

岷江流域不同土地利用方式下的土壤微生物特征及其与土壤养分的关系

李 懿, 杨子松

(阿坝师范学院 资源与环境学院, 四川 阿坝 623002)

摘 要:采用经典统计分析与排序分析,研究了 2014—2018 年岷江流域不同土地利用方式下(撂荒地、次生林、灌丛、果园和耕地)土壤微生物群落多样性变化特征,并探讨了其与土壤养分和土壤微生物数量之间的关系。结果表明:(1) 土壤 pH 值变化范围为 6.13~7.02,其大小依次表现为撂荒地<次生林<灌丛<果园<耕地,其中耕地和果园差异不显著($p>0.05$),耕地最高($p<0.05$);土壤有机碳、全氮、全钾、有效磷和有效钾大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用土壤有效磷和有效钾差异均显著($p<0.05$),而不同土地利用土壤全磷差异不显著($p>0.05$)。(2) 土壤微生物以细菌数目最多,占到 90%以上,土壤细菌、真菌、放线菌和微生物总数目大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地。(3) 根据培养第 100 小时的 AWCD 值计算土壤微生物群落的物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)、优势度指数(D_s)和碳源利用丰富度指数(S)。土壤微生物多样性指数大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用均匀度指数(E)、优势度指数(D_s)差异不显著($p>0.05$)。(4) 相关性分析表明土壤养分、土壤微生物数量均与土壤微生物群落多样性具有显著的相关性($p<0.05$),其中,土壤微生物数量对微生物群落多样性的贡献最大(其相关系数绝对值最大)。(5) 冗余分析表明土壤微生物群落多样性与土壤养分含量均呈正相关(除了 pH);有机碳和全氮与丰富度指数相关性最大,由此可知,有机碳和全氮是影响该区土壤微生物群落多样性分布的主要因子。

关键词:岷江流域;土地利用;土壤养分;微生物多样性

中图分类号:Q154

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2020)01-0033-06

Soil Nutrients and Soil Microbial Characteristics and Their Relationships Under Different Land Use Types in Minjiang River Basin

LI Yi, YANG Zisong

(Aba Teachers College, Wenchuan, Sichuan 623002, China)

Abstract: The variation characteristics of soil microbial community diversity in different land use patterns (abandoned lands, secondary forests, shrubs, orchards and cultivated lands) in minjiang river basin from 2014 to 2018 were studied by using classical statistical analysis and sequencing analysis, and the relationship between them and soil nutrients and soil microbial quantity was discussed. The results showed that: (1) the pH value of the soil ranged from 6.13 to 7.02, and the pH values of the abandoned lands increased in the order: secondary forest<shrub<orchard<cultivated land, among which the soil pH difference between cultivated land and orchard was not significant ($p>0.05$), and soil pH of the cultivated land was the highest ($p<0.05$); the levels of soil organic carbon, total nitrogen, total potassium, available phosphorus and available potassium decreased in the order: secondary forests>shrubs>orchards>cultivated land>abandoned lands; the differences of available phosphorus and available potassium in different land uses were significant ($p<0.05$), while the differences of total phosphorus in different land uses were not significant ($p>0.05$); (2) the number of soil microorganisms was the largest, accounting for more than 90%; the total number of soil bacteria, fungi, actinomycetes and microorganisms decreased in the order: secondary forests>shrubs>

收稿日期:2019-03-03

修回日期:2019-04-17

资助项目:四川省教育厅重点课题“野生百合种植资源圃建设及《中国野生百合图谱》编写”(18ZA0001)

第一作者:李懿(1981—),男,四川会理人,硕士,助理研究员,研究方向:微生物学,资源与环境微生物。E-mail:Leeyii_811@163.com

orchards>cultivated land>abandoned lands; (3) species richness index (H), evenness index (E), dominance index (D_s) and carbon source utilization richness index (S) of soil microbial community were calculated according to AWCD value at 100 h; the soil microbial diversity index decreased in the order: secondary forests>shrubs>orchards>cultivated land>abandoned lands, no significant difference in the evenness index (E) and dominance index (D_s) was found ($p>0.05$); (4) correlation analysis showed that soil nutrients and soil microbial quantity were significantly correlated with soil microbial community diversity ($p<0.05$), among which soil microbial quantity contributed the most to microbial community diversity (with the largest absolute value of correlation coefficient); (5) redundancy analysis showed that soil microbial community diversity was positively correlated with soil nutrient contents; along the first sequencing axis of RDA, with the increase of significant influencing factors (soil nutrient indexes), the microbial richness index gradually increased, and the microbial richness index was negatively correlated with pH value; organic carbon and total nitrogen had the largest correlation with richness index, therefore, organic carbon and total nitrogen were the main factors affecting the diversity distribution of soil microbial community in this area.

