DOI: 10.20103/j.stxb.202412223138

罗达,刘顺,王卫霞,史作民.岷江柏人工林恢复年限和经营模式对土壤微生物群落结构的影响.生态学报,2026,46(8): - .

Luo D,Liu S,Wang W X,Shi Z M.Effects of restoration years and management regimes of *Cupressus chengiana* plantations on soil microbial community structure.Acta Ecologica Sinica,2026,46(8): - .

岷江柏人工林恢复年限和经营模式对土壤微生物群落结构的影响

罗 达[1],刘 顺[2,3],王卫霞[4],史作民[2,3,5,*]

1 怀化学院,怀化 418008

2 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

3 四川米亚罗森林生态系统国家定位观测研究站,理县 623100

4 新疆农业大学林学与风景园林学院,乌鲁木齐 830052

5 南京林业大学南方现代林业协同创新中心,南京 210037

摘要:土壤微生物对于维持森林生态系统的结构和功能起着极其重要的作用。岷江柏人工林的经营管理是提升人工林生态和经济效益并促进生态系统健康稳定的重要营林活动,然而,其对土壤微生物群落结构影响的研究却鲜有探及。以岷江干旱河谷区岷江柏人工林为研究对象,采用磷脂脂肪酸(PLFA)技术,探讨不同恢复年限(5 a 和 9 a)和经营模式(修枝、林下植被去除、修枝+林下植被去除)下土壤理化性质和微生物群落结构的变化及其主要影响因子,以期为岷江柏人工林的经营管理提供科学依据。结果表明,恢复 9 a 的土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)、碳磷比(C/P)和氮磷比(N/P)较恢复 5 a 显著提高(P<0.05),全钾(TK)显著降低(P<0.05)。与对照相比,修枝对土壤理化性质的影响不显著,但林下植被去除与修枝+林下植被去除显著降低了土壤含水量(SWC)、SOC、TN、C/P 和 N/P(P<0.05)。除均匀度外,恢复 9 a 的微生物多样性指数明显高于恢复 5 a(P<0.05),经营模式对微生物多样性并未产生显著影响。恢复 9 a 的总 PLFAs、各类群 PLFAs、细菌各类群 PLFAs、真菌/细菌比、环丙烷/单烯不饱和脂肪酸较恢复 5 a 均显著提高(P<0.05)。修枝提高了总 PLFAs 和各类群 PLFAs(P>0.05),不同经营模式均显著提高了真菌/细菌比(P<0.05)。主成分分析表明,第 1 和第 2 主成分共同解释了微生物群落结构总变异的 66.63%。恢复年限与林下植被去除显著改变了微生物群落结构,而修枝与修枝+林下植被去除的影响不显著。基于冗余分析发现,SOC、TK 和 C/P 是影响微生物群落特征的主要驱动因素。随着岷江柏人工林恢复年限的延长,土壤肥力与微生物多样性和生物量得以提高,生态系统恢复进程稳定。尽管修枝后土壤肥力并未得到明显改善,但一定程度提高了微生物生物量,同时维持了较高的植被生产力,可为岷江柏人工林的经营管理提供参考。

关键词:恢复年限;经营模式;土壤微生物群落;磷脂脂肪酸;土壤理化性质;岷江柏人工林

Effects of restoration years and management regimes of *Cupressus chengiana* plantations on soil microbial community structure

LUO Da[1],LIU Shun[2,3],WANG Weixia[4],SHI Zuomin[2,3,5,*]

1 *Huaihua University*, *Huaihua* 418008, *China*

2 *Key Laboratory of Forest Ecology and Environment of National Forestry and Grassland Administration*, *Institute of Forest Ecology*, *Environment and Nature Protection*, *Chinese Academy of Forestry*, *Beijing* 100091, *China*

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

4 *College of Forestry and Landscape Architecture*, *Xinjiang Agricultural University*, *Urumqi* 830052, *China*

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

基金项目:"十四五"国家重点研发计划项目(2021YFD2200405, 2023YFD2200404-03);高层次人才引进科研启动资金项目(2023RCYJ007)

收稿日期:2024-12-22; **网络出版日期**:2026-00-00

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

Abstract: Soil microorganisms play an extremely important role in maintaining the structure and function of the forest ecosystem. The management of *Cupressus chengiana* plantations is an important silvicultural measure to improve the ecological and economic benefits of plantations and promote the health and stability of ecosystems. However, few studies have focused on its effects on soil microbial community structure. In this study, the *C. chengiana* plantations in the arid valley of Minjiang River were selected as the research object, the changes of soil physical and chemical properties and microbial community structure under different restoration years (5 years and 9 years) and management regimes (pruning, understory removal, pruning+understory removal) were discussed by using phospholipid fatty acid (PLFA) technology, and their main influencing factors were analyzed, in order to provide scientific basis for the management of *C. chengiana* plantations. The results showed that the soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), carbon to phosphorus ratio (C/P), and nitrogen to phosphorus ratio (N/P) of the 9-year restored plantation were significantly higher than those of the 5-year restored plantation ($P<0.05$), and the total potassium (TK) decreased significantly ($P<0.05$). Compared with the control, pruning had no significant effect on soil physical and chemical properties, but understory removal and pruning+understory removal significantly reduced the soil water content (SWC), SOC, TN, C/P, and N/P ($P<0.05$). In addition to the evenness index, the microbial diversity index after 9 years of restoration was significantly higher than that after 5 years of restoration ($P<0.05$), while the management regime had no significant effect on microbial diversity. The total PLFAs, various groups of PLFAs, various groups of bacterial PLFAs, the ratio of fungi to bacteria, and the ratio of cyclopropane to monounsaturated fatty acids of the 9-year restored plantation were significantly higher than those of the 5-year restored plantation ($P<0.05$). Pruning increased the total PLFAs and various groups of PLFAs ($P>0.05$), while different management regimes significantly increased the ratio of fungi to bacteria ($P<0.05$). Principal component analysis showed that the first and second principal components together explained 66.63% of the total variation in microbial community structure. Restoration years and understory removal significantly altered the microbial community structure, while pruning and pruning+understory removal had no significant effect. Based on redundancy analysis, SOC, TK, and C/P were identified as the main driving factors influencing microbial community characteristics. With the extension of the restoration years of *C. chengiana* plantation, soil fertility, microbial diversity, and biomass have been improved, and the ecosystem is in a stable restoration process. Although the soil fertility after pruning has not been significantly improved, it has improved the microbial biomass to a certain extent, while maintaining a high vegetation productivity, which can provide a scientific reference for the management of *C. chengiana* plantation.

