, 刘红梅, 朱晓昱, 张海芳, 杨殿林. 长期养分添加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落的影响. *生态学报*, 2024, 44(3): 1130-1139.
- [49] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, Lauber C L, Lozupone C, Caporaso J 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.
- [50] Von Rein I, Gessler A, Premke K, Keitel C, Ulrich A, Kayler Z E. Forest understory plant and soil microbial response to an experimentally induced drought and heat-pulse event: the importance of maintaining the continuum. *Global Change Biology*, 2016, 22(8): 2861-2874.
- [51] Chai Z X, Fan J R, Liu S Z, Li Y. Study on the restoration of vegetation in arid-hot valleys along the Jinshajiang River. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2002, 48(4): 329-334.
- [52] 和润莲, 闫帮国, 孙毅, 何光熊, 史亮涛. 植物种和氮添加对元谋干热河谷草地土壤有机碳分解的影响. *应用与环境生物学报*, 2021, 27(6): 1547-1553.
- [53] 窦沛彤, 贺思腾, 高成杰, 李昆, 刘方炎. 干热河谷不同恢复群落对林下物种多样性和土壤理化性质的影响. *浙江农林大学学报*, 2022, 39(3): 616-624.
- [54] Zhang M Z, Zhu H Y, Jin J, Shi L T, Sha Y C. Grass litter decomposition rate and water-holding capacity in dry-hot valley of Jinshajiang River. *Wuhan University Journal of Natural Sciences*, 2009, 14(1): 92-96.