Keywords: Minliang basin; land use type; soil nutrients; soil microbial diversity

在土壤中,微生物具有极其重要的作用,虽然占据了不到 3% 的比例,却发挥了巨大的活性作用,能够有效促进生态系统养分循环。它不仅能够矿化、分解土壤中的养分,固持、促进和调控营养物质^[1-2],尤其是碳和养分的循环,还具有储存营养物质的功能,可作为营养物质储存的资源库,同时对土壤环境的变化非常敏感,能够及时准确反映土壤环境质量,常常被作为生物指标使用^[3]。土壤微生物是促进土壤养分循环的关键性因素,理解其与土壤养分分布的关系,能够帮助人们了解生态系统中养分循环的情况。了解养分循环,需要了解微生物的生物量,指土壤中体积小于 $5\ 000\ \mu\text{m}^3$ 的生物总量,不包括活植物体^[1-2]。土壤和植被彼此影响、作用和制约,土壤是植被生长发育的根基,具有一定的基础性和包容性;植被又能够通过自身的生长和凋落影响土壤环境、肥力以及区域气候情况,提高土地的可利用价值^[6]。

土地利用是人类利用自然获取能量与物质的途径,通过人为因素,干扰了土地利用的情况,造成土地利用结构和类型的变化^[14]。人类利用土地后,在一定程度上会改变土壤的营养成分构成,如循环、数量等,以及土地的贫瘠或肥力状况,并改变土壤的水热条件,从而加速了土壤养分循环的速度和土壤肥力的变迁^[15-16]。四川岷江流域地处我国西南地区,地形地貌复杂多变,多紫红壤,人们利用土地方式也很多,主要包括灌丛、次生林、撂荒地、果园和耕地等多种情况。在人口日益增长和经济不断发展的前提下,该地区尤其是岷江流域中下游,土地与人口之间的关系日渐紧张和突出,对土地的开垦非常频繁,对土地肥力的保持相对不利。要改变土地利用方式,需要从土壤质量、肥力的提高和恢复入手,构建良好的植被环境,并对土壤中的有

机碳积累、循环和平衡产生一定的影响。本文主要以不同种类的利用方式为前提,分析土壤养分对土壤微生物特征的影响,从而促进土地的有效管理。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

岷江源自岷山,干流长度为 735 km,流量大,流域广,落差大,分别为 $13.3\ \text{万}\ \text{km}^2$ 和 3 560 m,支流众多。岷江可分为上中下游三个区段,都江堰市为上游和中下游的主要节点。岷江上游地形复杂多变,峡谷连绵,地广人稀,耕地更少;中下游地势较低,多丘陵平原,工农业和交通事业发达,从而导致人口和耕地较多,所以选取了中下游为研究区域。该区域的气候呈温带—亚寒热带,年均气温在 17°C 左右,高低温波动范围在 38°C 和 -4°C 之间,并由上游至下游呈升高趋势。该地区的雨季较明显,汛期较长,集中在 6—9 月,且暴雨多发。汛期的雨量能够达到全年雨量的 80% 以上。该地区的自然资源较丰富,尤其是水能资源最为突出,耕地资源为紫色土,分布区域很广。

1.2 样品采集

以岷江中游流域为范围,选择耕地、次生林、果园、灌丛、撂荒地 5 种土地类型,选取的年份时间为 2014—2018 年。每种土地类型又选择 3 个重复长期监测样地(面积大约 $100\ \text{m}\times 100\ \text{m}$)。撂荒地多为废弃土地,95% 区域覆盖紫茎泽兰;灌丛以热性为主,多与果园相邻,植被覆盖度 20%~40%,灌木(杜鹃)是主要树种,植被大部分为三色堇、马兰、早金莲等;果园以退耕还林的田地为主,植被覆盖度为 50%~80%,大多种植苹果,其间生长有草本、灌木和苔藓等;次生林以封育多年后的森林构成,80% 区域覆盖