Key Words: restoration years; management regime; soil microbial community; phospholipid fatty acid; soil physical and chemical property; *Cupressus chengiana* plantation

土壤微生物作为森林生态系统的关键组分,对土壤中的营养物质循环、有机物分解以及土壤结构形成起着重要作用[1]。土壤微生物对土壤环境的变化非常敏感,其群落组成与多样性的变化是生态系统过程中土壤质量的早期指标之一[2]。土壤微生物常受到森林经营实践的影响,如森林抚育[3]、采伐更新[4]、植被去除[5]、土地利用变化[6—7]等都会改变土壤微生物的生存环境,进而影响其群落组成、多样性和活性。森林经营活动可以通过改变植物与微生物的关联、凋落物的数量和质量,以及根系分泌物的组成和通量等直接影响土壤微生物群落,也可以通过改变土壤的理化性质间接影响[8]。此外,土壤微生物也受森林不同恢复阶段的影响[9]。相关研究表明,随着森林恢复年限的延长,森林环境的不断形成和逐渐稳定,土壤微生物生物量增加,微生物多样性呈现先增后减的特点[10]。因此,了解土壤微生物群落的变化,对于采取合理的经营措施来维持森林生态系统的生态功能与稳定具有重要意义。

岷江柏(*Cupressus chengiana*),柏科(Cupressaceae)柏木属(*Cupressus*)乔本,因其为岷江河谷区域局地特有种而命名,是我国二级重点保护珍稀植物。岷江柏仅产于我国四川和甘肃两省,主要分布于四川西北部岷

江上游的茂县、理县、汶川,大渡河上游的马尔康、金川、小金、丹巴及白龙江上游的南坪、武都、舟曲等地的干旱河谷[11]。岷江柏为长寿慢生针叶树种,极耐干旱贫瘠,抗逆性强,造林成活率高,具有良好的水土保持功能,一直是川西高山峡谷地区干旱河谷段水土保持和荒山造林的重要乡土树种之一。20 世纪 90 年代,川西地区的基层林业部门对岷江柏进行了人工育苗,并将其广泛用于干旱河谷区造林和退化山地生态系统的生态恢复。

尽管岷江柏的保护和恢复一直受到关注,但有关岷江柏的生态学研究仍然很薄弱。近年来,研究团队针对干旱河谷区岷江柏的生态恢复实践已开展了一些评价和研究,李东胜等[12]研究指出,在干旱河谷中山区岷江柏作为生态造林树种具有一定的生长优势,但短期造林后植被和土壤并未得到明显改善,有待更加长期的观测评价。罗达等[13]研究发现,不同造林阶段的岷江柏人工林碳氮固持变化明显,人工林生态系统随着恢复年限的延长能够持续积累有机碳和氮。王卫霞等[14]研究得出,土壤微生物生物量和各菌群生物量随着造林时间的增加而增加,且退耕还林地明显高于宜林荒山地。岷江柏的人工经营管理是提升人工林生态和经济效益以及促进生态系统健康稳定的重要营林活动,然而,关于其对土壤微生物群落结构特征影响的研究却鲜有探及。相比于基于 DNA 的方法(如 qPCR 和测序),尽管磷脂脂肪酸(PLFA)技术缺乏分类学的分辨率,但由于 PLFA 在细胞死亡后迅速降解,反而能更准确地反应微生物群落的变化,是微生物丰度在空间和时间变化趋势上最可靠的变化量[15]。

本文以岷江干旱河谷区岷江柏人工林为对象,采用 PLFA 法研究比较不同恢复年限和不同营林措施对土壤微生物多样性和群落结构的影响,探讨微生物群落对土壤环境变化的响应,从土壤微生物生态功能的角度深入认识该地区的生态恢复效果,为岷江柏人工林的经营管理提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况

研究区位于四川省阿坝藏族羌族自治州理县甘堡乡熊耳山林区(30°54′43″—31°12′12″ E,102°32′46″—103°30′30″ N)。该区属于岷江上游干旱河谷区半干旱偏湿亚类,冬季内陆气候盛行,干燥多风,降水稀少,雨季常受西藏高压和太平洋高压的影响,间歇性干旱频繁发生。极端高温 37℃,极端低温-19℃,年均温 12℃,年均降雨量 584 mm,年均蒸发量 1399 mm[12]。土壤类型为旱生灌木草丛植被下发育的山地燥褐土。

该区自 2000 年以来逐年分块营建岷江柏人工林,造林前未采取任何整地措施。不同年份造林时位置相对集中,立地条件基本一致,造林方式为平行于等高线造林,株行距为 1.5 m×1.5 m,苗木均来源于相同管理条件的苗圃基地,苗龄 2 a[12]。造林地林下植被具有典型干旱河谷的特性,以灌丛为优势群落,表现为多刺、多毛、小叶、质厚、低矮或匍匐生长等适应旱生的形态特征,以川甘亚菊(*Ajania potaninii*)、光果莸(*Caryopteris tangutica*)、白刺花(*Sorphora davidi*)、小叶杭子梢(*Campylotropis wilsonii*)、小马鞍羊蹄甲(*Bauhinia faberi*)和刺旋花(*Convolrulus tragacanthoides*)等物种为主。

1.2　样地设置与样品采集

2012 年 4 月,选择 2007 年营建的岷江柏人工林为研究对象,采集土壤作为恢复 5 a 的处理。森林抚育、林分结构调整与优化、采伐更新、林地利用变化等森林经营管理措施是林分经营过程中重要的营林活动,对林分的生长发育起着至关重要的作用。其中,幼龄林抚育管理主要包括林地管理(土壤改良、施肥、割灌、松土除草等)和林木管理(补植、修枝、幼苗保护等)。参照川西亚高山幼龄岷江柏人工林的主要经营方式,本研究选择 3 种经营管理模式,分别为修枝、林下植被去除、修枝+林下植被去除,并设置对照。其中,修枝时确保树高 1/3 以下的枝条全部剔除,林下植被去除时确保去除的植被全部移至林地外。2016 年 6 月,调查不同恢复年限和经营模式岷江柏人工林林分情况(表 1)。同时,在不同经营模式的人工林中分别设置 3 个面积为 20 m×20 m 的样地,每块样地之间至少间隔 100 m 以上。采样时,在每块样地内用直径为 8 cm 的土钻按对角线采集 5 个表层(0—10 cm)土壤样品,除去动植物残体和石块等杂质后混匀装入塑料袋,然后密封保存于冰盒迅

速带回实验室。采集的新鲜土样在实验室内一分为二,其中一份过 2 mm 土筛后尽快进行微生物群落结构分析;另一份自然风干后过 0.25 mm 细筛,用于理化性质分析。

表 1 不同恢复年限和经营模式岷江柏人工林林分情况

Table 1 Stand information of *Cupressus chengiana* plantations with different restoration years and management regimes

编号 No.	恢复年限 Restoration years	经营模式 Management regime	调查年份 Investigation year	树高/m Height	基径/cm Basal diameter	海拔/m Altitude	坡度/(°) Slop
A	5		2012	1.31±0.04	2.61±0.09	2336	28
B	9	对照	2016	1.66±0.04	4.90±0.09	2331	28
C		修枝	2016	2.20±0.06	4.48±0.11	2362	27
D		林下植被去除	2016	1.88±0.05	4.96±0.18	2402	30
E		修枝+林下植被去除	2016	1.95±0.05	4.83±0.08	2387	32

1.3 指标测定

1.3.1 土壤理化性质分析

参照刘光崧[16]的方法,采用环刀烘干称重法测定土壤容重(BD)和土壤含水量(SWC);土壤 pH 值采用玻璃电极法(水土质量比 2.5:1)测定;采用重铬酸钾外加热法测定土壤有机碳(SOC);凯氏定氮法测定土壤全氮(TN);采用等离子体发射光谱法测定全磷(TP)和全钾(TK);并分别计算碳氮比(C/N)、碳磷比(C/P)和氮磷比(N/P)。