有植被;耕地是采用了该区域内比较传统的种植方式,植被覆盖度<10%,多种植蔬菜、豌豆、烟草等,其间夹杂紫茎泽兰群落。以上 5 种土地类型的土壤均为红紫土壤,选择坡度均小于 5°的土壤,在每个样地和采样点分别进行 3 个和 5 次重复,后者作为平行,5 个平行之间间隔 2 m,在剖面选取 0—20 cm 的原状土样。取样土壤分成两部分,一部分采取自然风干的做法,另一部分维持原样,在 4℃ 保存,最终检测土壤的养分和微生物的数量和种类。

1.3 土壤微生物群落功能多样性

有机碳采用重铬酸钾—外加加热法;全氮采用半微量凯氏定氮法;全磷和有效磷采用 NaHCO₃ 浸提—钼锑抗比色法;全钾和有效钾采用乙酸铵浸提—火焰光度计法^[10]。

土壤多样性分析所用数据需要在 Biolog-Eco 下进行 72 h 的温育处理,之后将等同于 10 g 烘干土壤的土样加入 NaCl 溶液,要求浓度为 0.145 mol/L,并进行长达 30 min 的振荡,然后将其中的 100 μl 接种于 Eco 板后读数,恒温培养要求在 25℃ 下进行 216 h,并隔 12 h 一次读数;之后,在 NaCl 溶液中进行稀释后进行恒温培养,并做好吸光值记录。

通过分析其对碳源的反应情况来探究微生物对碳源的利用水平,在研究中常用平均每孔颜色变化率 AWCD 来表示,该值越大说明其具有较高的微生物丰度,计算如下方式^[17]:

$$AWCD = \sum [(C_i - R) / 31]$$

式中: C_i , R 分别表示第 i 孔、对照孔的吸光值。

物种丰富度指数 $H = -\sum P_i (\ln P_i)$

式中: P_i 为第 i 孔的相对吸光值比值,计算公式:

$$P_i = (C_i - R_i) / \sum (C_i - R_i)$$

碳源利用丰富度指数 $S = \text{被利用碳源的总数}$
优势度指数 $D_s = 1 - \sum P_i$
均匀度指数 $E = D_s / HD$

1.4 数据分析

Excel 2013.0 和 SPSS 21.0 统计和分析数据,以 2014—2018 年 5 a 的平均值±标准误差表示(Mean±SE),单因素方差分析(One-way ANOVA),Pearson 相关系数法检验各指标之间的相关性,CANOCO 4.5 分析土壤养分对微生物多样性与环境因子的响应。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用方式对土壤养分的影响

表 1 显示不同土地利用方式下土壤养分特征,土壤 pH 值变化范围为 6.13~7.02,其大小依次表现为撿荒地<次生林<灌丛<果园<耕地,其中耕地和果园差异不显著($p>0.05$),耕地最高($p<0.05$);土壤有机碳变化范围为 4.51~9.77 g/kg,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛和果园差异不显著($p>0.05$),耕地最低($p<0.05$);土壤全氮变化范围为 1.02~1.69 g/kg,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛和果园差异不显著($p>0.05$),耕地最低($p<0.05$);土壤全磷变化范围为 0.83~0.91 g/kg,不同土地利用土壤全磷差异不显著($p>0.05$);土壤全钾变化范围为 12.17~26.39 g/kg,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用土壤全钾差异均显著($p<0.05$);土壤有效磷和有效钾变化范围为 24.90~39.84 mg/kg,33.58~54.81 mg/kg,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用土壤有效磷和有效钾差异均显著($p<0.05$)。