1.3.2 土壤微生物群落结构分析

土壤微生物群落结构在中国科学院华南植物园采用 PLFA 技术进行测定与分析[17—18],主要过程分为浸提、分离、提纯、萃取磷脂,并酯化形成脂肪酸甲酯。微生物各特征 PLFA 生物标记的相对丰度采用色谱法测定,然后利用微生物特征 PLFA 的相对丰度与正十九烷脂肪酸甲酯(19:0)为内标来计算各特征 PLFA 的含量。PLFA 的相对丰度用 mol%表示,PLFA 的相对含量采用 nmol/g 干土进行描述。用以表征各微生物类群的 PLFA 生物标记如表 2 所示。

表 2 检验土壤微生物群落的 PLFA 生物标记

Table 2 PLFA biomarkers investigated for soil microbial communities

微生物类群 Microbial group	PLFA 生物标记 PLFA biomarker
总脂肪酸 Total fatty acid	所有脂肪酸之和 Sum of all fatty acid
细菌脂肪酸 Bacterial fatty acid	i14:0+14:0+i15:0+a15:0+i16:0+16:1ω7c+16:0+i17:0+a17:0+cy17:0+17:0+18:1ω7c+18:0+cy19:0
真菌脂肪酸 Fungal fatty acid	18:1ω9c+18:2ω6,9c
放线菌脂肪酸 Actinobacterial fatty acid	10Me16:0+10Me17:0+10Me18:0
丛枝菌根真菌脂肪酸 AMF fatty acid	16:1ω5c
革兰氏阳性细菌脂肪酸 G^+ fatty acid	i14:0+i15:0+a15:0+i16:0+i17:0+a17:0
革兰氏阴性细菌脂肪酸 G^- fatty acid	16:1ω7c+ cy17:0+18:1ω7c+cy19:0
革兰氏阳性/革兰氏阴性 G^+/G^-	(i14:0+i15:0+a15:0+i16:0+i17:0+a17:0)/(16:1ω7c+cy17:0+18:1ω7c+cy19:0)
真菌/细菌 Fungal/Bacterial	(18:1ω9c+18:2ω6,9c)/(i14:0+14:0+i15:0+a15:0+i16:0+16:1ω7c+16:0+i17:0+a17:0+cy17:0+17:0+18:1ω7c+18:0+cy19:0)
饱和脂肪酸 Saturated fatty acid	14:0+16:0+17:0+18:0
支链脂肪酸 Branched fatty acid	i14:0+i15:0+a15:0+i16:0+i17:0+a17:0
单不饱和脂肪酸 Monounsaturated fatty acid	16:1ω7c+18:1ω7c
环丙烷脂肪酸 Cyclopropane fatty acid	cy17:0+cy19:0
环丙烷/单不饱和 Cyclopropane/monounsaturated	(cy17:0+cy19:0)/(16:1ω7c+18:1ω7c)

1.3.3　土壤微生物多样性计算

土壤微生物多样性采用 Shannon-Wiener 多样性指数(H)、Pielou 均匀度指数(J)、Simpson 优势度指数(D)和 Margalef 物种丰富度指数(M)进行描述[19—20]:

Shannon-Wiener 多样性指数(H):　　$H = -\sum (P_i \ln P_i)$

Pielou 均匀度指数(J):　　$J = H/\ln S$

Simpson 优势度指数(D):　　$D = 1 - \sum P_i^2$

Margalef 物种丰富度指数(M):　　$M = (S-1)/\ln N$

式中:$P_i = N_i/N$,N_i为第 i 种特征 PLFA 生物标记的个数,N 为所有特征 PLFA 生物标记的总个数,S 为群落中特征 PLFA 生物标记的总种类数。

1.4　数据处理与分析

在 Excel 2007 中对数据进行初步整理,然后在 SPSS 22.0 软件中采用 Shapiro-Wilk 对数据进行正态分布和方差齐性检验。采用单因素方差分析(one-way ANOVA)对不同恢复年限和经营模式下的土壤理化性质、PLFA 相对丰度和含量、微生物多样性进行差异显著性检验(Tukey 检验法,$\alpha = 0.05$)。在多元统计分析软件 Canoco 4.5 中利用主成分分析(PCA)检验不同恢复年限和经营模式之间土壤微生物群落结构的差异,冗余分析(RDA)检验土壤微生物群落结构与环境因子之间的相关性。利用软件 Origin 9.0 绘图。所有数据均为平均值±标准误。

2　结果与分析

2.1　不同恢复年限和经营模式下土壤理化性质

结果表明(表 3),恢复年限显著影响了 SOC、TK、C/P 和 N/P。恢复 9 a(B)的 SOC、C/P 和 N/P 较恢复 5 a(A)分别显著提高 22.3%、38.9%和 34.9%($P<0.05$),TK 则显著下降 21.0%($P<0.05$)。同时,恢复年限在一定程度上促进了 TN 的积累,降低了 TP。不同经营模式中,修枝(C)对林地土壤各理化性质的影响不显著($P>0.05$)。与对照(B)相比,林下植被去除(D)的 SWC、SOC、TN、C/P 和 N/P 分别显著降低 25.7%、21.8%、29.4%、40.8%和 46.7%($P<0.05$),TP 显著提高 32.0%($P<0.05$),TK 和 C/N 有所增加,但不显著($P>0.05$)。修枝+林下植被去除(E)的 SWC、SOC、TN、C/P 和 N/P 较对照(B)分别显著降低 14.4%、19.1%、30.9%、37.2%和 46.8%($P<0.05$),TP、TK 和 C/N 分别显著提高 28.4%、33.7%和 17.6%($P<0.05$)。

表 3　不同恢复年限和经营模式土壤理化性质

Table 3　Soil physical and chemical properties under different restoration years and management regimes

土壤性质 Soil property	恢复年限和经营模式 Restoration years and management regime				
	A	B	C	D	E
容重 BD/(g/cm^3)	0.95±0.03bc	1.12±0.05ab	1.12±0.06ab	1.16±0.05a	0.91±0.07c
含水量 SWC/%	12.83±0.40a	12.96±0.19a	13.74±0.26a	9.63±0.40c	11.10±0.48b
pH	7.80±0.08a	7.79±0.09a	7.76±0.05a	7.69±0.10ab	7.51±0.02b
有机碳 SOC/(g/kg)	31.59±2.23bc	38.64±2.12a	35.88±1.11ab	30.20±1.38c	31.26±1.14bc
全氮 TN/(g/kg)	3.48±0.21ab	4.12±0.26a	3.98±0.19a	2.91±0.21b	2.84±0.19b
全磷 TP/(g/kg)	0.53±0.05ab	0.46±0.02b	0.43±0.03b	0.60±0.02a	0.58±0.02a
全钾 TK/(g/kg)	3.73±0.26ab	2.95±0.11cd	2.65±0.05d	3.36±0.13bc	3.94±0.15a
碳氮比 C/N	9.07±0.13b	9.42±0.49b	9.06±0.59b	10.43±0.30ab	11.08±0.71a
碳磷比 C/P	61.37±8.11b	85.21±5.45a	83.49±4.57a	50.42±3.22b	53.50±1.53b
氮磷比 N/P	6.76±0.86b	9.12±0.88a	9.30±0.78a	4.86±0.45b	4.85±0.21b

A:恢复 5 a Restoration for 5 years;B:恢复 9 a Restoration for 9 years;C:修枝 Pruning;D:林下植被去除 Understory removal;E:修枝+林下植被去除 Pruning+Understory removal;同一指标不同字母表示不同恢复年限或经营模式间差异显著($P<0.05$);BD:容重 Bulk density;SWC:土壤含水量 Soil water content;SOC:有机碳 Soil organic carbon;TN:全氮 Total nitrogen;TP:全磷 Total phosphorus;TK:全钾 Total potassium;C/N:碳氮比 Carbon to nitrogen ratio;C/P:碳磷比 Carbon to phosphorus ratio;N/P:氮磷比 Nitrogen to phosphorus ratio

2.2 不同恢复年限和经营模式下土壤微生物多样性

从不同恢复年限和经营模式土壤中共检测出 52 种 PLFA 生物标记,其中,恢复 5 a(A)、恢复 9 a(B)、修枝(C)、林下植被去除(D)和修枝+林下植被去除(E)分别检测出 37、47、52、49、46 种,图 1 列出了提取到的 24 种具有代表性的 PLFA 生物标记。不同恢复年限和经营模式对 PLFA 生物标记的相对丰度产生显著影响,如恢复 5 a(A)的 PLFA i14:0、16:1ω9c、16:1ω7c、16:1 2OH、10Me16:0 显著高于恢复 9 a(B)(P<0.05),PLFA 16:0、18:2ω6,9c、18:1ω9c、20:1ω9c 显著低于恢复 9 a(B)(P<0.05)。24 种代表性 PLFA 生物标记的累积相对丰度超过了 87%。其中,16:0、18:1ω9c、18:1ω7c、cy19:0、10Me16:0 的相对丰度均在 5%以上,i15:0 和 16:1ω7c也超过了 4%,表明其在土壤中起主要作用。

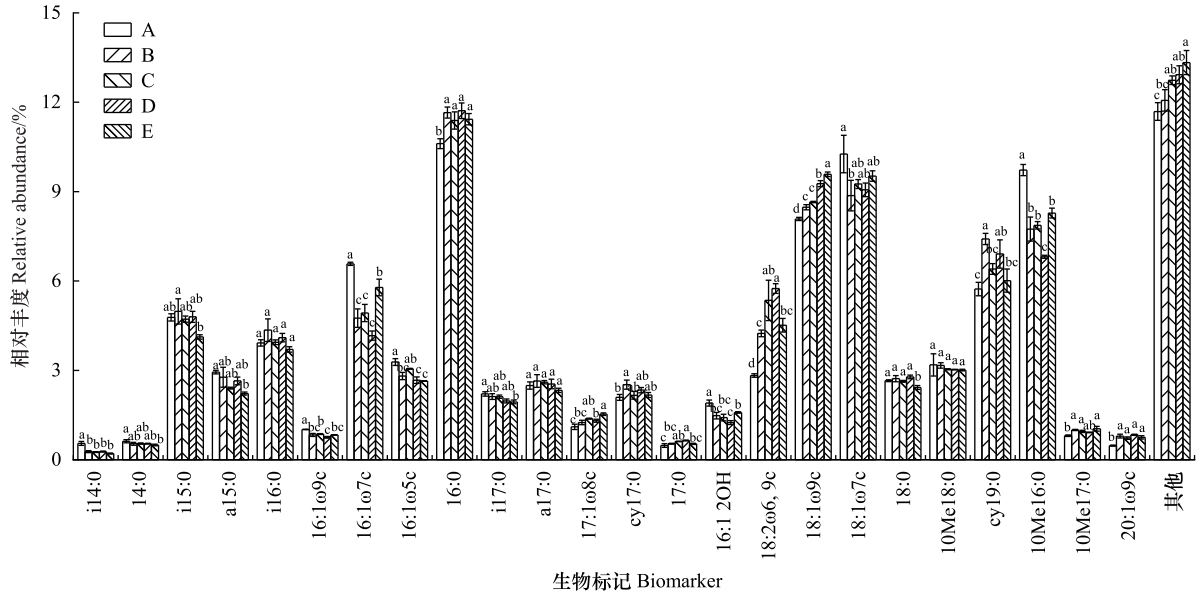

图 1 不同恢复年限和经营模式土壤磷脂脂肪酸生物标记相对丰度 mol/%

Fig.1 Relative abundance of soil PLFA biomarkers under different restoration years and management regimes

A:恢复 5 a Restoration for 5 years;B:恢复 9 a Restoration for 9 years;C:修枝 Pruning;D:林下植被去除 Understory removal;E:修枝+林下植被去除 Pruning+Understory removal;不同字母表示不同恢复年限或经营模式之间差异显著(P <0.05)

不同恢复年限和经营模式对土壤微生物多样性的影响如图 2 所示。显然,与对照相比(B),不同经营模式(C、D、E)对土壤微生物 Shannon-Wiener 多样性指数、Pielou 均匀度指数、Simpson 优势度指数和 Margalef 物种丰富度指数均未产生显著影响(P>0.05)。但从不同恢复年限看,除 Pielou 均匀度指数外,恢复 9 a(B)的其他多样性指数较恢复 5 a(A)明显提高,Shannon-Wiener 多样性指数、Simpson 优势度指数和 Margalef 物种丰富度指数分别提高 2.7%、0.3%和 15.8%(P<0.05)。

2.3 不同恢复年限和经营模式下土壤微生物 PLFAs 量

图 3 显示,与恢复 5 a(A)相比,恢复 9 a(B)土壤微生物总 PLFAs 量、细菌 PLFAs 量、真菌 PLFAs 量、放线菌 PLFAs 量和丛枝菌根真菌 PLFAs 量分别显著提高 2.19 倍、2.15 倍、2.85 倍、1.12 倍和 1.06 倍(P<0.05),真菌/细菌显著提高 16.5%(P<0.05)。不同经营模式中,修枝(C)提高了微生物总 PLFAs 量和各类群 PLFAs 量,但与对照(B)之间的差异不显著(P>0.05)。除真菌外,林下植被去除(D)微生物总 PLFAs 量、细菌 PLFAs 量、放线菌 PLFAs 量和丛枝菌根真菌 PLFAs 量较对照(B)分别显著降低 30.5%、31.9、36.6 和 33.3%(P< 0.05)。修枝+林下植被去除(E)降低了微生物总 PLFAs 量和各类群 PLFAs 量(P>0.05)。与对照(B)相比,修枝(C)、林下植被去除(D)和修枝+林下植被去除(E)的真菌/细菌分别显著提高 14.6%、21.7%和 17.5%(P<0.05)。