表 1 不同土地利用方式对土壤养分的影响

土地利用方式	pH 值	有机碳 SOC/ (g · kg ⁻¹)	全氮 TN/ (g · kg ⁻¹)	全磷 TP/ (g · kg ⁻¹)	全钾 TK/ (g · kg ⁻¹)	有效磷 AP/ (mg · kg ⁻¹)	有效钾 AK/ (mg · kg ⁻¹)
次生林	6.35±0.23c	8.15±0.56b	1.61±0.52b	0.86±0.06a	24.18±3.69b	35.75±3.59b	50.19±4.65b
灌丛	6.78±0.16b	7.06±0.78c	1.34±0.49c	0.86±0.05a	20.18±2.57c	32.06±3.16c	45.47±5.03c
果园	7.02±0.15a	6.57±0.69c	1.21±0.56c	0.84±0.08a	17.05±1.89d	27.18±2.58d	41.26±4.19d
耕地	7.46±0.24a	4.51±0.72d	1.02±0.34d	0.83±0.04a	12.17±2.01e	24.90±2.47e	33.58±2.58e
撿荒地	6.13±0.18c	9.78±0.65a	1.69±0.72a	0.91±0.06a	26.39±2.45a	39.84±3.02a	54.81±2.47a
p	<0.05	<0.05	<0.05	>0.05	<0.05	<0.05	<0.05
F	159.26	184.75	135.69	85.76	126.98	137.15	142.78

注:不同小写字母表示差异显著($p<0.05$),下同。

2.2 不同土地利用方式对土壤微生物数量的影响

由表 2 可知,不同土地利用土壤微生物数量及组成不同,其中以细菌数目最多,占到 90% 以上。土壤细菌数目变化范围为(1.02~1.69)×10⁵,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛和

次生林差异不显著($p>0.05$),耕地最低($p<0.05$);土壤真菌数目变化范围为 3.02 万~8.09 万,其大小依次表现为撿荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛、果园和耕地差异不显著($p>0.05$);土壤放线菌数目变化范围为 5.01 万~10.15 万,其大小依次表现为

撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛、果园和耕地差异不显著($p>0.05$);土壤微生物总数目变化范围为 $(3.54\sim6.22)\times10^6$,其大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛、果园和耕地差异不显著($p>0.05$)。

表 2 土壤微生物种群数量垂直分布

土地利用方式	细菌数目 MB/ 10^5	真菌数目 MF/ 10^4	放线菌数目 ME/ 10^4	微生物总数 MT/ 10^6
次生林	11.76±1.98b	7.13±0.46b	9.28±0.38b	6.01±0.51a
灌丛	10.23±1.25b	5.49±0.51c	7.56±0.24c	5.13±0.69b
果园	8.94±1.37c	4.12±0.54c	6.13±0.56c	4.12±0.34c
耕地	7.05±0.85d	3.02±0.23c	5.01±0.98c	3.54±0.52c
撂荒地	12.98±2.16a	8.09±0.68a	10.15±1.25a	6.22±0.67a
p	<0.05	<0.05	<0.05	<0.05
F	156.98	142.17	158.03	166.74

2.3 不同土地利用方式对土壤微生物群落多样性

由表 3 可知,不同土地利用土壤微生物群落功能多样性指数存在一定差异,其中物种丰富度指数(H)变化范围为 1.79~3.68,其大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,灌丛和果园差异不显著($p>0.05$),耕地最低($p<0.05$);均匀度指数(E)变化范围为 0.61~0.99,其大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用均匀度指数(E)差异不显著($p>0.05$);优势度指数(D_s)变化范围为 0.51~0.70,其大小依次表现为撂荒地<次生林<灌丛<果园<耕地,不同土地利用优势度指数(D_s)差异不显著($p>0.05$);碳源利用丰富度指数

(S)变化范围为 9.45~16.47,其大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用碳源利用丰富度指数(S)差异均显著($p<0.05$)。

表 3 土壤微生物群落多样性垂直分布

土地利用方式	物种丰富度 指数(H)	均匀度 指数(E)	优势度 指数(D_s)	碳源利用 指数(S)
次生林	3.12±0.30a	0.91±0.04a	0.57±0.03a	16.47±1.68b
灌丛	2.56±0.16b	0.83±0.03a	0.61±0.04a	14.03±2.16c
果园	2.04±0.24b	0.74±0.03a	0.62±0.05a	12.47±2.14d
耕地	1.79±0.26c	0.61±0.06a	0.70±0.06a	9.45±0.99e
撂荒地	3.68±0.35a	0.99±0.05a	0.51±0.02a	18.69±2.16a
p	<0.05	>0.05	>0.05	<0.05
F	192.03	90.16	87.24	184.12