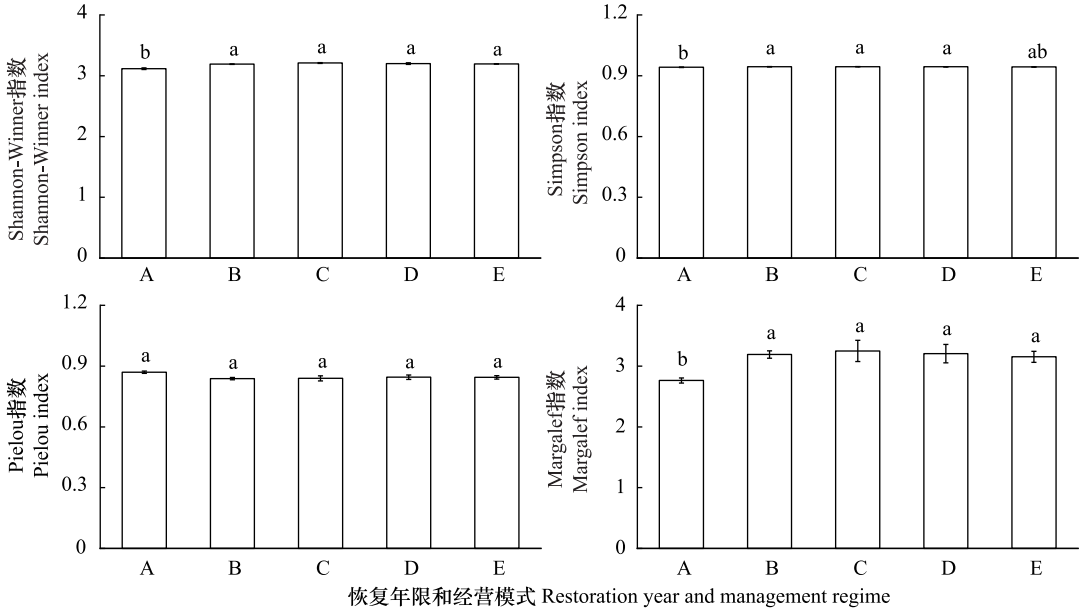

图 2　不同恢复年限和经营模式土壤微生物群落多样性

Fig.2　Diversity of soil microbial communities under different restoration years and management regimes

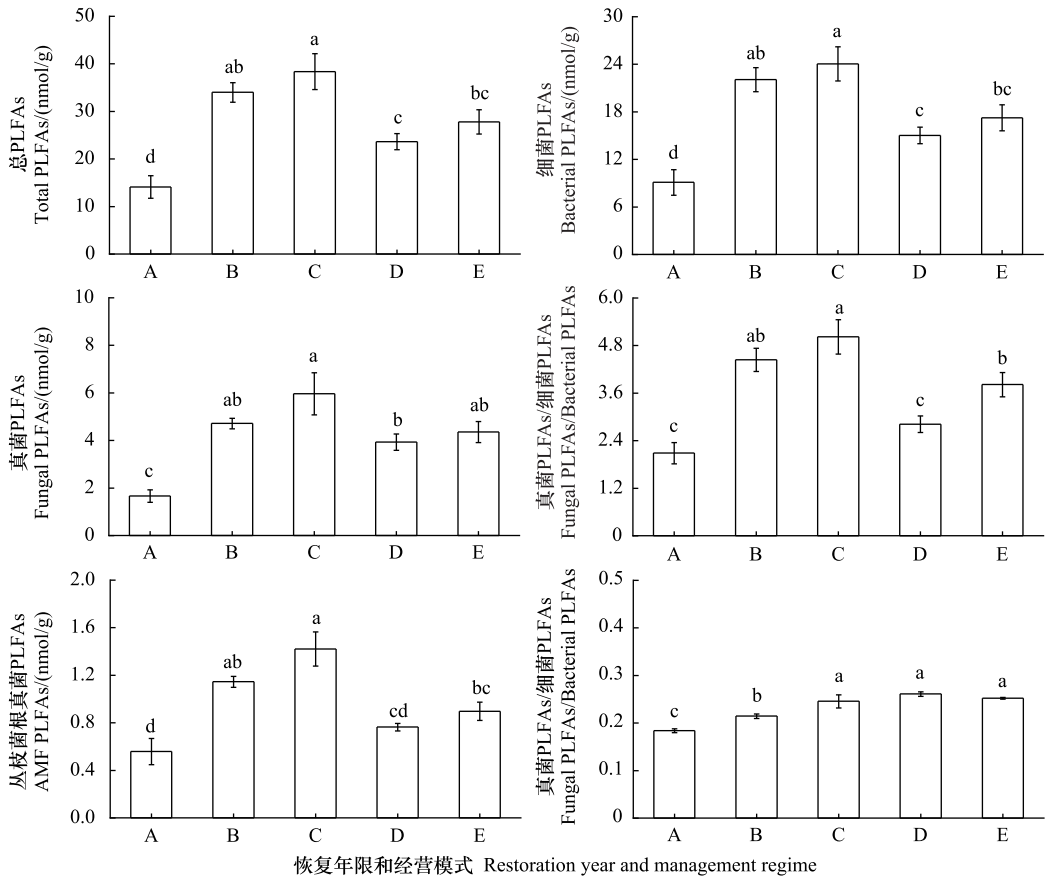

图 3　不同恢复年限和经营模式土壤微生物类群磷脂脂肪酸含量及真菌/细菌

Fig.3　Soil microbial group PLFAs and fungal/bacterial ratio under different restoration years and management regimes

不同恢复年限和经营模式在影响土壤细菌 PLFAs 量的同时,也显著改变了细菌群落的组成和比值(图 4)。从不同恢复年限看,恢复 9 a(B)的土壤细菌各类群 PLFAs 量较恢复 5 a(A)显著提高,其中,革兰氏

阳性细菌、革兰氏阴性细菌、饱和、支链、单烯不饱和与环丙烷脂肪酸分别显著提高 1.49 倍、1.27 倍、1.60 倍、1.49 倍、0.93 倍和 2.04 倍($P<0.05$)。不同经营模式中,对照(B)和修枝(C)土壤细菌各类群 PLFAs 量总体高于林下植被去除(D)和修枝+林下植被去除(E)。无论是恢复年限还是经营模式对革兰氏阳性/革兰氏阴性细菌均未产生显著影响($P>0.05$)。恢复 9 a(B)的环丙烷/单烯不饱和脂肪酸较恢复 5 a(A)显著提高 58.9%($P<0.05$)。修枝+林下植被去除(E)的环丙烷/单烯不饱和脂肪酸较对照(B)显著降低 27.4%($P<0.05$)。

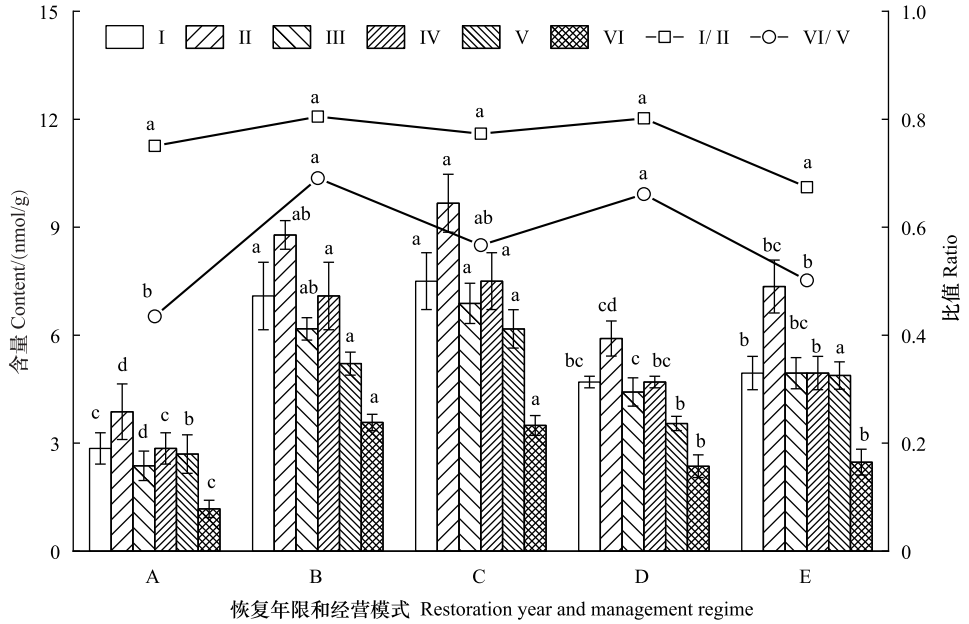

图 4 不同恢复年限和经营模式土壤细菌各类群 PLFA 及比值

Fig.4 Soil bacterial PLFAs and their ratios under different restoration years and management regimes

I:革兰氏阳性细菌脂肪酸 Gram positive bacterial fatty acids;II:革兰氏阴性细菌脂肪酸 Gram negative bacterial fatty acids;III:饱和脂肪酸 Saturated fatty acids;IV:支链脂肪酸 Branched fatty acids;V:单不饱和脂肪酸 Monounsaturated fatty acids;VI:环丙烷脂肪酸 Cyclopropane fatty acids

2.4 不同恢复年限和经营模式下土壤微生物群落结构

对提取的 24 种具有代表性的 PLFA 进行主成分分析发现,第 1 和第 2 主成分共同解释了微生物群落结构总变异的 66.63%(图 5)。主成分得分的方差分析表明,在 PC1 上,恢复 9 a 和恢复 5 a 之间土壤微生物群落结构差异显著($P<0.05$);同时,对照(B)、修枝(C)和修枝+林下植被去除(E)三种模式之间差异不显著($P>0.05$),但三者与林下植被去除(D)之间相互存在显著差异($P<0.05$)。在 PC2 上,林下植被去除(D)与修枝+林下植被去除(E)之间土壤微生物群落结构存在显著差异($P<0.05$)。

通过分析 PLFA 在 PC1 和 PC2 上的载荷值,结果表明(图 5),在所有特征 PLFA 中,对第 1 主成分起主要作用的为 PLFA i14:0、16:1ω9c、16:1ω5c、16:0、18:2ω6,9c、10Me16:0 和 20:1ω9c,主要表征了真菌、放线菌和丛枝菌根真菌;而 PLFA i15:0、a15:0、i16:0 和 18:0 对第 2 主成分的贡献较大,主要表征了革兰氏阳性细菌。

2.5 土壤环境因子对微生物群落结构的影响

选取 BD、SWC、pH、SOC、TN、TP、TK、C/N、C/P 和 N/P 作为主要的土壤环境因子,对不同恢复年限和经营模式岷江柏人工林 0—10 cm 土壤的微生物群落结构进行冗余分析发现,第 1 和第 2 排序轴分别解释了 71.06%和 8.97%的土壤微生物与环境因子之间关系的变异(图 6),表明土壤环境因子对微生物群落结构有重要影响。

当所选土壤环境因子作为整体变量选入时,对不同恢复年限和经营模式岷江柏人工林土壤微生物群落结

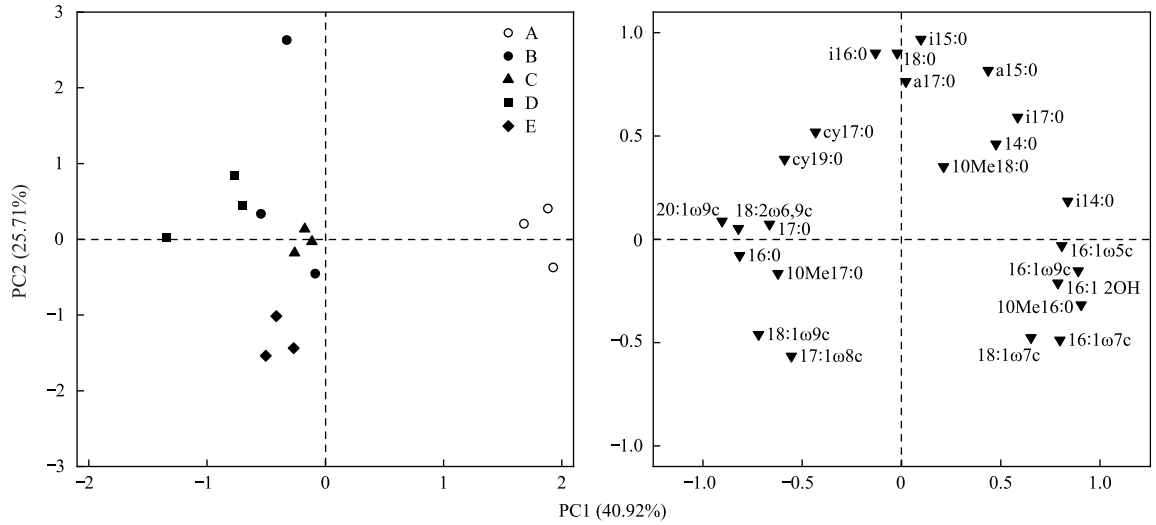

图 5　土壤微生物群落结构主成分分析及磷脂脂肪酸载荷值

Fig.5　Principal component analysis (PCA) of soil microbial community structure and loading value of PLFA

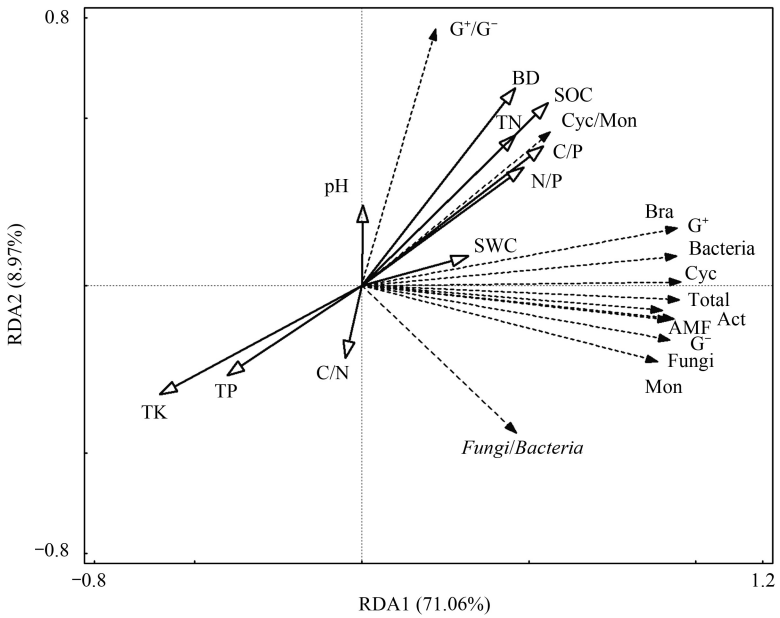

图 6　土壤微生物群落结构与土壤环境因子的冗余分析

Fig.6　Redundancy analysis (RDA) of soil microbial community structure and soil environmental factors

构产生显著影响的分别为 TK($F=4.8, P=0.024$)、SOC($F=4.5, P=0.044$)和 C/P($F=4.2, P=0.024$),三者的解释量达到 51.2%,其中 TK 和 SOC 分别达到 30.7%和 16.0%(表 4)。具体而言,显著影响的环境因子与土壤微生物群落的关系主要表现为,TK 与各微生物类群及比值呈显著负相关关系,与之相反,SOC 和 C/P 与各微生物类群及比值呈显著正相关关系(图 6)。