2.4 土壤养分、微生物数量与微生物多样性之间相关性

土壤养分为微生物提供氮源和碳源,而要获知土壤养分与微生物群落多样性之间的关系,需要通过相关性分析才能获知,具体见表 4、5。研究发现,微生物多样性受到土壤养分的正向影响($p<0.01$);在土壤养分各指标和微生物数量的相关系数方面,与物种丰富度指数(H)和碳源利用丰富度指数(S)相比,优势度指数(D_s)和均匀度指数(E)相对较低,且受微生物数量和土壤养分影响较小。所以,影响微生物群落功能多样性的因素为土壤养分和微生物数量,土壤养分的作用更大,土壤 pH 的贡献为负,由此造成不同土层土壤微生物群落多样性存在较大差异,也凸显了有机碳和全氮作为养分来源的重要作用。

表 4 土壤养分与微生物多样性之间相关性

项目	pH	有机碳 SOC	全氮 TN	全磷 TP	全钾 TK	有效磷 AP	有效钾 AK
物种丰富度指数(H)	-0.913**	0.903**	0.891**	0.016	0.901**	0.723*	0.816**
均匀度指数(E)	-0.803**	0.815**	0.835**	0.174	0.312	0.506*	0.569*
优势度指数(D_s)	0.247	0.616*	0.501*	0.064	0.509*	0.169	0.313
碳源利用丰富度指数(S)	-0.732*	0.889**	0.819**	0.195	0.559*	0.169	0.613*

注:*,**分别表示在 0.05,0.01 水平上差异显著。下表同。

表 5 土壤微生物数量与微生物多样性之间相关性

项目	细菌数目 MB	真菌数目 MF	放线菌数目 ME	微生物总数 MT
物种丰富度指数(H)	0.916**	0.801**	0.096	0.619*
均匀度指数(E)	0.814**	0.502*	0.567*	0.217
优势度指数(D_s)	0.168	0.317	0.316	0.034
碳源利用丰富度指数(S)	0.887**	0.712*	0.216	0.403

2.5 土壤微生物群落多样性与土壤养分、微生物数量的典范相关分析

土壤微生物指标一般可被分为 3 组变量。第 1 组变量由土壤养分构成,主要包括全氮、全钾、有机碳、有效氮、全磷、有效钾、有效磷等;第 2 和第 3 组变量由土壤微生物数量组成,主要包括真菌、细菌

和放线菌。挖掘土壤微生物群落多样性、土壤养分、微生物数量的内在联系时,大多采用典范相关分析见表 6。由表 6 可知,土壤微生物数量、土壤养分等都对土壤微生物群落的多样性产生了一定的影响,其中,土壤微生物数量具有显著影响,相关系数绝对值较大。

表 6 土壤微生物群落多样性与土壤养分和微生物数量的典范相关分析

影响因子	典型向量	典型相关系数	特征值	累积贡献率/%	<i>F</i> 值	卡方值
土壤养分	1	0.756	4.695	56.98	123.69	92.16
	2	0.703	3.169	69.74	95.26	69.78
	3	0.656	1.756	82.16	63.18	58.14
	4	0.649	0.569	88.91	37.42	31.02
土壤微生物数量	1	0.801	4.956	57.16	115.45	87.49
	2	0.767	2.022	70.75	91.69	62.15
	3	0.796	1.517	82.91	53.81	53.00
	4	0.810	0.517	88.13	32.78	27.19

对于微生物群落来说,环境因子是重要影响因素,主要表现在分布及特性两方面。水热及地形地貌,都会对微生物的分布和活动情况产生影响,而对微生物群落分布进行对比研究时,一般多采用冗余分析 RDA 的方法进行。土壤中有机的含量一般与周围环境、植被分布、凋落物情况有关。为弄清楚环境因子与微生物活动之间的关系,本文主要采用 RDA 进行探究。其中,响应变量主要是微生物的多样性,解释变量主要包括土壤养分和微生物数量。在研究中,可以将微生物及环境因子的排序呈现在一张图中,箭头象限表示相关性,箭头长度表示相关程度,相关性的强弱由夹角表示;经过试验可知,前两个排序轴的累积解释率为 85.38%,85.38%,第一个因子的解释率为 52.19%,并且统计检验显著($p<0.05$),由此说明环境因子与微生物之间具有明显的制约作用。另外,研究还发现,微生物的多样性除了与土壤 pH 值存在一定关系外,还与土壤养分含量及变化、微生物的数量呈正相关关系,有机碳及全氮作为主要影响因子而影响了微生物的分布;而土壤 pH 值的变化,会使土壤的肥力和活性产生较大影响,呈现负相关情况。

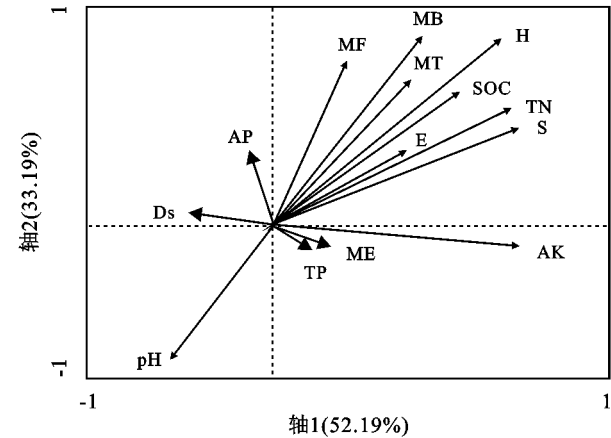


图 1 土壤微生物多样性与土壤养分、微生物数量的 RDA 排序图

3 讨论

土壤养分往往会受到土地利用方式的影响和改

变。在多种类型的土地中,耕地受到的影响最小,其次是果园、灌丛、次生林,撂荒地最易受到影响。不同的土地利用方式虽然会改变土壤养分的构成,但是却不会影响土壤中的全磷含量($p<0.05$),这是因为磷素具有沉积性的特征,不能有效促进微生物分解和变化,缺乏一定的变异空间^[18]。人们发现,由于灌丛、次生林、撂荒地的自然性较强,动植物残体和腐殖化物质更多地进入土壤中,土壤中的生物量和有机物含量丰富,明显多于果园和耕地。而耕地经常被人类开垦,没有较多的落叶和动植物残体等进入土壤中,有机碳含量比较少^[19-20]。另外,耕地种植的植被密度较小,种植年份较短,没有形成像林地那样庞大的地下根系^[21]。在植被丰富的土壤中,植物的根系会释放分泌物,其中含有的高分子黏质有较强的黏着力,牢固粘着土壤颗粒,帮助形成有机碳,从而影响土壤的物理化学性质和微生物含量,间接影响了土壤中的养分。耕地则没有丰富的根系分泌物,导致土壤中的有机碳含量数量有限^[20-21]。

本研究中,土壤微生物以细菌数目最多,占到 90%以上,土壤细菌、真菌、放线菌和微生物总数目大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地。根据培养第 100 小时的 AWCD 值计算土壤微生物群落的物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)、优势度指数(Ds)和碳源利用丰富度指数(S)。结果表明,土壤微生物多样性指数大小依次表现为撂荒地>次生林>灌丛>果园>耕地,不同土地利用均匀度指数(E)、优势度指数(Ds)差异不显著($p>0.05$)。不同的微生物群落,其对碳源的利用能力也会出现较大差异,这主要是其群落分布数量及功能等方面存在较大差异,在微生物研究过程中常常使用丰度及多样性指数开展相应的研究^[22-24]。微生物能够将腐殖质等有机质进行分解及降解,从而使之能够转化为土壤养分以供植物吸收利用,这样形成了土壤肥力和养分;另一方面,微生物活动也需要必要的养分以维持其新陈代谢等活动,该部分养分主要来源于土壤,因此二者

的关系密切^[25-26]。本研究的相关性分析表明土壤养分、土壤微生物数量均与土壤微生物群落多样性具有显著的相关性($p < 0.05$),其中,土壤微生物数量对微生物群落多样性的贡献最大(其相关系数绝对值最大),此外,pH 值与土壤微生物多样性呈显著的负相关,土壤 pH 不断升高的情况下,微生物分布反而减少,说明二者存在显著负相关,这表明微生物不适宜在过高 pH 状态下生长发育;而碳、氮等土壤养分不断增加的情况下,微生物分布种类更多且更均匀,说明二者存在明显的正相关关系,其中有效养分与微生物功能多样性之间在 0.01 检验水平下达到显著正相关;与优势度指数相比而言,丰度、均匀度指数与土壤养分的相关系数更高(表 5),说明土壤养分对丰富度及均匀度产生更大的作用,与此同时,土壤环境因子的复杂性使得微生物分布也具有很大的复杂性。