3　讨论

3.1　恢复年限和经营模式对土壤理化性质的影响

本研究发现,恢复 9 a 的 SOC 较恢复 5 a 明显提高,TN 也有所增加,表明在干旱河谷区进行乡土树种造

林有利于退化山地生态系统土壤肥力的恢复。适度的人工修枝能有效改善林内光照和温湿度等环境条件,增强微生物活性,加速枯枝落叶的分解,进而改善土壤理化性质[3]。佘宇晨等[21]研究也得出,修枝显著促进了杉木人工林 SOC 和 TN。然而,从不同经营模式看,本研究发现修枝并未显著改善林地 SOC、TN、TP 和 TK。造成这种现象的原因可能在于本研究中的岷江柏树龄小,加上林下植被盖度大,尽管修枝在一定程度促进了岷江柏的生长发育,但对改善林内环境的作用较小,因而对土壤理化性质的影响也较小。尽管如此,有研究发现,修枝在改善林内微环境后会加速土壤有机质的分解矿化,促进林木对土壤养分的吸收,进而在一定程度上降低土壤有机质和养分含量[22]。不同的研究结果可能与树种、树龄、处理时间等因素有关。

表 4 土壤环境因子对微生物群落结构的解释量

Table 4 Variance explained of soil environmental factors for microbial community structure

土壤环境因子 Soil environmental factor	解释量 α Explained α/%	解释量 β Explained β/%	P	F
全钾 TK	30.7	30.7	0.024	4.8
有机碳 SOC	29.0	16.0	0.044	4.5
碳磷比 C/P	27.4	4.5	0.024	4.2
氮磷比 N/P	22.5	4.0	0.078	3.2
全氮 TN	21.6	11.7	0.088	3.1
容重 BD	21.6	6.1	0.086	3.1
全磷 TP	16.0	9.4	0.148	2.1
含水量 SWC	13.9	4.9	0.182	1.8
碳氮比 C/N	3.4	12.0	0.638	0.4
pH	2.0	0.6	0.856	0.2

解释量 α:每个环境因子作为唯一因子时的解释量;解释量 β:当环境因子作为整体变量被选入模型时的解释量;P 表示当环境因子被作为整体变量选入时在蒙特卡洛 95%置信区间显著性检验的 P 值;F 代表当环境因子被作为整体变量选入时在蒙特卡洛 95%置信区间显著性检验的 F 值

林下植被作为森林生态系统的重要组成部分,在维护生态系统多样性、保持林地生产力、驱动地下生态过程和维持生态功能方面发挥着重要作用[23]。本研究中,林下植被去除和修枝+林下植被去除显著降低了 SOC 和 TN。林下植被去除降低了岷江柏人工林凋落物的数量和质量,减少和减缓了凋落物分解过程中碳和养分元素的释放;同时,裸露的地表土壤温度高,有机质的分解以及岷江柏对养分的吸收加快,因而 SOC 和 TN 显著下降。然而,林下植被去除和修枝+林下植被去除提高了林地土壤 TP 和 TK,原因可能在于植被去除阻断了林下植被对地下磷和钾等营养的吸收,并因此造成土壤磷和钾的积累。此外,由于林下植被去除导致林地土壤裸露,地表水分蒸发与水土流失严重,因而 SWC 显著下降。

3.2 恢复年限和经营模式对土壤微生物多样性和群落结构的影响

土壤微生物多样性既可以表征土壤的微生物活性及群落的稳定性,也可以反映土壤生态机制和土壤胁迫对微生物群落的影响[24]。本研究从不同恢复年限和经营模式中共检测出 52 种 PLFA 生物标记,表明岷江干旱河谷区岷江柏土壤中的 PLFA 生物标记种类相对丰富,反映出该区域的保护与退化恢复有利于丰富微生物的种类及群落的稳定性。本研究中,除均匀度外,恢复 9 a 的其他多样性指数较恢复 5 a 明显提高,表明人工林生态系统植被与土壤的发育促进了微生物多样性的增加。前人研究也指出,植物群落的发育以及植物物种组成和多样性的增加为土壤微生物提供了较多类型的食物供给,从而提高土壤微生物群落的多样性[25]。尽管如此,本研究同时发现,林下植被去除引起的植物多样性降低并未改变土壤微生物多样性,原因可能在于微生物多样性主要受乔木树种岷江柏凋落物种类或根际分泌物成分的调控。

从不同恢复年限看,恢复 9 a 的微生物总 PLFAs 量和各类群 PLFAs 量较恢复 5 a 表现为不同程度提高,表明土壤微生物 PLFAs 量随着人工林恢复年限的延长而增加,且恢复年限显著改变了土壤微生物群落结构(图 5)。不同经营模式中,尽管修枝在一定程度提高了土壤微生物总 PLFAs 量和各类群 PLFAs 量,但与对照

之间的差异不显著。而林下植被去除显著降低了土壤微生物总 PLFAs 量和各类群 PLFAs 量(真菌除外)。进一步的 PCA 结果也显示,修枝与对照之间的土壤微生物群落结构差异不显著,而对照与林下植被去除之间存在显著差异,与李旭华等[3]和 Lei 等[4]的研究结果一致,表明单一林下植被去除显著改变了土壤微生物群落结构,而单一修枝并未产生显著影响。值得注意的是,尽管单一林下植被去除对土壤微生物群落结构的影响显著,但修枝+林下植被去除的交互作用影响不显著,原因可能在于单一林下植被去除对土壤微生物群落产生了显著的负向效应,如细菌、放线菌和丛枝菌根真菌相对丰度和含量显著降低,然而在交互作用下,修枝产生了一定的正向效应,导致修枝+林下植被去除的交互作用对土壤微生物群落的影响不显著。前人在研究两种森林经营措施对土壤微生物群落的影响时也得到过类似的结论,如刘毓敏[26]发现凋落物去除显著改变了土壤微生物群落结构,但凋落物+林下植被去除的交互作用对微生物群落结构的影响不显著。

真菌/细菌比除了可以指示两个微生物群落的生物量和相对丰度的变化外,还可用来表征土壤生态系统的稳定性[27]。恢复 9 a 的土壤真菌/细菌比显著高于恢复 5 a,同时修枝明显高于对照,在一定程度上表明恢复年限和合理的经营措施有利于退化人工林生态系统朝着稳定恢复的方向发展。环丙烷/单烯不饱和脂肪酸可用来评价土壤细菌与环境之间的关系,表征其受营养胁迫的程度[28—29]。与恢复 9 a 相比,该比值在恢复 5 a 和修枝+林下植被去除林地中明显降低,表明其土壤细菌群落受外源营养胁迫的程度加剧。

3.3　恢复年限和经营模式驱动的土壤性质改变调控微生物群落结构

森林生态系统中,经营管理措施,如森林抚育、采伐更新、林地利用变化等,是森林经营过程中重要的营林活动,对林分的生长发育起着至关重要的作用。而森林经营模式引起的林内微气候和植物群落组成与功能的变化会导致土壤理化性质的改变[30],势必影响土壤微生物多样性和群落结构[31]。本研究发现,SOC 和 C/P 是影响岷江柏人工林土壤微生物群落的主要环境因子,这与 Dang 等[32]和马进鹏等[33]的研究结果相似。SOC 作为土壤微生物所需能量的重要来源,已被众多学者证实是调控微生物多样性和群落结构的关键土壤因子[34]。同时,张昊等[35]研究发现,土壤微生物群落组成受 TP 的影响。而 Lauber 等[36]在研究土壤性质对微生物群落结构的影响时也发现,土壤磷显著影响土壤细菌和真菌群落结构。此外,在川西亚高山森林生态系统的一些研究中发现,速效钾[3]和 TK[10]也是影响土壤微生物群落结构的重要因素,本研究的冗余分析结果也支持这一结论。这些研究表明,不同森林生态系统土壤微生物群落结构往往同时受多种土壤因素的综合影响,但关键的影响因素以及作用程度可能与不同研究的植被类型、土壤类型、凋落物性质以及气候条件等有关。

4　结论

恢复年限显著改善了岷江柏人工林林地土壤理化性质,改变了土壤微生物群落结构,土壤肥力与微生物多样性和生物量得以提高,人工林生态系统恢复进程稳定。林下植被去除与修枝+林下植被去除加剧了土壤肥力退化,不利于土壤微生物生长发育。尽管修枝并未明显改善林地土壤肥力,但在一定程度上提高了土壤微生物生物量,同时维持了较高的植被生产力,可为人工林的经营管理提供参考。

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] 李旭华, 徐峥静茹, 蔡蕾, 冯秋红, 李登峰, 刘兴良, 刘世荣. 不同抚育措施对川西亚高山云杉人工林土壤微生物群落结构的短期影响. 应用与环境生物学报, 2023, 29(3): 663-669.