4 结论

(1) 岷江流域不同土地利用方式下土壤 pH 值大小依次表现为撂荒地 < 次生林 < 灌丛 < 果园 < 耕地,其中耕地和果园差异不显著($p > 0.05$),耕地最高($p < 0.05$);土壤有机碳、全氮、全钾、有效磷和有效钾大小依次表现为撂荒地 > 次生林 > 灌丛 > 果园 > 耕地,土壤有效磷和有效钾差异均显著($p < 0.05$),而不同土地利用土壤全磷差异不显著($p > 0.05$)。

(2) 土壤微生物以细菌数目最多,占到 90% 以上,土壤细菌、真菌、放线菌和微生物总数目大小依次表现为撂荒地 > 次生林 > 灌丛 > 果园 > 耕地。土壤微生物物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)、优势度指数(D_s)和碳源利用丰富度指数(S)大小依次表现为撂荒地 > 次生林 > 灌丛 > 果园 > 耕地,不同土地利用均匀度指数(E)、优势度指数(D_s)差异不显著($p > 0.05$)。

(3) 相关性分析表明土壤养分、土壤微生物数量均与土壤微生物群落多样性具有显著的相关性($p < 0.05$),其中,土壤微生物数量对微生物群落多样性的贡献最大(其相关系数绝对值最大)。冗余分析表明土壤微生物群落多样性与土壤养分含量均呈正相关(除了 pH);有机碳和全氮与丰富度指数相关性最大,由此可知,有机碳和全氮是影响该区土壤微生物群落多样性分布的主要因子。

参考文献:

[1] Prober S M, Leff J W, Bates S T, et al. Plant diversity predicts beta but not alpha diversity of soil microbes across grasslands worldwide[J]. Ecology Letters, 2015, 18(1):85-95.

[2] Zhou J, Deng Y, Shen L, et al. Temperature mediates

continental-scale diversity of microbes in forest soils[J]. Nature Communications, 2016, 7:12083.

[3] Delgado-Baquerizo M, Reich P B, Khachane A N, et al. It is elemental: soil nutrient stoichiometry drives bacterial diversity[J]. Environmental Microbiology, 2017, 19(3):1176-1188.

[4] Lange M, Eisenhauer N, Sierra C A, et al. Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage[J]. Nature Communications, 2015, 6:6707.

[5] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications, 2016, 7:10541.

[6] Baldrian P. Forest microbiome: diversity, complexity and dynamics[J]. Fems Microbiology Reviews, 2017, 41(2):109-130.

[7] Fontaine S, Barot S. Size and functional diversity of microbe populations control plant persistence and long-term soil carbon accumulation[J]. Ecology Letters, 2005, 8(10):1075-1087.

[8] Crawford J W, Deacon L, Grinev D, et al. Microbial diversity affects self-organization of the soil-microbe system with consequences for function[J]. Journal of the Royal Society Interface, 2012, 9(71):1302-1310.

[9] Xie K, Yang S, Xu P, et al. Contamination of Paddy Soil by Endocrine-Disrupting Chemicals Affects Soil Microbe Abundance and Diversity[J]. Journal of Soil Contamination, 2013, 22(5):510-520.

[10] Mg V D H, Bardgett R D, van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. Ecology Letters, 2010, 11(3):296-310.

[11] Schnitzer S A, Klironomos J N, Hillerislambers J, et al. Soil microbes drive the classic plant diversity-productivity pattern[J]. Ecology, 2011, 92(2):296-303.

[12] Crump B C, Amaralzettler L A, Kling G W. Microbial diversity in arctic freshwaters is structured by inoculation of microbes from soils[J]. Isme Journal, 2012, 6(9):1629-1639.

[13] Kuramae E E, Yergeau E, Wong L C, et al. Soil characteristics more strongly influence soil bacterial communities than land-use type[J]. Fems Microbiology Ecology, 2015, 79(1):12-24.

[14] Kang J H, Lee S W, Cho K H, et al. Linking land-use type and stream water quality using spatial data of fecal indicator bacteria and heavy metals in the Yeongsan river basin[J]. Water Research, 2010, 44(14):4143-4157.

[15] Gan H, Liu Y S, Wang D W. Simulation and analysis of the human driving factors of land use type conversion[J]. Resources Science, 2004, 26(2):88-93.

- [18] Ullman S. The interpretation of structure from motion [J]. Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, 1979,203(1153):405-426.
- [19] Carrivick J L, Smith M W, Quincey D J. Structure from Motion in the Geosciences [M]. UK, West Sussex, Chichester:John Wiley & Sons, 2016.
- [20] Eltner A, Kaiser A, Castillo C, et al. Image-based surface reconstruction in geomorphometry-merits, limits and developments [J]. Earth Surface Dynamics, 2016, 4 (2):359-389.
- [21] Glendell M, McShane G, Farrow L, et al. Testing the utility of structure-from-motion photogrammetry reconstructions using small unmanned aerial vehicles and ground photography to estimate the extent of upland soil erosion [J]. Earth Surface Processes and Landforms, 2017,42(12):1860-1871.
- [22] 李俊利,李斌兵,柳方明,等.利用照片重建技术生成坡面侵蚀沟三维模型[J].农业工程学报,2015,31(1):125-132.
- [23] USDA-NRCS. National soil survey handbook, title 430-VI [EB/OL]. https://www.nrcs.usda.gov/wps/portal/nrcs/detail/soils/ref/?cid=nrcs142_p2_054242,2019-3-11.
- [24] Linder W. Digital Photogrammetry: A Practical Course, third edition [M]. Germany, Berlin: Springer, 2006: 15-16.
- [25] Agisoft. Agisoft metashape user manual, standard edition, Version 1.5 [EB/OL]. https://www.agisoft.com/pdf/metashape_1_5_en.Pdf, 2019-2-28.
- [26] Fischler M A, Bolles R C. Random sample consensus: a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography [J]. Communications of the Acm, 1981,24(6):381-395.
- [27] Furukawa Y, Ponce J. Accurate camera calibration from multi-view stereo and bundle adjustment [J]. International Journal of Computer Vision, 2009,84(3):257-268.
- [28] Wenzel K, Rothermel M, Fritsch D, et al. Image acquisition and model selection for multi-view stereo [R]. Isprs-International Archives of the Photogrammetry, 2013.
- [29] James M R, Robson S. Straightforward reconstruction of 3D surfaces and topography with a camera: Accuracy and geoscience application [J]. Journal of Geophysical Research, 2012,117, F03017.
- [30] Harwin S, Lucieer A. Assessing the accuracy of georeferenced point clouds produced via multi-view stereopsis from unmanned aerial vehicle(UAV) imagery [J]. Remote Sensing, 2012,4(6):1573-1599.

~~~~~

(上接第 38 页)

- [16] Man L, Cai Z, Chang S X. Effects of land use type and incubation temperature on greenhouse gas emissions from Chinese and Canadian soils[J]. Journal of Soils & Sediments, 2011,11(1):15-24.
- [17] Man L, Cai Z C, Mary B, et al. Land-use type and temperature affect gross nitrogen transformation rates in Chinese and Canadian soils[J]. Plant & Soil, 2010, 334(1/2):377-389.
- [18] Tonkaz T, Çetin M. Effects of urbanization and land-use type on monthly extreme temperatures in a developing semi-arid region, Turkey[J]. Journal of Arid Environments, 2007,68(1):143-158.
- [19] Hyvönen T, Glemnitz M, Radics L, et al. Impact of climate and land use type on the distribution of Finnish casual arable weeds in Europe [J]. Weed Research, 2011,51(2):201-208.
- [20] 陈翔,沈初见.土壤微生物分解作用的研究[J].生物学通报,2006,41(11):36-37.
- [21] 田兴军,立石贵浩.亚高山针叶林土壤动物和土壤微生物对针叶分解的作用[J].植物生态学报,2002,26(3):257-263.
- [22] 杨钙仁,童成立,张文菊,等.陆地碳循环中的微生物分解作用及其影响因素[J].土壤通报,2005,36(4):605-609.
- [23] 陈法霖,郑华,欧阳志云,等.土壤微生物群落结构对凋落物组成变化的响应[J].土壤学报,2011,48(3):603-611.
- [24] 林开敏,章志琴,邹双全,等.杉木与阔叶树叶凋落物混合分解对土壤性质的影响[J].土壤通报,2006,37(2):258-262.
- [25] PCR-DGGE 技术解析针叶和阔叶凋落物混合分解对土壤微生物群落结构的影响[J].应用与环境生物学报,2011,17(2):145-150.
- [26] 肖波,刘增文,孙强.不同林地凋落叶混合分解对土壤微生物量 C, N 的影响[J].西北林学院学报,2008,23 (4):28-31,34.