[4] Lei L, Xiao W F, Zeng L X, Frey B, Huang Z L, Zhu J H, Cheng R M, Li M H. Effects of thinning intensity and understory removal on soil microbial community in *Pinus massoniana* plantations of subtropical China. Applied Soil Ecology, 2021, 167: 104055.

[5] Chen W, Su F, Pang Z, Mao Q, Zhong B, Xiong Y, Mo J, Lu X. The removal of understory vegetation can rapidly alter the soil microbial community structure without altering the community assembly in a primary tropical forest. Geoderma, 2023, 429: 116180.

[6] Singh A K, Jiang X J, Yang B, Wu J, Rai A, Chen C, Ahirwal J, Wang P, Liu W, Singh N. Biological indicators affected by land use change, soil resource availability and seasonality in dry tropics. Ecological Indicators, 2020, 115: 106369.
[7] Osburn E D, Aylward F O, Barrett J E. Historical land use has long-term effects on microbial community assembly processes in forest soils. ISME Communications, 2021, 1: 48.
[8] Liu L, Zhu K, Krause S M B, Li S, Wang X, Zhang Z, Shen M, Yang Q, Lian J, Wang X, Ye W, Zhang J. Changes in assembly processes of soil microbial communities during secondary succession in two subtropical forests. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 154: 108144.
[9] Cao Y, Fu S, Zou X, Cao H, Shao Y, Zhou L. Soil microbial community composition under *Eucalyptus* plantations of different age in subtropical China. European Journal of Soil Biology, 2010, 46(2): 128-135.
[10] 罗达, 刘顺, 史作民, 冯秋红, 刘千里, 张利, 黄泉, 何建社. 川西亚高山不同林龄云杉人工林土壤微生物群落结构. 应用生态学报, 2017, 28(2): 519-527.
[11] 姚莉. 中国特有种—濒危植物岷江柏(*Cupressus chengiana* S.Y.Hu)的遗传多样性研究[D]. 成都: 四川大学, 2005.
[12] 李东胜, 罗达, 史作民, 唐敬超, 刘世荣, 刘千里, 何建社, 杨昌旭. 四川理县杂谷脑干旱河谷岷江柏造林恢复效果评价. 生态学报, 2014, 34(9): 2338-2346.
[13] 罗达, 冯秋红, 史作民, 李东胜, 杨昌旭, 刘千里, 何建社. 岷江干旱河谷区岷江柏人工林碳氮储量随林龄的动态. 应用生态学报, 2015, 26(4): 1099-1105.
[14] 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.
[15] Frostegård Å, Bååth E, Tunlio A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25(6): 723-730.
[16] 刘光崧. 土壤理化分析与剖面描述. 北京: 中国标准出版社, 1996.
[17] 向君, 樊利华, 张楠楠, 吴淑兰, 郭敏, 周星梅, 王彦杰. 施磷对干旱胁迫下箭竹根际土壤养分及微生物群落的影响. 生态学报, 2021, 41(23): 9422-9431.
[18] 字洪标, 向泽宇, 王根绪, 阿的鲁骥, 王长庭. 青海不同林分土壤微生物群落结构(PLFA). 林业科学, 2017, 53(3): 21-32.
[19] Osburn E D, McBride S G, Kupper J V, Nelson J A, McNear D H, McCulley R L, Barrett J E. Accurate detection of soil microbial community responses to environmental change requires the use of multiple methods. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 169: 108685.
[20] Lekberg Y, Rosendahl S, Michelsen A, Olsson P A. Seasonal carbon allocation to arbuscular mycorrhizal fungi assessed by microscopic examination, stable isotope probing and fatty acid analysis. Plant and Soil, 2013, 368(1): 547-555.
[21] 佘宇晨, 陈彩虹, 丁思一, 汪思龙, 常双双. 间伐和修枝对杉木人工林土壤微生物群落结构的影响. 中南林业科技大学学报, 2016, 36(3): 23-27.
[22] 吴霞. 抚育间伐和修枝对华北落叶松人工林土壤质量影响的研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2020.
[23] Landuyt D, De Lombaerde E, Perring M P, Hertzog L R, Ampoorter E, Maes S L, De Frenne P, Ma S Y, Proesmans W, Blondeel H, Sercu B K, Wang B, Wasof S, Verheyen K. The functional role of temperate forest understorey vegetation in a changing world. Global Change Biology, 2019, 25(11): 3625-3641.
[24] 邵璐, 姜华. 辽宁碱蓬根际土壤真菌多样性的季节变化及其耐盐性. 生态学报, 2016, 36(4): 1050-1057.
[25] Wan X H, Yu Z P, Wang M J, Zhang Y, Lucas-Borja M E, Huang Z Q. Functional trait variation and community-weighted means of tree traits can alter soil microbial biomass and community composition. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 170: 108715.
[26] 刘毓敏. 林下层植被去除和凋落物去除对土壤微生物群落结构的影响[D]. 开封: 河南大学, 2019.
[27] Boyle S A, Yarwood R R, Bottomley P J, Myrold D D. Bacterial and fungal contributions to soil nitrogen cycling under Douglas fir and red alder at two sites in Oregon. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(2): 443-451.
[28] 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.
[29] Bossio D, Scow K. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. Microbial Ecology, 1998, 35(3): 265-278.
[30] 范垚城, 覃林, 王雅菲, 邹慧, 谭玲, 何友均. 东北天然次生林不同经营模式下土壤微生物碳源利用与功能多样性. 林业科学, 2016, 52(7): 68-77.
[31] Qu X, Li X, Bardgett R D, Kuzyakov Y, Revillini D, Sonne C, Xia C, Ruan H, Liu Y, Cao F, Reich P B, Delgado-Baquerizo M. Deforestation impacts soil biodiversity and ecosystem services worldwide. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2024, 121(13): e2318475121.
[32] Dang P, Gao Y, Liu J L, Yu S C, Zhao Z. Effects of thinning intensity on understory vegetation and soil microbial communities of a mature Chinese pine plantation in the Loess Plateau. Science of the Total Environment, 2018, 630: 171-180.
[33] 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.
[34] 金志薇, 钟文辉, 吴少松, 韩成. 植被退化对滇西北高寒草地土壤微生物群落的影响. 微生物学报, 2018, 58(12): 2174-2185.
[35] 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.
[36] 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.